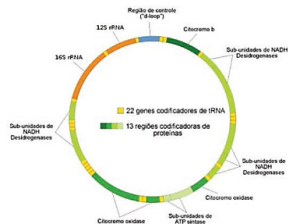


Análise de *codon usage bias* mitocondrial

Codon usage bias

- Código genético - Degenerado
- Múltiplos códons - Um mesmo aa
- Preferência por códons específicos
 - Viés de uso de codon (*codon usage bias*)
 - Comum no genoma mitocondrial
- Possível explicação
 - Maximizar a transcrição de seus genes (e.g. mais A-T)



- Clado escolhido: Primates
 - Dados baixados pelo Portal RefSeq de organelas do NCBI
 - 50 mitogenomas escolhidos aleatoriamente para a análise
- Análise dos códons que codificam para o aminoácido X

Tabela

- Primeiras 6 linhas:

```
##               Species Translation Table Aminoacid Codon Anticodon
## 1 Allenopithecus_nigroviridis          2      Phe   TTT    <NA>
## 2 Allenopithecus_nigroviridis          2      Phe   TTC     GAA
## 3 Allenopithecus_nigroviridis          2      Leu   TTA     TAA
## 4 Allenopithecus_nigroviridis          2      Leu   TTG    <NA>
## 5 Allenopithecus_nigroviridis          2      Leu   CTT    <NA>
## 6 Allenopithecus_nigroviridis          2      Leu   CTC    <NA>
##   Number of Codon Occurences /1000 Fraction
## 1                99 25.98      0.45
## 2               120 31.50      0.55
## 3               102 26.77      0.16
## 4                17  4.46      0.03
## 5                97 25.46      0.15
## 6               103 27.03      0.16
```

- Dimensões da tabela:

```
## [1] 12736      8
```

- Número de espécies

```
## [1] 199
```

Resultado “real”

O que gerou o resultado significativo?

O que gerou o resultado significativo?

A amostragem

[1] 2

- Teste