

**Sessão 42**  
**Estatística**

**339**

**TESTE DE RAZÃO MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA PARA MODELOS DE SUBSTITUIÇÃO DE BASES EM SEQUÊNCIAS DE DNA.** *Gabriela Bettella Cybis, Silvia Regina Lopes, Sara Ianda Correa Carmona (orient.) (UFRGS).*

Ao longo das gerações as seqüências de DNA sofrem alterações, muitas delas por mutações aleatórias pontuais. De maneira geral pode-se assumir que as probabilidades dessas mutações independem do histórico da seqüência, dependendo apenas das bases que a constituem no presente. Portanto a evolução de seqüências de DNA é freqüentemente modelada através de Cadeias de Markov. Foram propostos diversos modelos para descrever esse processo, entre eles o modelo Jukes-Cantor e os modelos de Kimura com 2 e 3 parâmetros. Cada um desses modelos tem pressupostos diferentes quanto às probabilidades de transição da cadeia, por isso propomos um teste estatístico para julgar qual desses modelos melhor descreve o processo de evolução da seqüência. O teste escolhido é o da razão de máxima verossimilhança, pois é o que possui melhores qualidades estatísticas, sendo o teste uniformemente mais poderoso. As funções dos testes calculados para os modelos a tempo discreto e contínuo coincidiram. Foi feita uma comparação entre o poder dos diversos testes trabalhados. (Fapergs).