



## CONSTRUÇÃO DE ÁRVORES FILOGENÉTICAS

Rodrigo Mendes

<http://rodrigomendes.tripod.com>

**Word** ter as seqüências em formato FASTA salvos com a extensão \*.txt

**Clustal X** **File; Load Sequences** (abrir o arquivo \*.txt)

**Alignment; Do Complete Alignment**

(gera um arquivo \*.aln no mesmo diretório de origem do arquivo \*.txt)

**BioEdit** **File; Open** (abrir o arquivo \*.aln)

Ajustar as extremidades das seqüências de maneira que todas tenham o mesmo número de bases e estejam completamente alinhadas.

**File; Save as** (extensão \*.aln - substitui o arquivo já existente)

**Clustal X** **File; Load Sequences** (abrir o arquivo \*.aln)

**Trees; Output Format Options** (Bootstrap labels on: **NODE**; **CLOSE**)

**Trees; Bootstrap N-J Tree** (gera um arquivo com a extensão \*.phb)

**TreeView** **File; Open** (abrir o arquivo \*.phb)

**Tree; Show internal edge labels**

**Tree; Define outgroup**

**Tree; Root with outgroup**