

Arquivo de ajuda – Atividade 1: O quadro abaixo mostra uma parte do arquivo de resultados de uma análise pairwise (comparando um par de sequências) no codeml. Os valores destacados são as informações mais relevantes que você vai precisar para completar a atividade 1. Note que, quando você for abrir o arquivo de resultados do codeml, essas linhas estarão quase no final do arquivo.

```
.  
. .  
. .  
pairwise comparison, codon frequencies: Fcodon.  
  
2 (gamma_Hylobates) ... 1 (gamma_Pan)  
lnL = -577.589818  
0.09465 3.40521  
  
t= 0.0947 S= 106.3 N= 325.7 dN/dS= 0.0050 dN= 0.0006 dS= 0.1263
```

Esta linha descreve uma comparação pairwise que foi feita entre duas sequências, identificadas como "gamma_Hylobates" e "gamma_Pan". Os números 1 e 2 indicam a ordem dessas sequências no arquivo seqfile.

Nesta linha você encontra o **valor de log likelihood (lnL)** para o par de sequências analisado.

Este valor é a estimativa de divergência entre as sequências, via maximum likelihood (**t**)

Este valor é a estimativa do parâmetro **κ** via maximum likelihood

Este é o valor de **ω** , que neste caso foi fixado em 0.005