

# Trabalho 2: Filogenia

Leonardo Azzi Martins

## Questão 2

A seguir é apresentada a matriz de distância de 8 espécies. Implemente o algoritmo UPMGA para realizar a construção da árvore filogenética das seguintes espécies: A, B, C, D, E, F, G, H

Entrada do algoritmo: matriz de distâncias

Saída: a árvore filogenética

Informações Importantes:

- a) O código fonte deve ser entregue.
- b) Entregar em PDF a descrição do algoritmo implementado. Sugestão: preparar a descrição do algoritmo na forma de slides.
- c) Sugestão: Para a representação da árvore pode ser utilizado o formato Newick tree - <https://evolution.genetics.washington.edu/phylip/newicktree.html>

```
In [3]: import upgma
import numpy as np

dir = "./2_phylogenetics"
distance_matrix = np.loadtxt(f'{dir}/q2_matrix.txt')

upgma.run(distance_matrix)
```

```
Out[3]: ((7, (6, 5)), ((2, (3, 1)), (4, 0)))
```

Índice	Elemento
0	A
1	B
2	C
3	D
4	E
5	F
6	G

## Índice Elemento

7	H
---	---

This notebook was converted with [convert.ploomber.io](https://convert.ploomber.io)