

```

1: Entradas:
2:   msa:      arquivo com sequências moleculares alinhadas
3:   sistemas: lista de sistemas de substituição escolhidos para execução
4: Saídas:
5:   score_table: dicionário com os sistemas e seus scores de adequação

6: function MODELTEST(msa, sistemas)

7:   score_table ← DICT()
8:   etapa_score ← 0
                                     ▷ divide os sistemas em etapas
9:   etapas ← CLUSTERINGSEARCH(sistemas)

10:  for subsistemas in etapas do
11:    fit_score ← 0

12:    for sistema in subsistemas do
                                     ▷ executa o cálculo pelo PhyML
13:      score_table[sistema] ← CALCULATEFIT(sistema, msa)
                                     ▷ armazena o melhor resultado
14:      if score_table[sistema] > fit_score then
15:        fit_score ← score_table[sistema]
16:      end if
17:    end for
                                     ▷ se não há progresso, encerra
18:    if fit_score < etapa_score then
19:      break
20:    else
21:      etapa_score ← fit_score
22:    end if
23:  end for

24:  return score_table
25: end function

```
