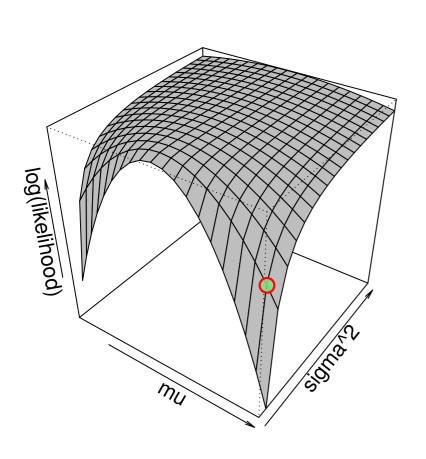
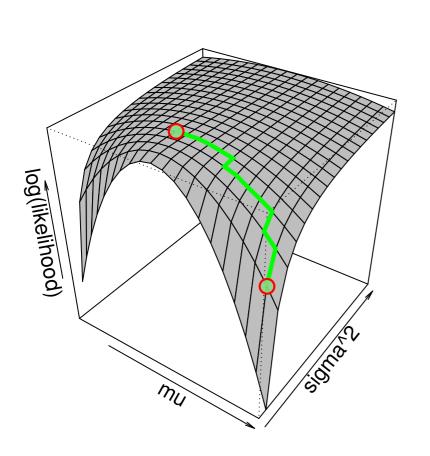


O método de busca mais simples tenta maximizar (ou minimizar) o valor de uma função.



O método de busca mais simples tenta maximizar (ou minimizar) o valor de uma função.

Temos um valor inicial.



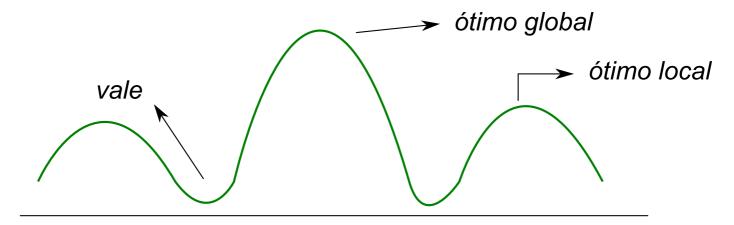
O método de busca mais simples tenta maximizar (ou minimizar) o valor de uma função.

Temos um valor inicial.

Caminhamos pela superfície de verossimilhança até encontrarmos uma combinação de parâmetros que maximiza a verossimilhança.

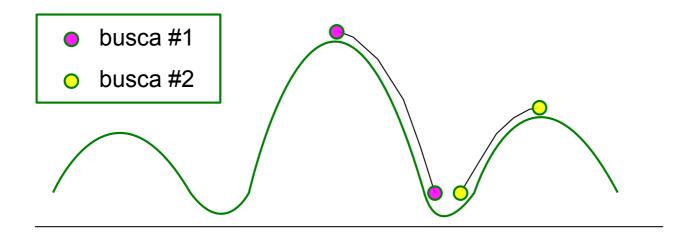
Esse procedimento pode ser complicado quando a superfície apresenta *ótimos locais*.

Ótimos locais são picos na superfície de likelihood separados por vales e que apresentam menores valores de likelihood.

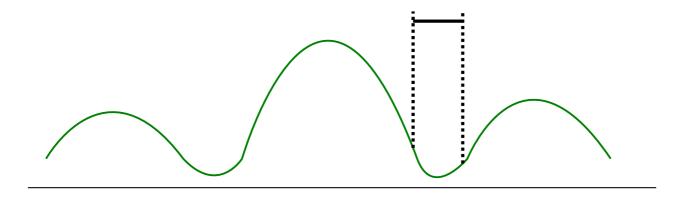


Métodos de busca baseados em "escalada estrita" (greedy algorithm ou algoritmo ambicioso).

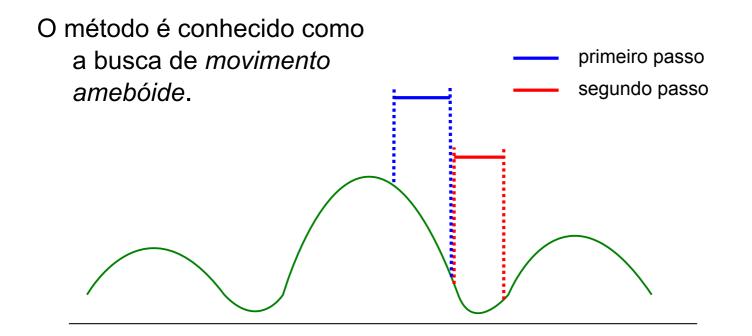
Algoritmos ambiciosos buscam o ótimo local em cada um dos passos da busca. Podem ficar presos em um ótimo local.



- O programa de busca para MLE mais usado no R é a função 'optim'. 'optim' aplica diversos algoritmos de busca.
- O mais usado é o Nelder and Meade (1965). Esse método se baseia em usar n+1 pontos de referência. O comportamento da função é extrapolado usando os n+1 pontos.



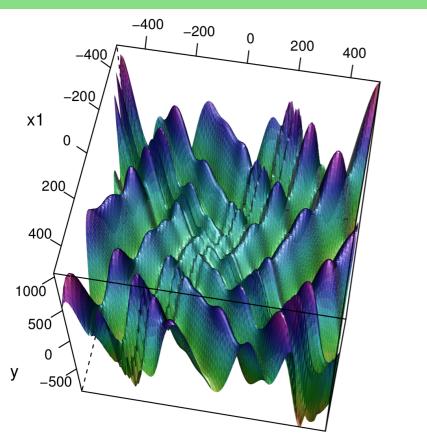
A distância entre os pontos avaliados varia durante a análise. Isso garante que o algoritmo de Nelson and Meade seja seja capaz de avaliar ótimos locais.



Um desafio para os métodos de busca são superfícies particularmente rugosas ou que possuem regiões planas (flat regions).

Superfícies rugosas apresentam muitos ótimos locais e regiões planas não deixam "pistas" para onde caminhar e a busca pode ficar presa.

Uma série de métodos modernos, vários aplicados ao MCMC, tem por objetivo fazer buscas eficientes na presença destas dificuldades.



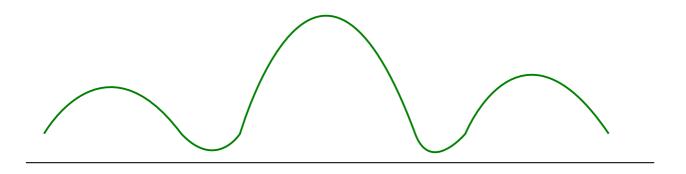
4e + 063e+0<del>6</del> 2e + 061e+0<del>6</del> x1 x2

Eggholder function

Goldstein Price function

O objetivo deste tipo de busca é partir do ponto de início e chegar no ótimo global. O resultado da busca é somente um ponto.

Sendo assim, não há preocupação em "mapear" a superfície de likelihood. Essa é a principal diferença "prática" entre os os resultados de uma estimativa usando MLE e o MCMC.



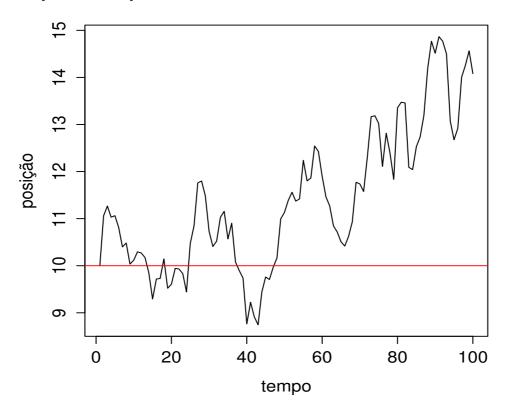
#### Agora vamos:

- Descrever alguns modelos de métodos comparativos.
- Explorar as funções de likelihood e as suas superfícies.

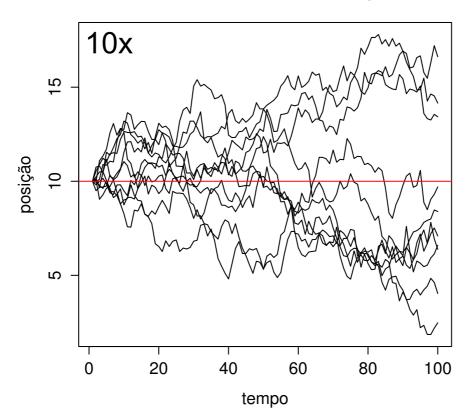
#### **Brownian Motion (BM)**

- Descreve a evolução de características contínuas.
- Apresenta dois parâmetros:
  - a) 'rate'
  - b) 'root value' ou 'mean'
- É um dos modelos mais simples e base para muitos PCMs para características contínuas.

O modelo **BM** é conhecido como o "andar do bêbado". O próximo passo pode aumentar, diminuir ou não mudar.



Em média o valor não muda ao longo do tempo. Mas a variância aumenta em função do tempo.



Mudança do valor (em cada ramo) pode ser descrita como:

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

Mudança do valor (em cada ramo) pode ser descrita como:

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

Desvio padrão regula o processo. É a taxa do modelo BM.

Retirado de uma distribuição normal com média 0.

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

$$\sigma = 0.02$$

$$\sigma = 0.1$$

$$\sigma = 0.1$$

$$\sigma = 0.1$$

Filogenia simulada.

Vamos usar o BM para simular um fenótipo evoluindo de acordo com essa árvore.

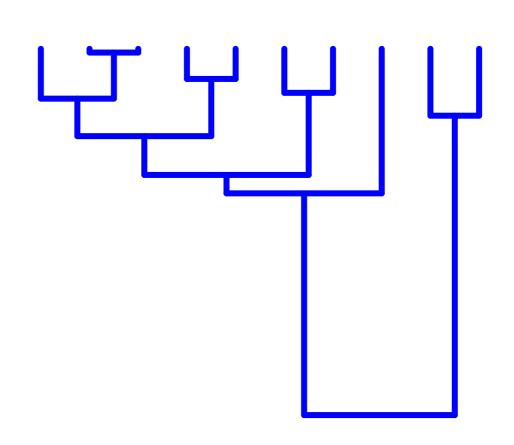


Figura com o processo BM na filogenia.

$$\mu = 0$$

$$\sigma = 0.02$$

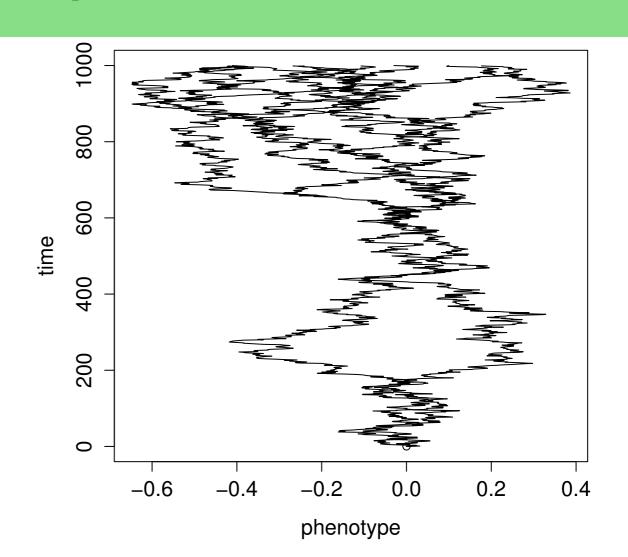
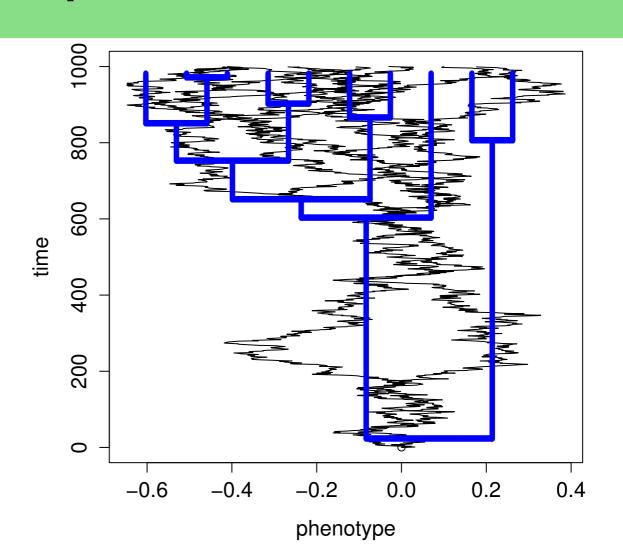
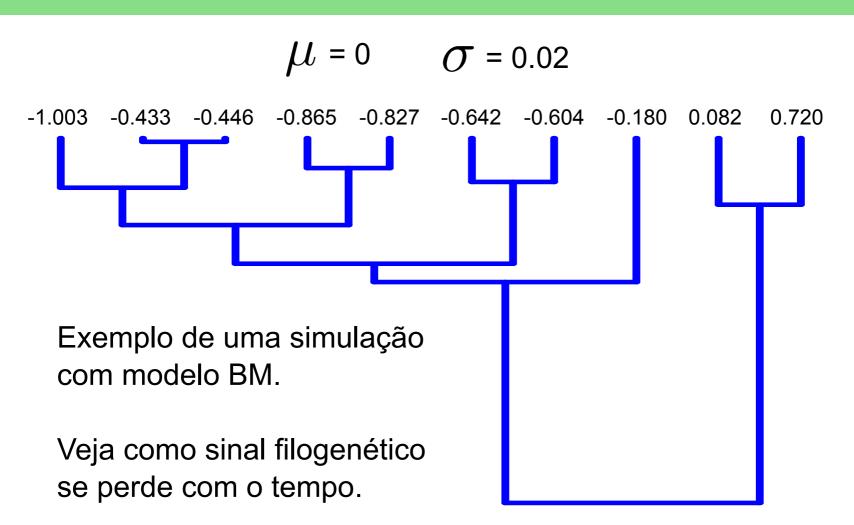


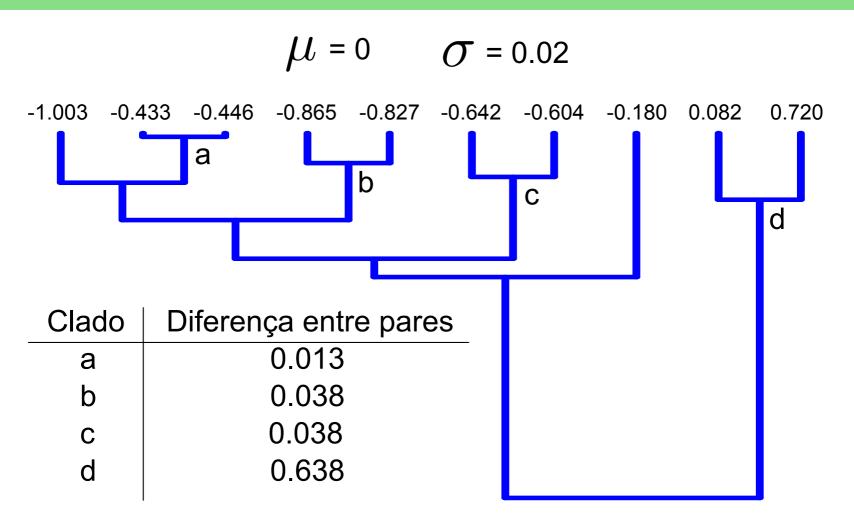
Figura com o processo BM na filogenia.

$$\mu = 0$$

$$\sigma = 0.02$$







Função de verossimilhança do modelo BM

$$\log P(y|\mu, \sigma^2, \mathbf{V}) = -0.5(y - \mu \mathbf{1})^T \mathbf{V}^{-1}(y - \mu \mathbf{1})$$
$$-\log \left(\sqrt{(2\pi)^{n \det(\mathbf{V})}}\right)$$

onde:

$$\mathbf{V} = \sigma^2 \mathbf{C}$$

y dados das espécies (tips).

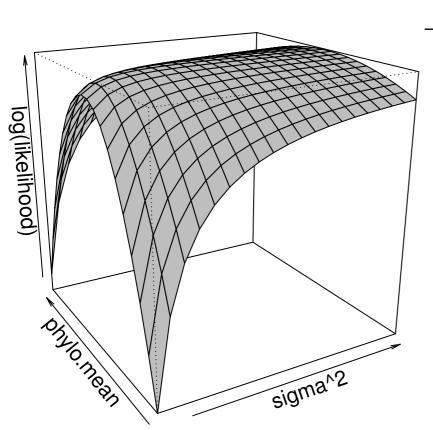
 $\mu_{\rm a}$  valor para a raíz (root).

 $\sigma^2$  taxa do modelo (desvio padrão).

C matrix de variância-covariância da filogenia.

 $oldsymbol{1}$  vetor de '1' com comprimento igual a y .

$$\log P(y|\mu, \sigma^2, \mathbf{V}) = -0.5(y - \mu \mathbf{1})^T \mathbf{V}^{-1}(y - \mu \mathbf{1})$$



 $-\log\left(\sqrt{(2\pi)^{n\det(\mathbf{V})}}\right)$ 

Superfície de verossimilhança se assemelha à distribuição normal.

#### **Ornstein-Uhlenbeck (OU)**

- Introduz a noção de um *ótimo* para uma característica.
- O valor do ótimo é dado pelo parâmetro  $\theta$  .
- O modelo **OU** é uma extenção do modelo **BM**.
- Diferente do modelo BM, OU introduz uma noção mecanistica de macroevolução. Agora as características evoluem em função da seleção que puxa os valores para próximo do valor ótimo.

Brownian Motion (BM) 
$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

Ornstein-Uhlenbeck (OU) 
$$dX_{(t)} = \alpha(\theta - X_{(t)})dt + \sigma dB_{(t)}$$

#### **Brownian Motion (BM)**

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

#### Ornstein-Uhlenbeck (OU)

$$dX_{(t)} = \alpha(\theta - X_{(t)})dt + \sigma dB_{(t)}$$

Este termo adicional representa o efeito de atração para o valor de ótimo.

# Ornstein-Uhlenbeck (OU)

$$dX_{(t)} = \alpha(\theta - X_{(t)})dt + \sigma dB_{(t)}$$

onde:

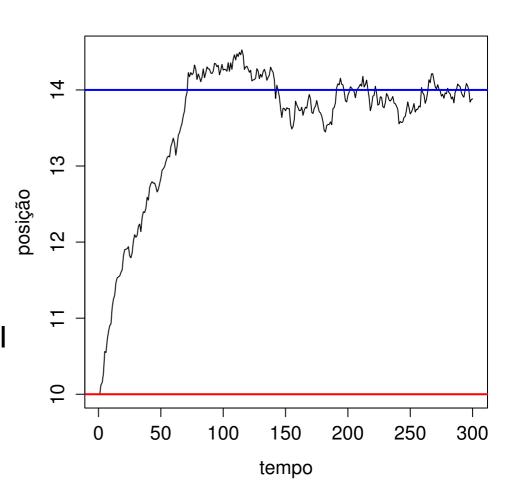
"força" da seleção para o ótimo.

🥖 valor do ótimo.

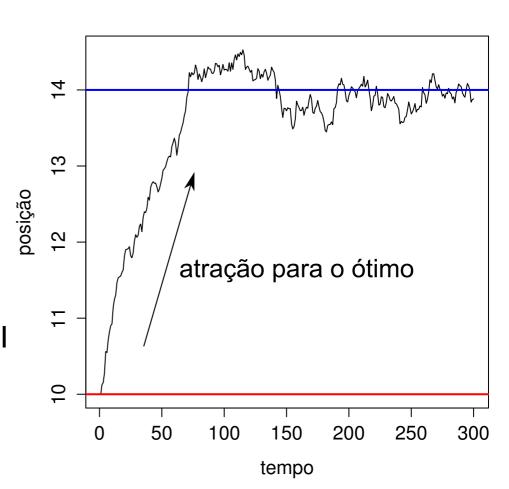
 $X_{(t)}$  valor da característica no tempo (t).

 $\sigma dB_{(t)}$  processo de Brownian motion.

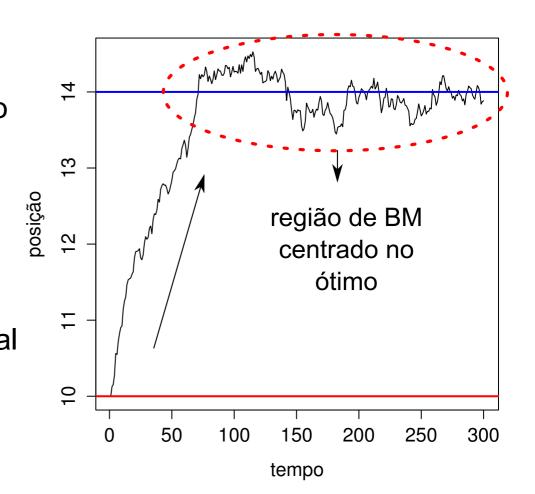
$$lpha$$
 = força de seleção  $\sigma^2$  = taxa de BM  $\theta$  = valor ótimo  $X_{(t=0)}$  = valor inicial



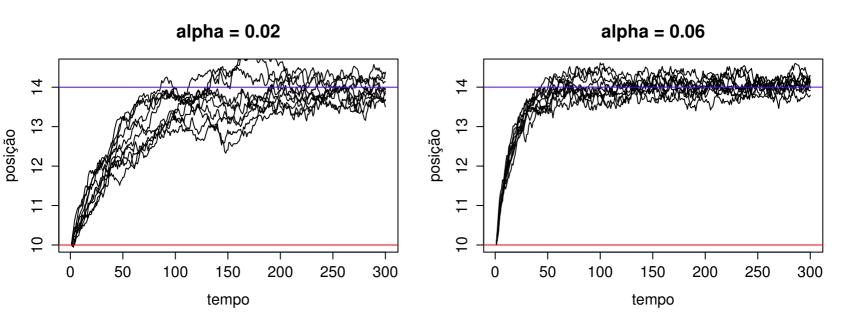
$$\alpha$$
 = força de seleção  $\sigma^2$  = taxa de BM  $\theta$  = valor ótimo  $X_{(t=0)}$  = valor inicial



$$\alpha$$
 = força de seleção  $\sigma^2$  = taxa de BM  $\theta$  = valor ótimo  $T_{t=0}$  = valor inicial

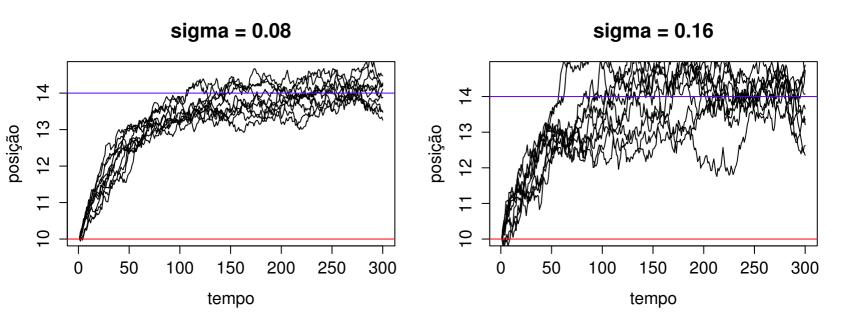


Valores maiores de  $\alpha$  fazem com que o processo chegue no ótimo mais rapidamente.

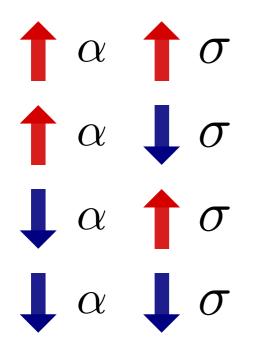


Valores maiores de  $\sigma$  inflam a variância da parte BM que faz parte do modelo OU.

A variância do trajeto é limitada pelo  $\alpha$ , pois a força de seleção é impede o desvio do valor ótimo.



Dois parâmetros controlam a variância do processo em relação ao valor ótimo. Diferentes combinações podem mostrar padrões semelhantes:



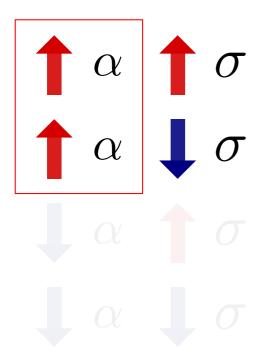
Baixa variância no ótimo.

Baixa variância no ótimo.

Alta variância no ótimo.

Baixa variância no ótimo.

Podemos diferenciar entre estes diferentes cenários?

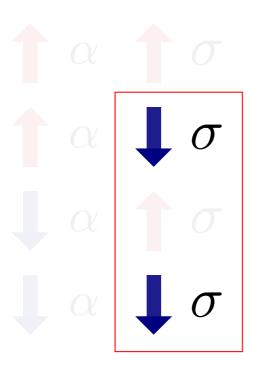


Altos valores de  $\alpha$  erodem o sinal filogenético, pois a atração para o valor de ótimo produz forte convergências.

Alta variância no ótimo.

**Baixa** variância no ótimo.

Podemos diferenciar entre estes diferentes cenários?



Baixa variância no ótimo.

Baixa variância no ótimo.

Baixa taxa  $(\sigma^2)$  produz menor variância mas não erode o sinal filogenético.

Baixa variância no ótimo.

Agora vamos explorar o modelo BM e OU no



Próximo passo será o tão esperado método de MCMC!!

