

# Phylogenetische Analyse

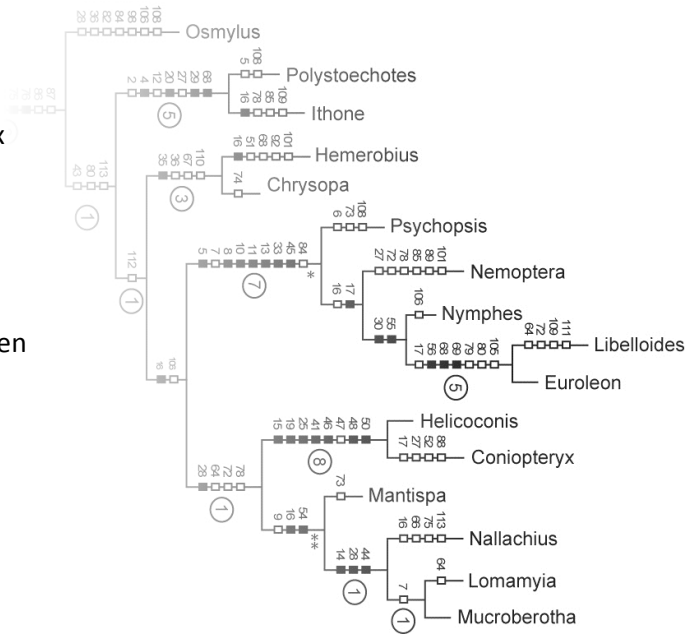
Im Rahmen dieses zweitägigen Workshops werden die Grundlagen phylogenetischer Analyse anhand von theoretischen und praktischen Beispiele vorgestellt.

## Tag 1

- Grundkenntnisse zur phylogenetischen Analyse
- Erstellung einer phylogenetischen Merkmalsmatrix (anhand konkreter Objekte)

## Tag 2

- Phylogenetische Analyse mit TNT (Parsimony): Berechnung von Bäumen und Unterstützungswerten (Bremer Support, Bootstrap, GC value etc.)
- Merkmalsoptimierung und Merkmalsanalyse



## Voraussetzung

Eigener Laptop mit Windows-Betriebssystem

## Vorbereitung

Download TNT <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/TNT/> -> WIN (menu interface)

Download WinClada [http://www.cladistics.com/about\\_winc.htm](http://www.cladistics.com/about_winc.htm)

Download Mesquite <http://mesquiteproject.org/mesquite/download/download.html>

Optional: Download TreeGraph2 <http://treegraph.bioinfweb.info/Download>

Optional: Publikation „TNT, a free program for phylogenetic analysis“ (Goloboff, Farris & Nixon, 2008: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1096-0031.2008.00217.x/pdf>)

**22.-23. Oktober 2014, 10 Uhr c.t.**

Ort: Naturhistorisches Museum Wien

Kurssaal; Eingang: Burgring 7

Kursgebühr: Nicht-Mitglieder 50 € / NOBISTen 30 €

**[www.nobis-austria.at](http://www.nobis-austria.at)**

Beschränkte Teilnehmerzahl; Anmeldung bis **5. Oktober** an:

*dominique.zimmermann@nhm-wien.ac.at*

Andreas Kroh & Dominique Zimmermann