

Relatório TCC 1

Henrique Luiz Rieger¹

¹Departamento de Informática – Universidade Federal do Paraná (UFPR)
Curitiba – PR – Brasil

Resumo.

Abstract.

1. Introdução

- Importância da filogenia para a ciência e, principalmente, paleontologia
- Quais são os principais problemas computacionais em se fazer filogenia
- Alto custo computacional da solução exata
- Não há como garantir a solução correta, toda tentativa é uma hipótese
- Descrição da ideia geral do trabalho

1.1. Análises filogenéticas

- O que é uma filogenia
- Quais são as etapas de uma busca por árvores
- Algoritmos de busca
- Algoritmos de avaliação
- Consenso
- Cálculo do suporte

1.2. Algoritmos genéticos

- O que são algoritmos genéticos
- Vantagens e desvantagens dos GA
- Como um algoritmo genético pode ser usado em filogenia

2. Trabalhos anteriores

- Trabalhos que já usaram GA ou ML para filogenia:
- [Cotta and Moscato 2002]
- [Zambrano-Vega et al. 2016]
- [Villalobos-Cid et al. 2023]
- [Azouri et al. 2021]
- [Brauer et al. 2002]
- [Zwickl 2006]

3. Softwares atuais

- Falar sobre TNT, PAUP*, MO-Phylogenetics e outros

4. Experimentos preliminares

- Experimentos com dados de [Vega-Dias et al. 2004], [Bremer 1988] e algum dos bancos maiores

5. Resultados

6. Proposta

- Algoritmo genético baseado majoritariamente em [Cotta and Moscato 2002] e [Zwickl 2006] para busca de árvores usando os critérios de MP e IWMP a partir de dados morfológicos.

Referências

- Azouri, D., Abadi, S., Mansour, Y., Mayrose, I., and Pupko, T. (2021). Harnessing machine learning to guide phylogenetic-tree search algorithms. *Nature communications*, 12(1):1983.
- Brauer, M. J., Holder, M. T., Dries, L. A., Zwickl, D. J., Lewis, P. O., and Hillis, D. M. (2002). Genetic algorithms and parallel processing in maximum-likelihood phylogeny inference. *Molecular Biology and Evolution*, 19(10):1717–1726.
- Bremer, K. (1988). The limits of amino acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution*, 42(4):795–803.
- Cotta, C. and Moscato, P. (2002). Inferring phylogenetic trees using evolutionary algorithms. In *International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*, pages 720–729. Springer.
- Vega-Dias, C., Maisch, M. W., and Schultz, C. L. (2004). A new phylogenetic analysis of Triassic dicynodonts (Therapsida) and the systematic position of *Jachaleria candeleriensis* from the Upper Triassic of Brazil.(with 8 figures and 1 table). *Neues Jahrbuch für Geologie und Paläontologie Abhandlungen*, 231(2):145–166.
- Villalobos-Cid, M., Dorn, M., Contreras, Á., and Inostroza-Ponta, M. (2023). An evolutionary algorithm based on parsimony for the multiobjective phylogenetic network inference problem. *Applied Soft Computing*, 139:110270.
- Zambrano-Vega, C., Nebro, A. J., and Aldana-Montes, J. F. (2016). MO-phylogenetics: a phylogenetic inference software tool with multi-objective evolutionary metaheuristics. *Methods in Ecology and Evolution*, 7(7):800–805.
- Zwickl, D. J. (2006). *Genetic algorithm approaches for the phylogenetic analysis of large biological sequence datasets under the maximum likelihood criterion*. the University of Texas at Austin.