

# Table of Contents

Converter o Formato de Arquivos .....	1
Software .....	1
Recursos .....	1



# Máxima Verosimilhança

1. [Seleção de modelo](#) - PASSO 01
2. [Análise de ML usando PhyML](#) - PASSO 02
3. [Análise de ML usando Paup](#) - outra opção para passo 02, apenas se quiser experimentar outro software.

## Converter o Formato de Arquivos

Pode usar um software no seu computador para fazer isso ou fazer isso no link abaixo.

- [file\\_format.pdf](#) - Explicação do formato de arquivos para dados moleculares
- <http://genome.ncbi.nlm.nih.gov/tools/reformat.html> - Link para conversão entre formatos de arquivos para análises filogenéticas. Os formatos mais importantes que você deve conhecer são: FASTA, NEXUS, Philip. Converta o seu arquivo FASTA para esses outros dois formatos e veja a diferença entre eles.
- [its.nex](#) - Exemplo de um arquivo NEXUS

## Software

- [Aliview](#) - software multiplataforma para alinhamentos e conversão de formatos de arquivos para análises filogenéticas.
- <http://beast.bio.ed.ac.uk/downloads> - BEAST
- <http://tree.bio.ed.ac.uk/> - FigTree

## Recursos

- [Wikipedia sobre nucleotídeo](#)

From:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/> - **Ecologia e Evolução de Plantas Amazônicas**

Permanent link:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/doku.php?id=cursos:bot99:aulas:praticas:ml>

Last update: **26/15/2020 09:15**