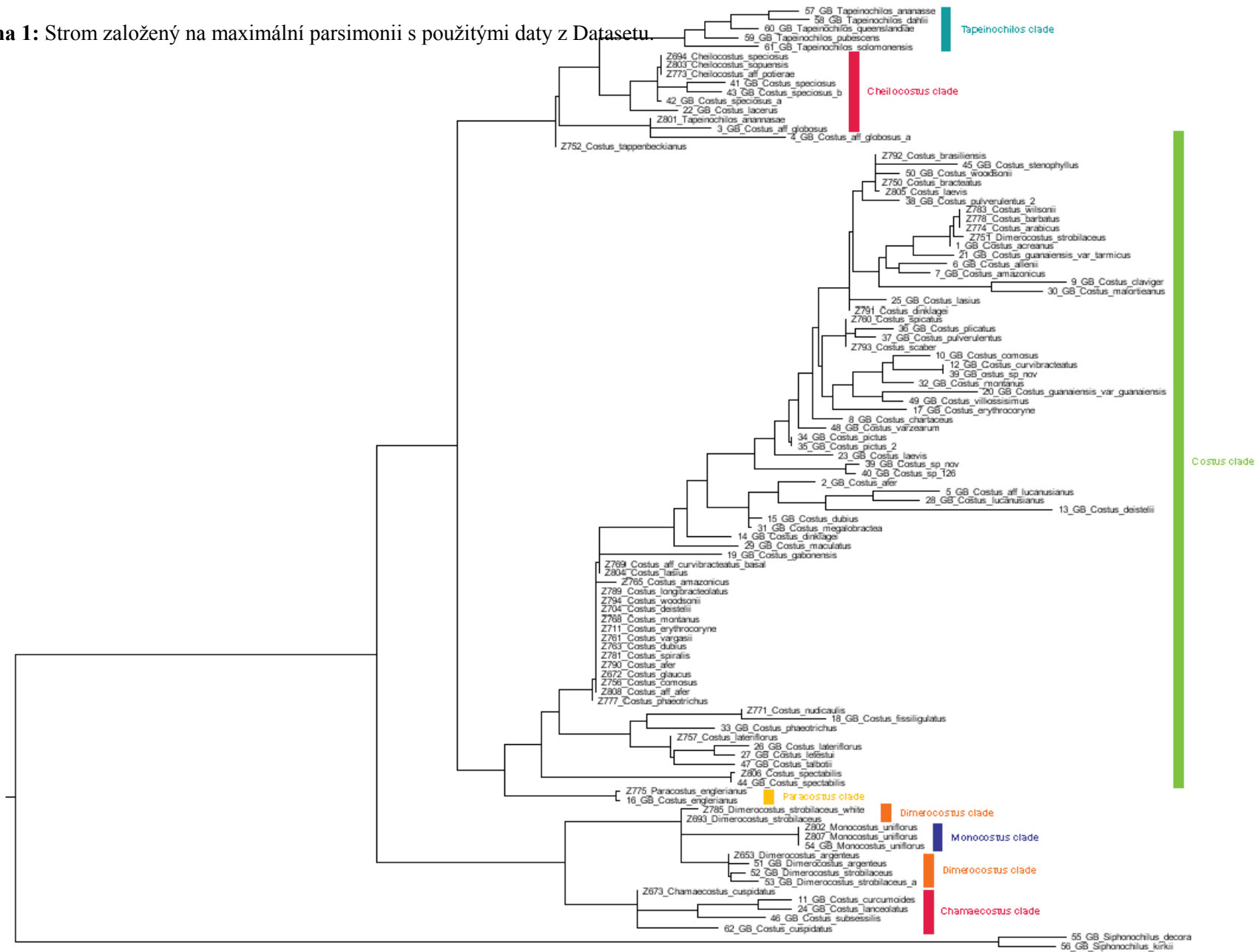


PŘÍLOHY

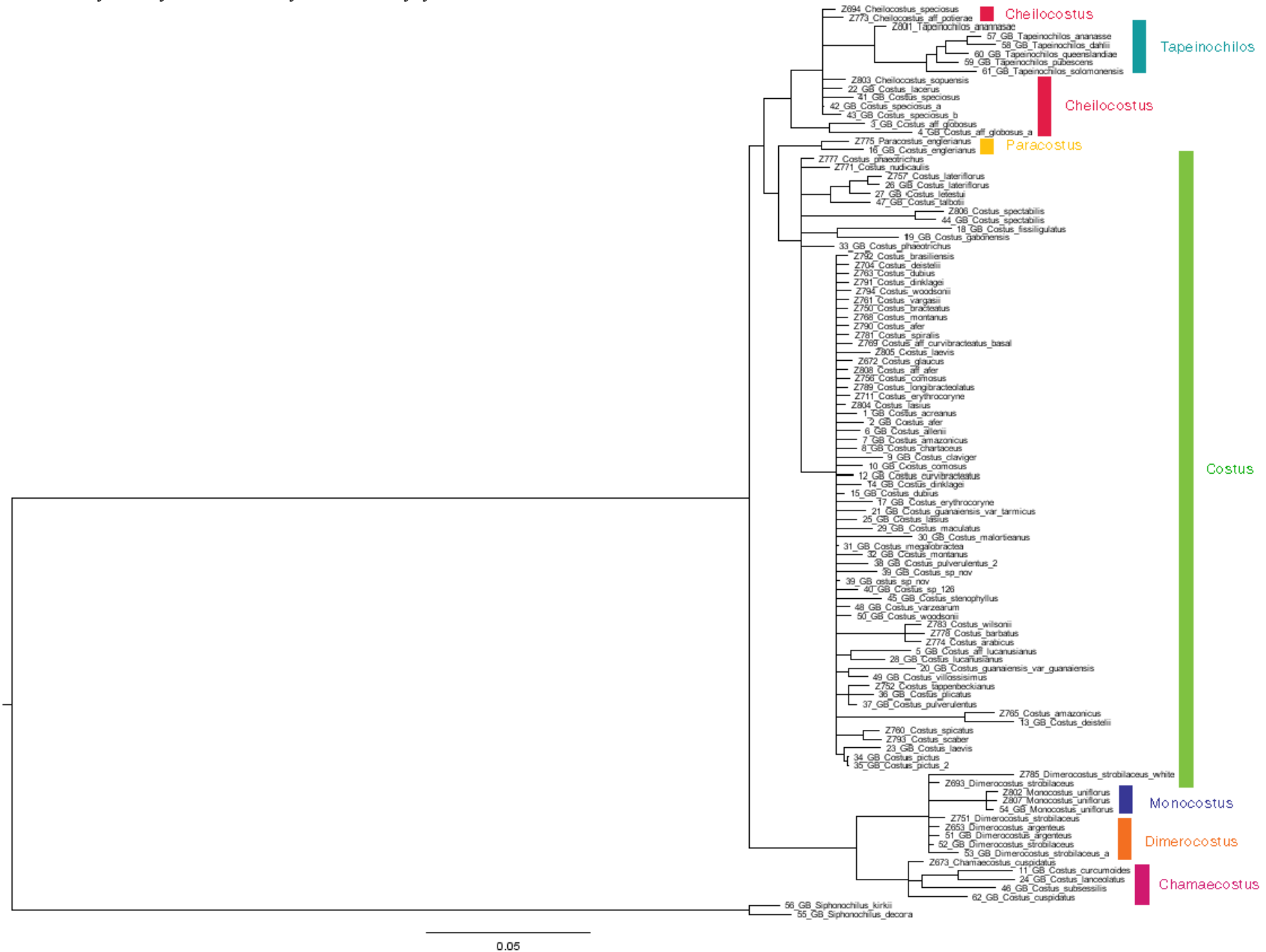
Příloha 1: Strom založený na maximální parsimonii s použitými daty z Datasetu.



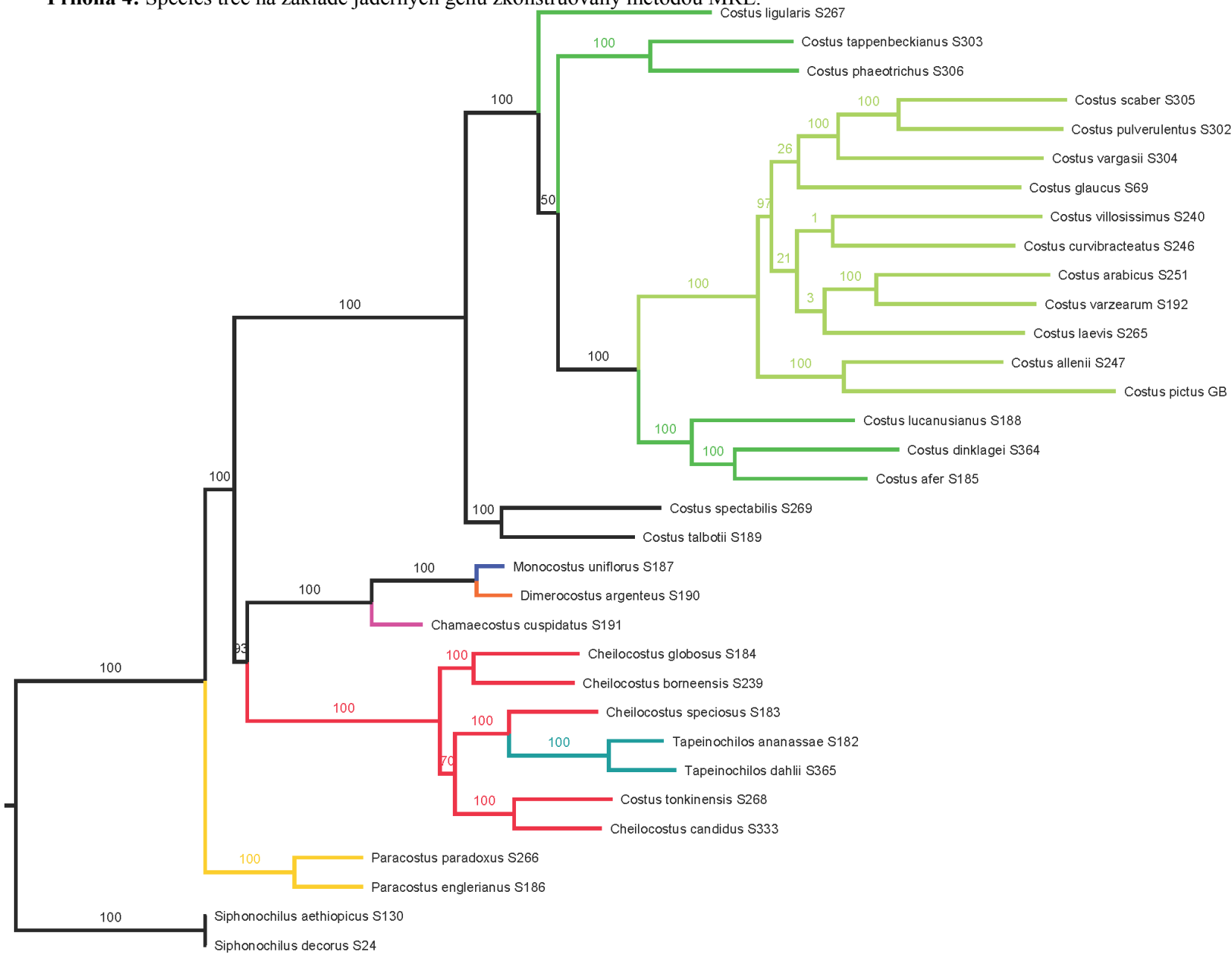
Příloha 2: Strom založený na maximum likelihood s použitými daty z Datasetu.



Příloha 3: Strom vytvořený na základě Bayesovské analýzy.

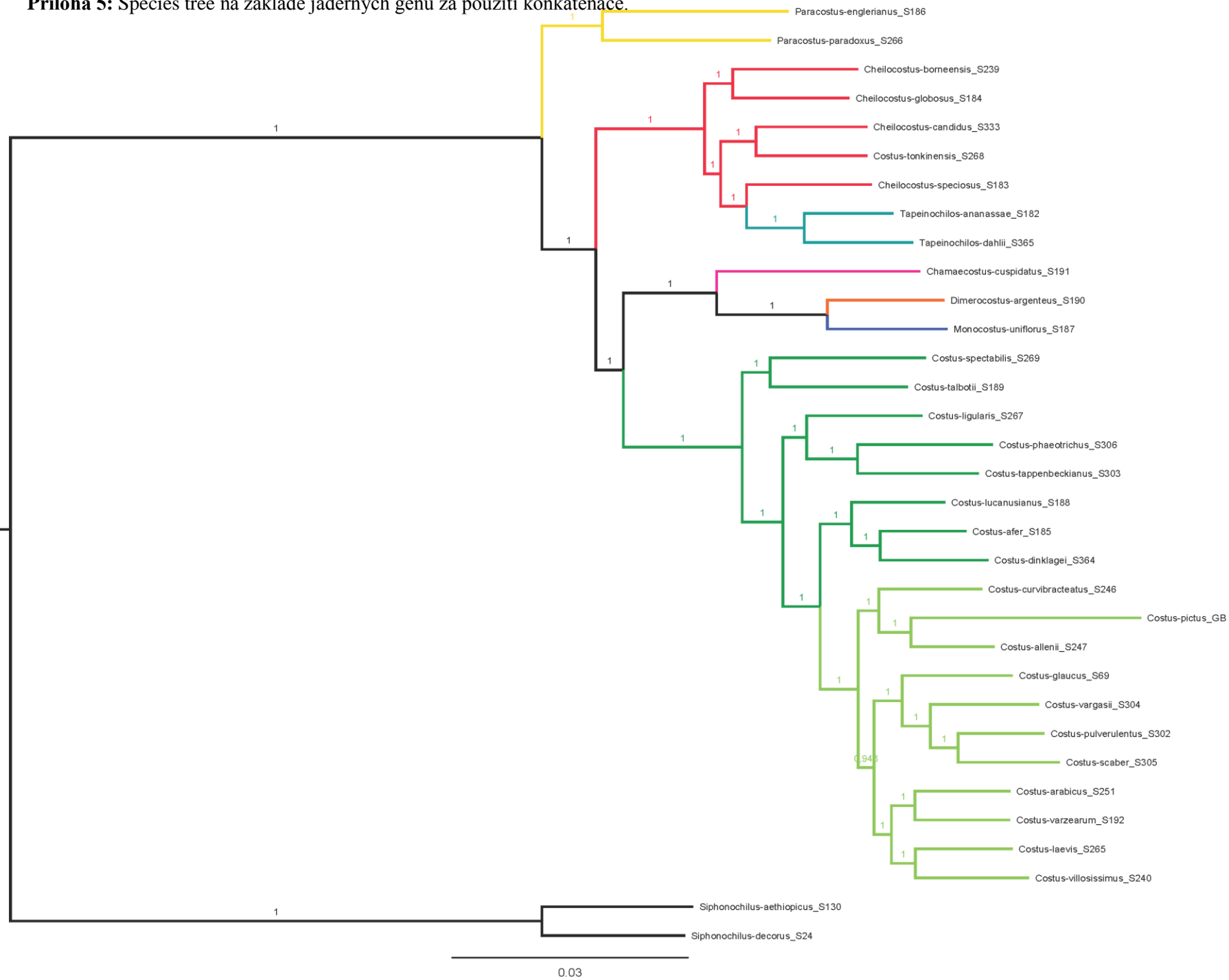


Příloha 4: Species tree na základě jaderných genů zkonstruovaný metodou MRL.

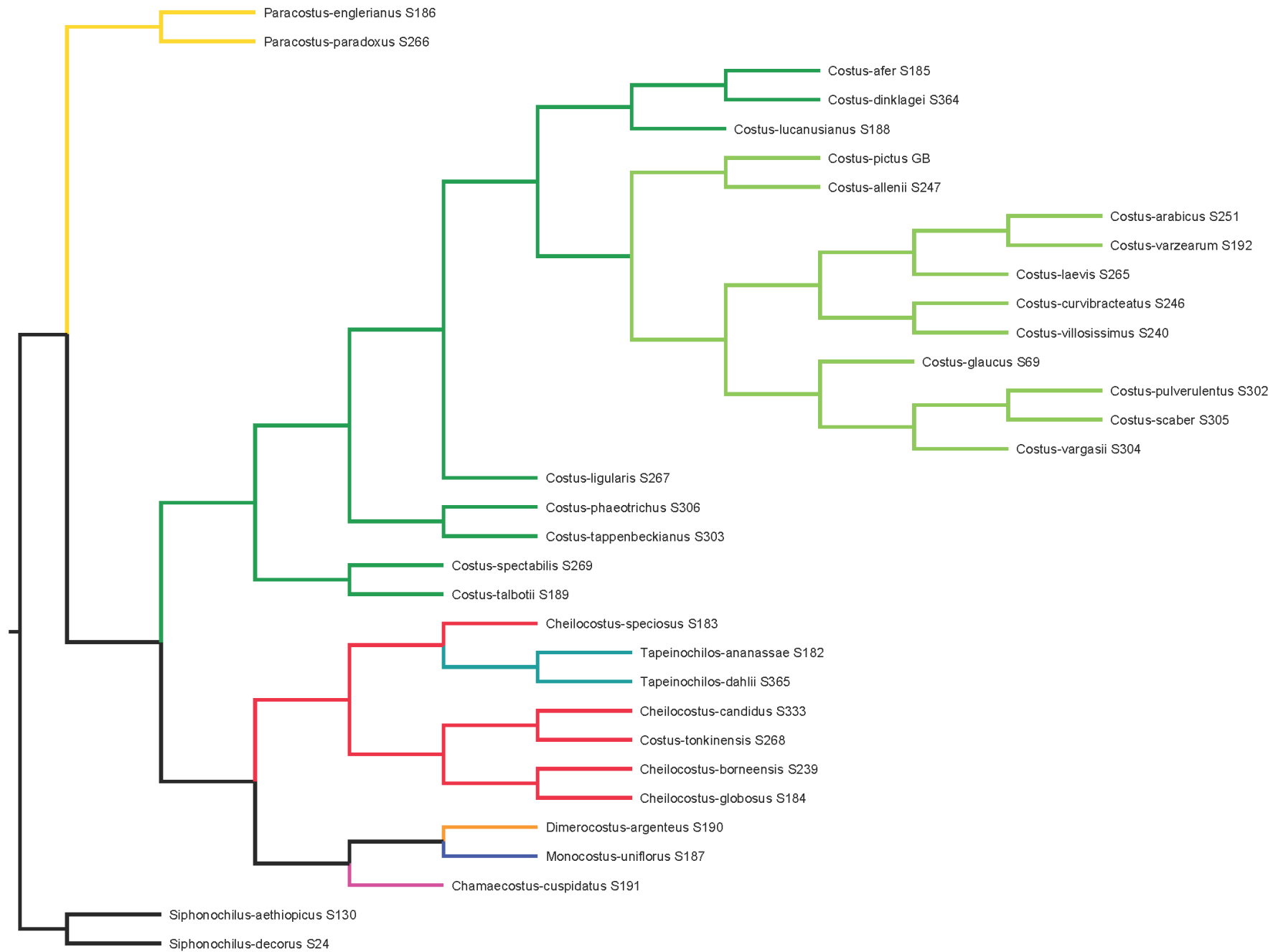


0.06

Příloha 5: Species tree na základě jaderných genů za použití konkaténace.

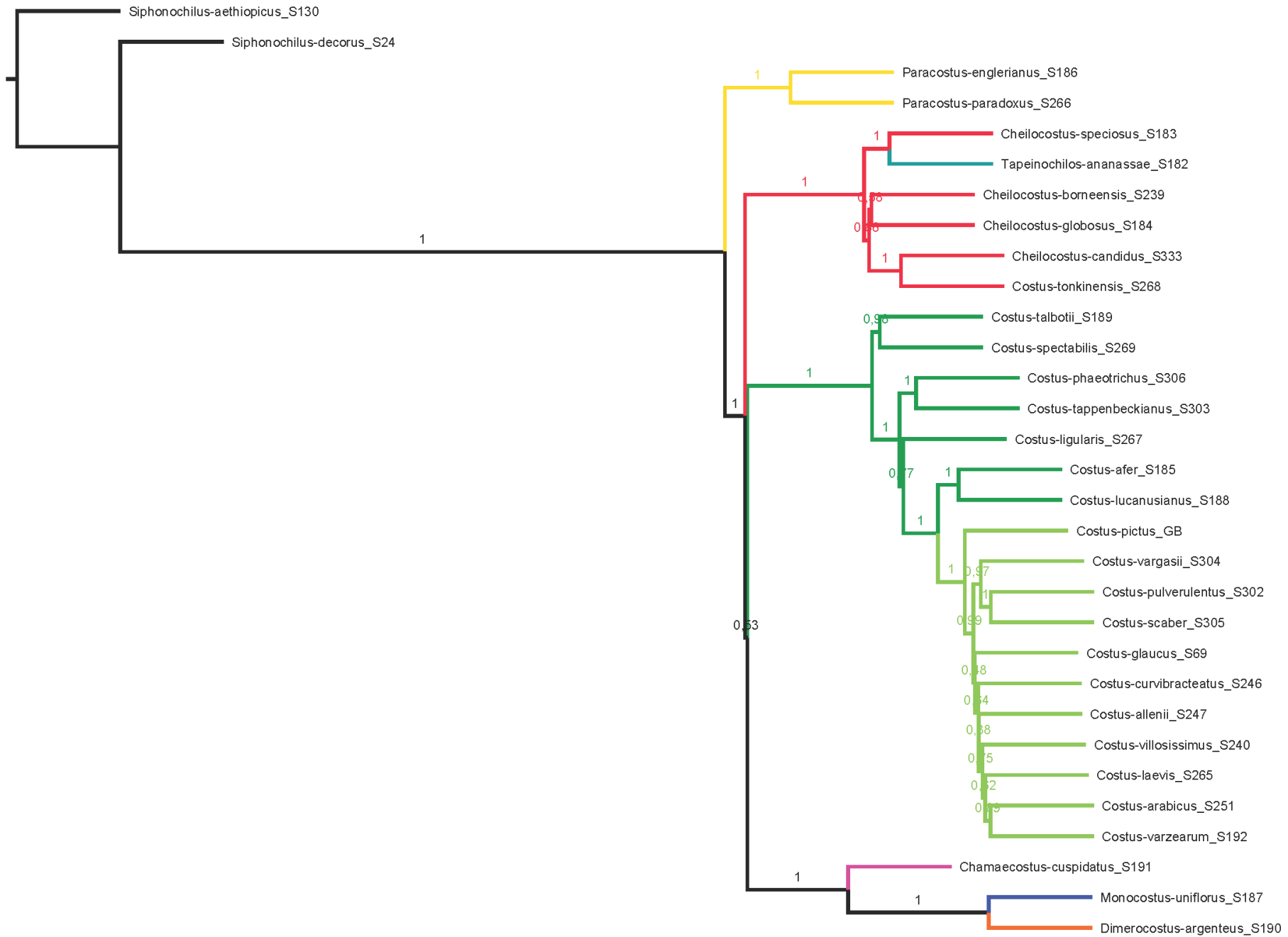


Příloha 6: Species tree na základě jaderných genů zkonstruován metodou ASTRID.



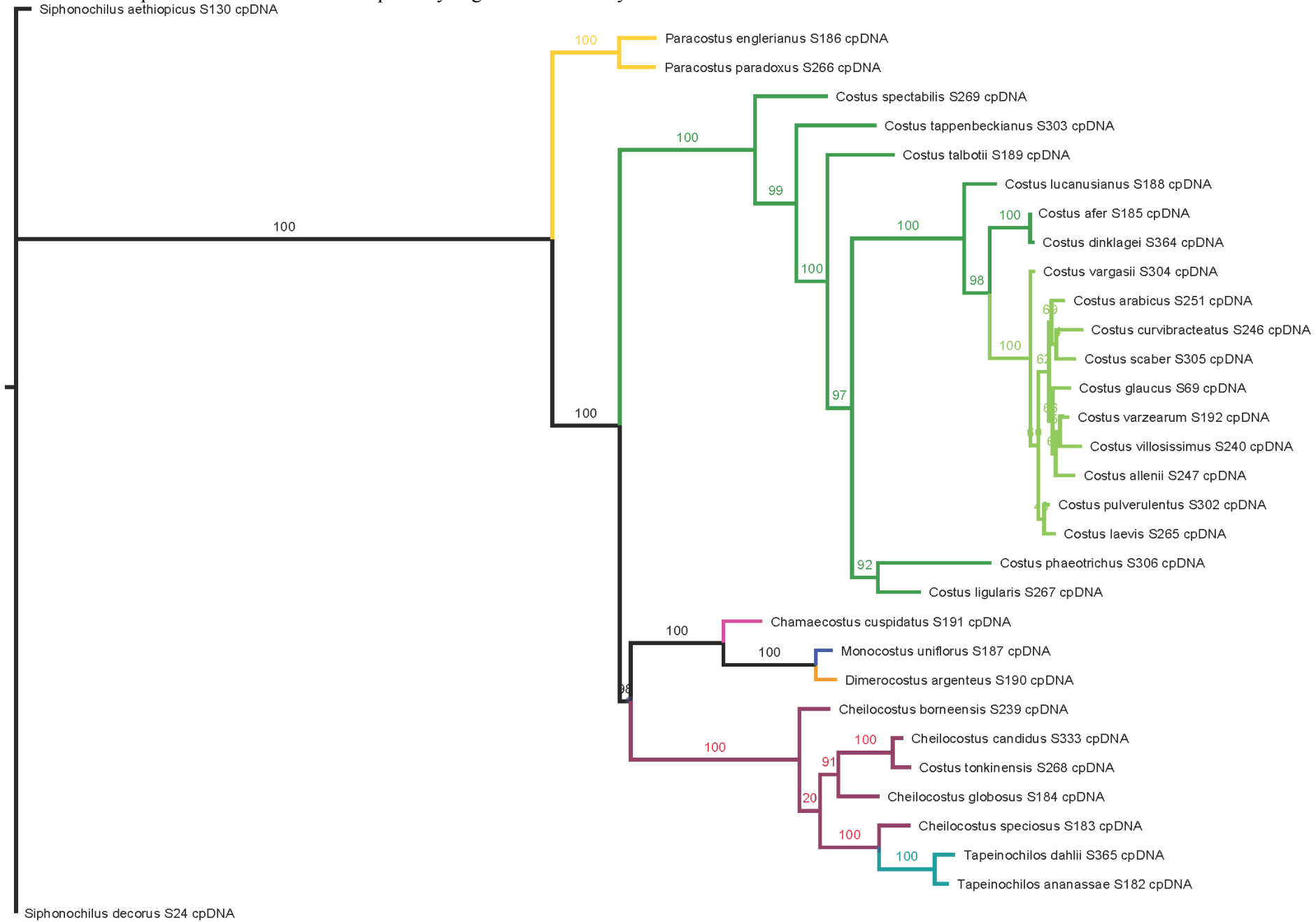
2.0

Příloha 7: Species tree na základě jaderných genů zkonstruovaný metodou ASTRAL.



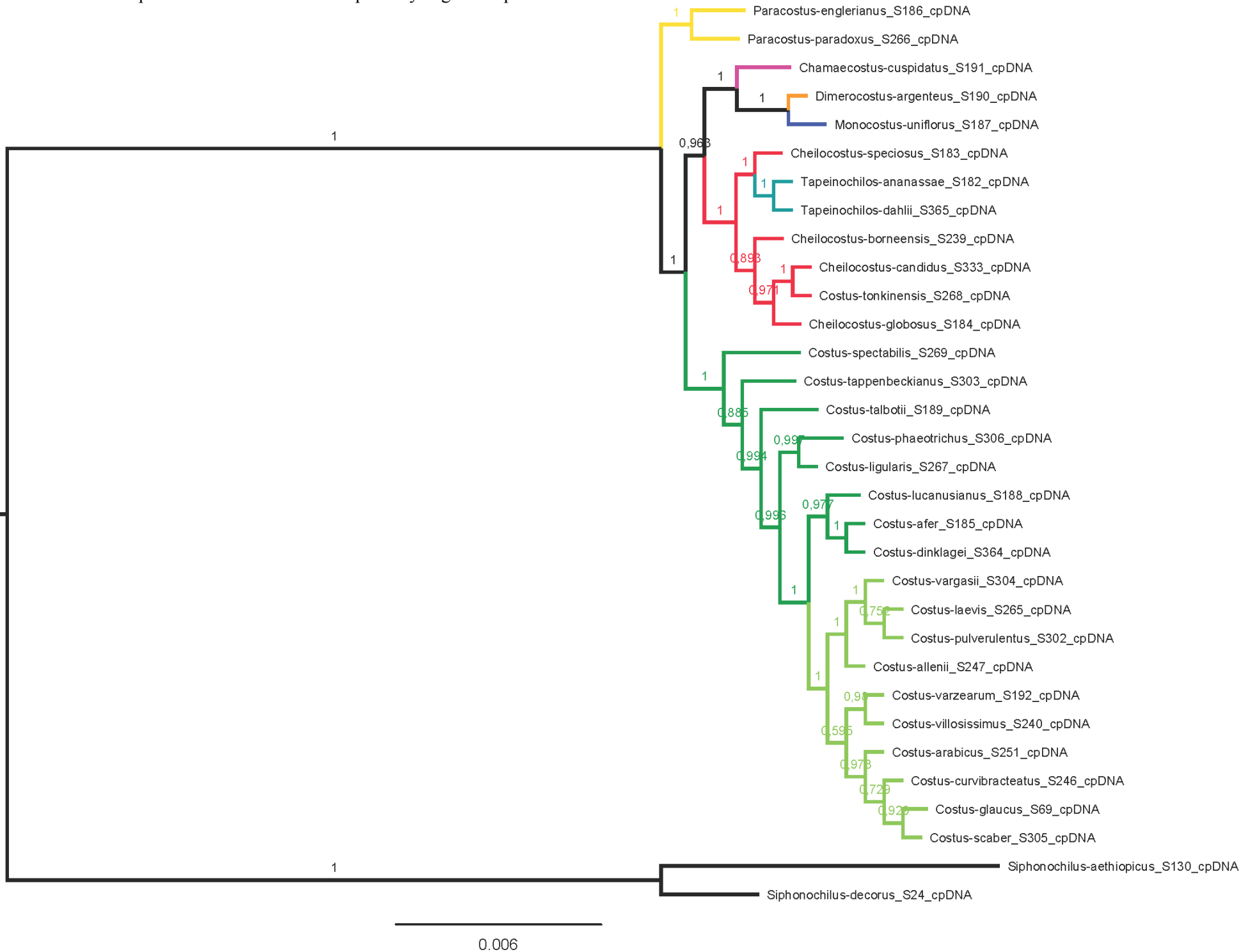
2.0

Příloha 8: Species tree na základě chloroplastových genů zkonstruovaný metodou MRL.

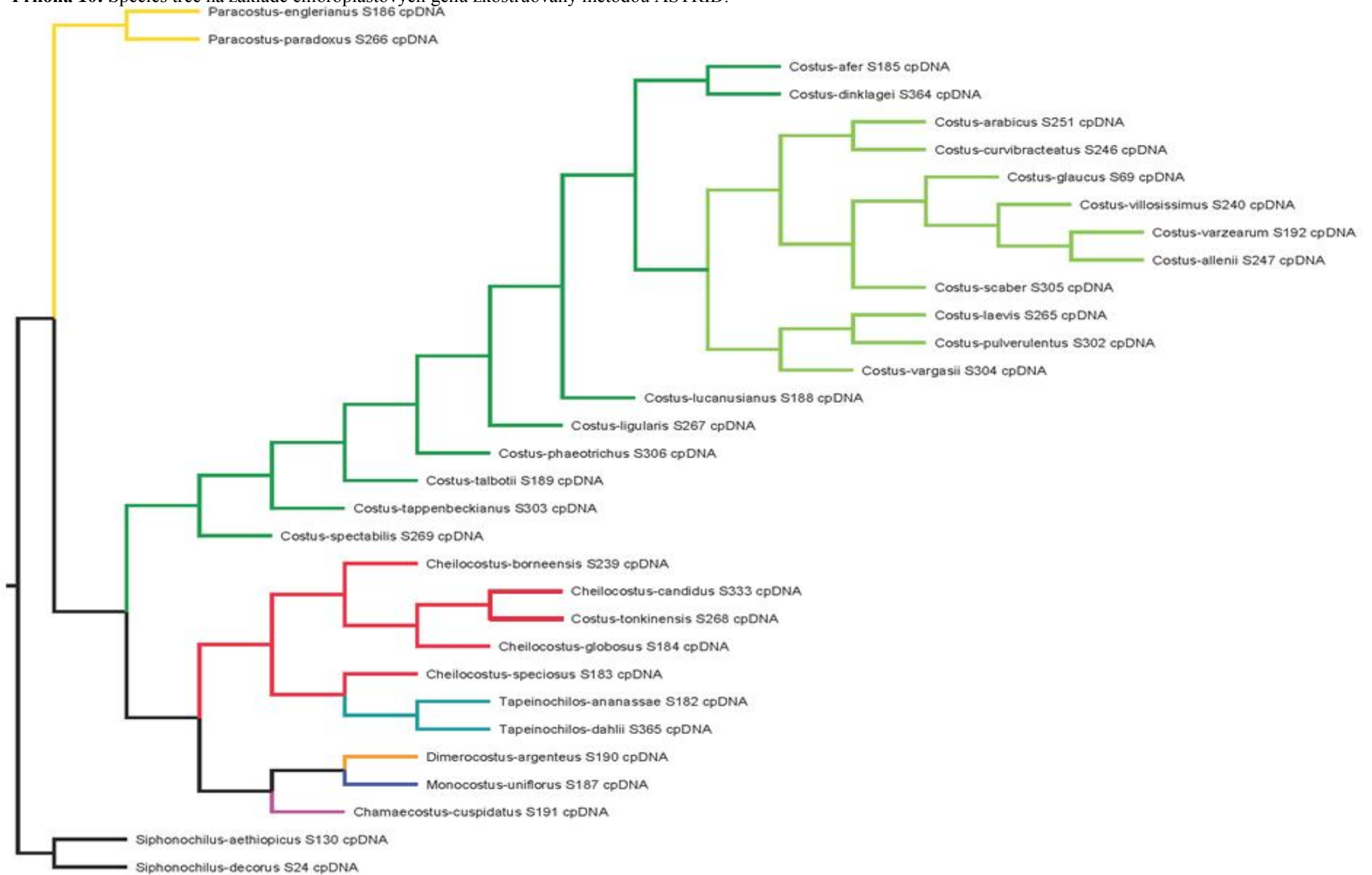


0.09

Příloha 9: Species tree na základě chloroplastových genů za použití konkaténace.

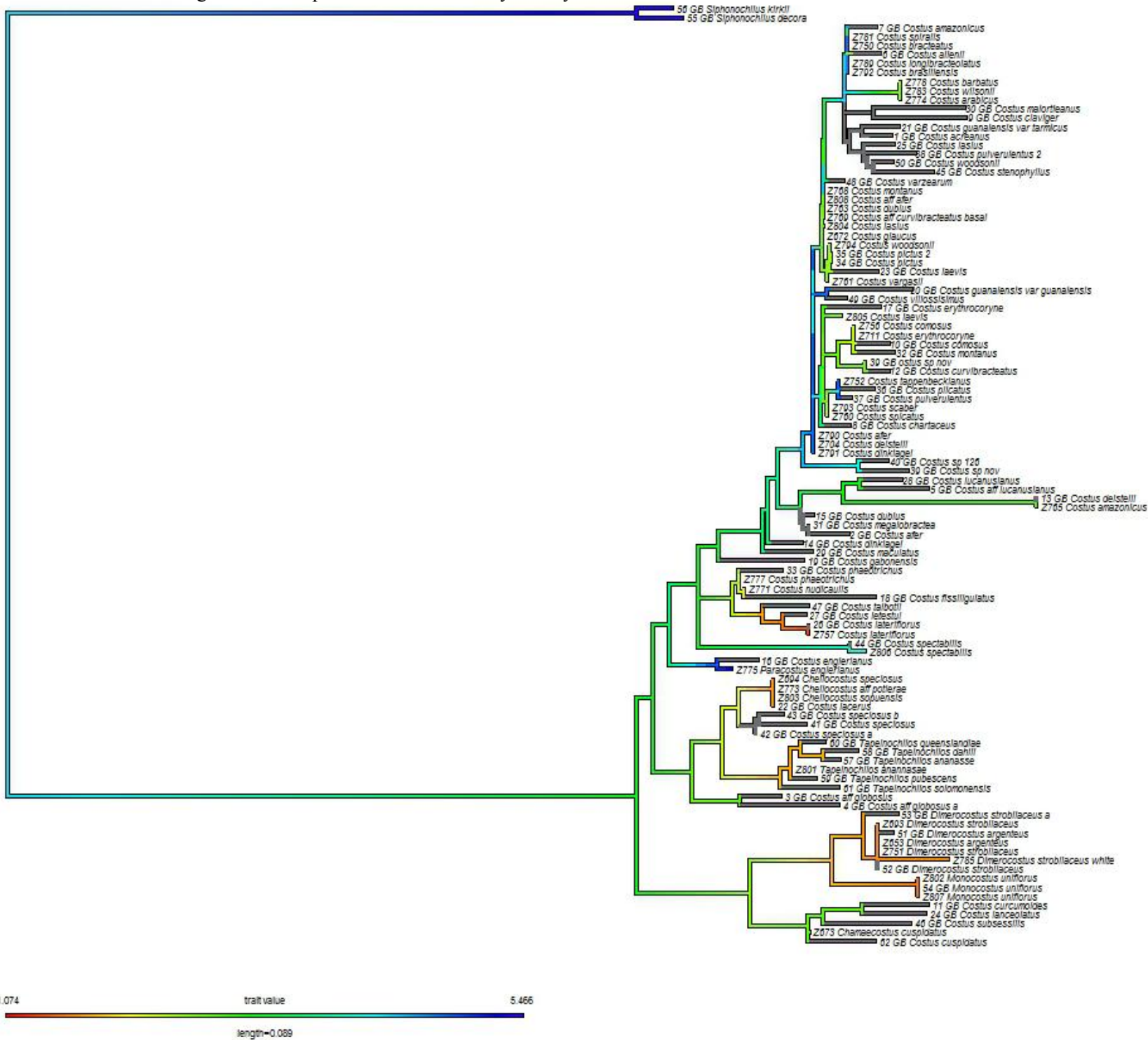


Příloha 10: Species tree na základě chloroplastových genů zkonstruovaný metodou ASTRID.

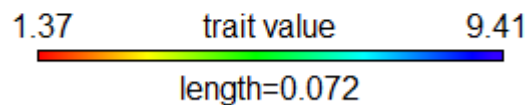
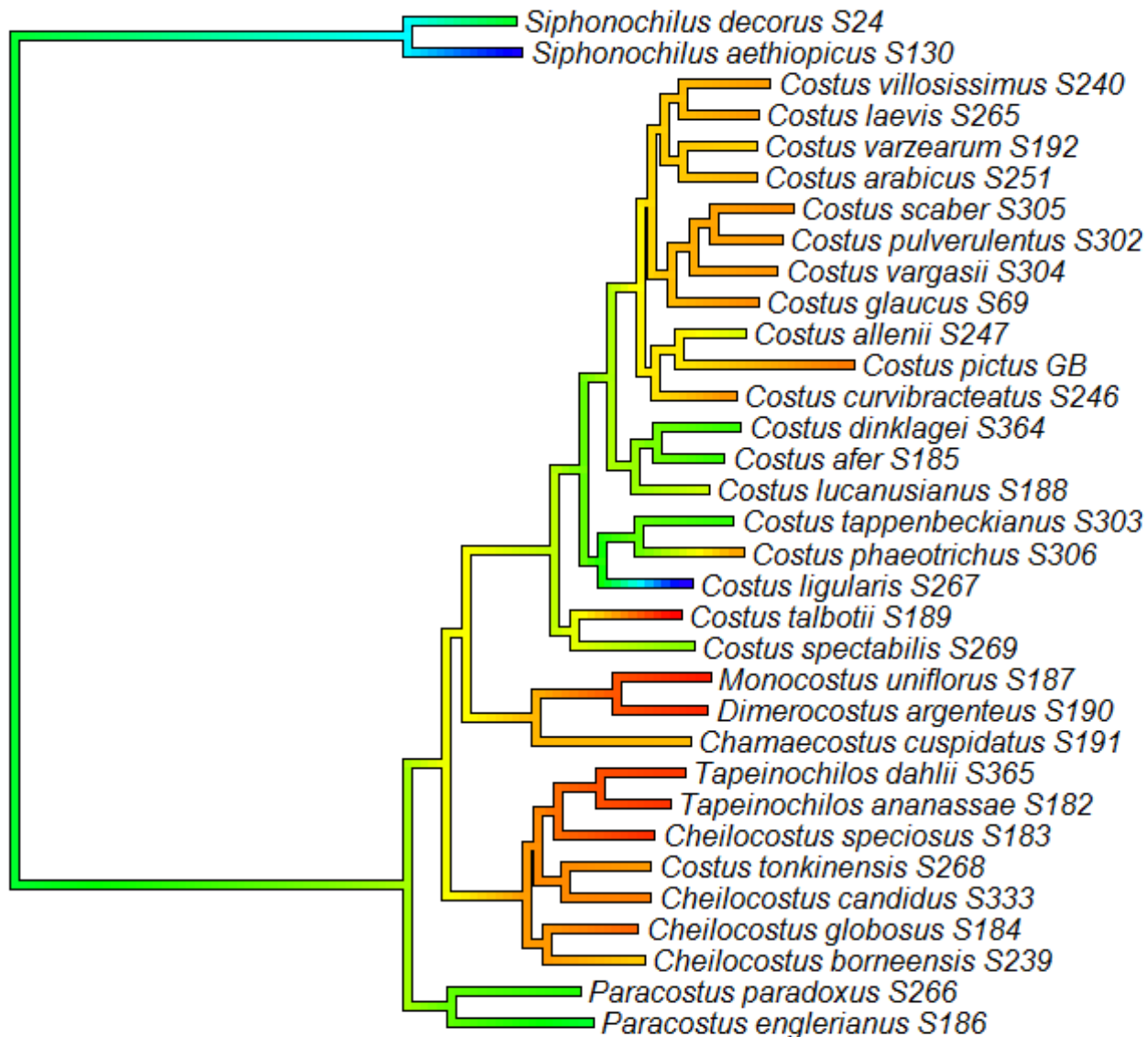


2.0

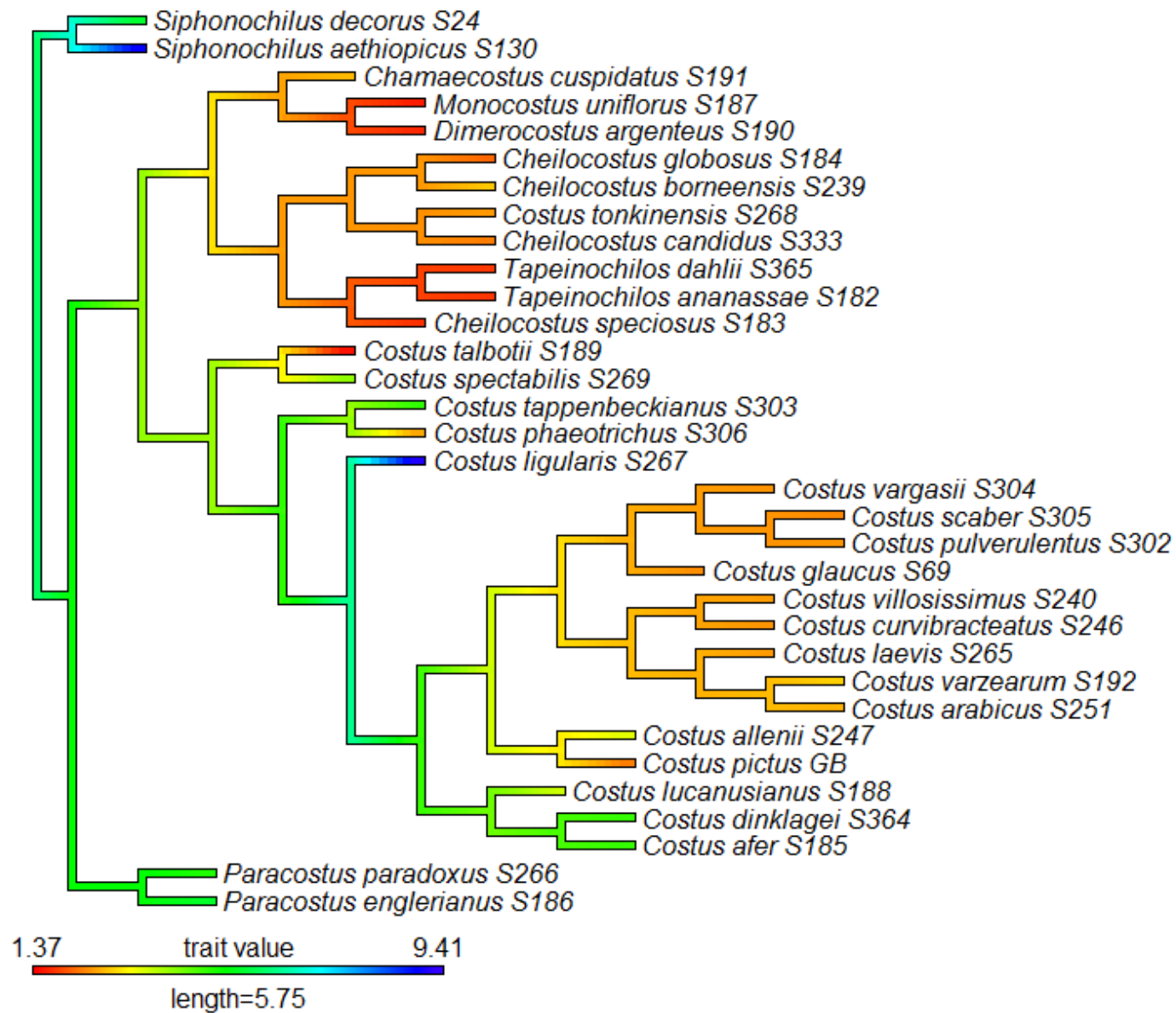
Příloha 12: Velikosti genomu namapované na ML strom vytvořený z Datasetu.



Příloha 13: Species tree konkatovaný (FastTree) s namapovanými velikostmi genomu.



Příloha 14: Species tree odhadnutý metodou ASTRID s namapovanými velikostmi genomu.



Příloha 15: Species tree odhadnutý metodou ASTRID s vypočtenými ancestrálními velikostmi pro jednotlivé nody.

