



BIO-0456  
Introdução à Bioinformática

Prof. Sergio Russo Matioli



### Exercício 8

O consenso entre árvores filogenéticas é uma das formas de acomodar as informações de árvores diferentes em um único diagrama.

Crie, na representação de Newick (com uso de parênteses), 5 conjuntos de 7 árvores distintas com 8 terminais, com nomes de sua escolha, com um editor de texto qualquer.

Baixe e instale o pacote phylip (<http://evolution.gs.washington.edu/phylip.html>) para fazer a questão 1.

1.- Produza a árvore de consenso estrito (*strict*) e de maioria (*Majority rule*) para cada conjunto. Compare as árvores resultantes e descreva, em linhas gerais, quais são as particularidades (tendências) de cada um dos métodos.

2. (opcional). Encontre, baixe e instale um programa de visualização de árvores (ex: figtree) para examinar as árvores produzidas.

3.- 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 [srmatioli@ib.usp.br](mailto:srmatioli@ib.usp.br), com assunto da mensagem [BIO-0456] Exercício 6. NÃO ESQUEÇA DE IDENTIFICAR-SE.