



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 ítem 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 srmatiol@ib.usp.br, com assunto da mensagem [BIO-0456] Exercício 7 NÃO ESQUEÇA DE IDENTIFICAR-SE.