

Métodos de distância

1) Usando um **modelo de evolução**, calcular o número de substituições (distância) para todos os pares de sequências em um **alinhamento**

A GTCGTA ACTACTGAGC
B GTCATAGCTACTGATC
C GCGGTAGCTACTGCTC
D ACGACACCTACTGCTC
E ACGGAACCTACGGATA



JC	A	B	C	D
A				
B	0.2158			
C	0.4043	0.3041		
D	0.8240	0.5199	0.3041	
E	0.8240	0.8240	0.5199	0.4042

Alinhamento

Matriz de distâncias evolutivas

2) As OTUs mais próximas (menor distância) são agrupadas e a **distância para as outras OTUs é recalculada**

3) O processo é repetido até que todas as sequências tenham sido agrupadas



Bibliografia

“Nada em Biologia faz sentido, exceto sob a luz da Evolução”
Theodosius Dobzansky, 1973

“Because we are on the cusp of so much new research and innovative insights, it is hard to estimate how much impact evolutionary thinking will have on medicine, but it is already clear that its potential is enormous.”
Stephen C. Stearns, 2012

- Stearns, S.C. (2012) Evolutionary medicine: its scope, interest and potential. *Proc. Biol. Sci.*, 279, 4305–21.
- Vandamme et al. (2009) *The phylogenetic handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*
- Mount, David M. (2004) *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*
- Kumar, S and Nei, M. (2000) *Molecular Evolution and Phylogenetics*