

Tarea Filogenia

Bioinformática 2009

1. Dado el grupo de 4 secuencias:

Taxa	Sequence position (sites) and character														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	A	A	G	A	C	G	G	C	A	A	A	C	A	T	C
2	A	G	C	C	T	G	G	C	G	A	G	T	C	T	T
3	C	G	A	T	T	A	C	C	A	C	G	T	C	G	G
4	A	G	A	G	G	A	C	T	G	C	C	T	A	G	G

Aplicar el método de parsimonia para encontrar el árbol que mejor se ajusta a las secuencias. Se debe desarrollar a mano, no usar software filogenético.

2. Buscar un ejemplo de análisis filogenético no visto en clases. Muestre el árbol, de dónde se obtuvo y cómo se construyó. Además explique el ejemplo y conclusiones.