



### Exercício 7

Instale o programa Mega (versão 6 para Windows) em seu computador (<http://www.megasoftware.net>), fazendo o registro em seu nome com seu email (se já não estiver instalado).

- 1.- Carregar o arquivo de sequências já alinhadas de RNA e de ND2 de genomas mitocondriais de mamíferos.
- 2.- Escolher algumas sequências (máximo de 15).
- 3.- Utilizando o programa MEGA, procurar a árvore de máxima parcimônia com o algoritmo exato de busca "Max-min branch & bound". Gravar a árvore obtida. Guardar o número total de passos.
- 4.- Repetir a análise, com as mesmas sequências, utilizando um método heurístico, mudando os parâmetros da busca. Anotar os parâmetros empregados.
5. Responder:
  - a) Houve diferenças entre o método exato e o método heurístico na escolha da topologia e no número de passos, com o método de máxima parcimônia?
  - b) Foi necessário mudar os parâmetros da análise heurística para chegar na árvore mais parcimoniosa obtida pelo método exato com as sequências escolhidas no item 2?
- 6.- Repetir a análise, com todas as sequências, utilizando distância (Neighbor joining) e também com máxima verossimilhança. Compare os resultados e envie a comparação.
- 7.- Classifique a dificuldade desse exercício:
  - A) Fácil demais, fiz durante a aula e sobrou tempo;
  - B) Adequado, fiz dentro do tempo programado;
  - C) Um pouco puxado, tive que deixar uma parte para fazer em casa;
  - D) Puxadíssimo, fiquei vários dias debruçado sobre um computador.

Envie as respostas desse exercício para o email [diegotsouza@hotmail.com](mailto:diegotsouza@hotmail.com) com cópia para [srmatiol@ib.usp.br](mailto:srmatiol@ib.usp.br), com assunto da mensagem [BIO-0456] Exercício 7 NÃO ESQUEÇA DE IDENTIFICAR-SE.