

Configuração do arquivo controle `codeml.ctl` para a **Atividade 3: Testando hipóteses sobre a variação da pressão seletiva ao longo do tempo evolutivo**

```
seqfile = seqfile.txt      * sequence data filename
treefile = treeH0.txt    * tree structure file name      [change this]
outfile = results.txt      * main result file name
```

Mude o valor da opção `treefile =` para modificar a árvore que será lida pelo CODEML.

```
noisy = 9      * 0,1,2,3,9: how much rubbish on
verbose = 1    * 1:detailed output
runmode = 0    * 0:user defined tree
```

```
seqtype = 1    * 1:codons
CodonFreq = 2  * 0:equal, 1:F1X4, 2:F3X4, 3:F61
```

```
model = 0     * 0:one omega ratio for all branches [change this]
               * 1:separate omega for each branch
               * 2:user specified dN/dS ratios for branches
```

```
NSsites = 0    * one omega for all sites in the gene
```

```
icode = 0      * 0:universal code
```

```
fix_kappa = 0  * 1:kappa fixed, 0:kappa to be estimated
kappa = 2      * initial or fixed kappa
```

```
fix_omega = 0  * 1:omega fixed, 0:omega to be estimated
omega = 0.2    * initial omega
```

Coloque `model = 0` para estimar um único ω para todos os ramos em uma árvore.

Coloque `model = 2` para estimar ω diferentes de acordo com os ramos marcados na árvore.

```
* ACTIVITY 3 Notes:
* H0: model = 0 and treefile = treeH0.txt
* H1: model = 2 and treefile = treeH1.txt
* H2: model = 2 and treefile = treeH2.txt
* H3: model = 2 and treefile = treeH3.txt
```

Estes comentários são uma lista de todas as configurações que devem ser avaliadas para completar a Atividade 3.

Estes arquivos de árvores estão disponíveis online e contêm uma representação em texto simples da árvore de gene para as proteínas PR.

Os arquivos diferem em como as **marcações de ramos** são usadas para especificar os parâmetros ω para diferentes conjuntos de ramos. Veja a figura 5 no tutorial para mais detalhes.