

[Informace ve studijní informačním systému STAG](#)

Garant kurzu:

- prof. RNDr. Václav Hypša, CSc.

Vyučující kurzu:

- prof. RNDr. Václav Hypša, CSc.

Sylabus:

Obsah přednášek:

Specifika molekulárně biologických dat, jejich výhody a nevýhody. Získávání molekulárně biologických dat pro účely systematiky (sekvenování, RFLP, RAPD, AFLP, alozymy, mikrosatelity, SSCP, reasociační analýza, imunologické metody, proteinový fingerprinting). Zpracovávání získaných dat - fenetické a kladistické přístupy, distanční a znaková data, metody výpočtu distancí na základě různých typů znakových dat, konstrukce dendrogramů, UPGMA, NJ, ML, ME, porovnávání dvou dendrogramů, testování spolehlivosti jednotlivých větví dendrogramů (jackknifing, OUT-jakknifing, bootstrapping). Biologická interpretace výsledků. Získávání programů pro molekulární fylogenetiku.

Obsah cvičení:

Procvičování probrané látky na počítačích

Doporučená literatura:

- D. Graur, W. H. Li Fundamentals of Molecular Evolution. Sunderland Massachusetts, 1999.

- D. M. Hillis, C. Moritz and B. K. Mable Molecular Systematics. Sinauer Associates, Inc., Sunderland Massachusetts, 1996.

- Další materiály (včetně obrázků) jsou také na adrese <http://www.natur.cuni.cz/flegr/> .

- J. C. Avise Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman & Hall, New York, 1993.

- W. H. Li Molecular Evolution. Sinauer Associates, Inc., Sunderland Massachusetts, 1997.