

RESUMEN CONFERENCIA OSCAR LAO

Inferir parámetros evolutivos es muy complejo y no hay una solución única para inferirlos. Dada esta complejidad, cada vez son más las investigaciones bioinformáticas destinadas a intentar optimizar los métodos para inferir estos programas.

Si tenemos en cuenta la evolución de los seres vivos, estos han tenido que solucionar muchos problemas complejos. La idea sería intentar proponer algoritmos que emulen estos mecanismos de los seres vivos, llamados algoritmos naturales.

Los algoritmos evolutivos son para intentar encontrar máximos. Podemos estudiar esta evolución a partir de diferentes campos: la demografía y la evolución biológica. Si miramos campos más allá de la demográfica podemos obtener sugerencias para que los arqueólogos puedan estudiar. Centrándose en la demografía, la hipótesis más extendida es la “*Out-of Africa*”, en la que los humanos anatómicamente modernos salen de África y colonizan el mundo de una manera rápida, adaptándose a otros ambientes. La evolución cultural que tenemos hoy en día se dio más tarde. Cuando salen estos humanos descubren que no estaban solos, sino que había otros homínidos, como los neandertales y los denisovanos. Se cree que se cruzaron con estas, porque se han encontrado introgresiones del genoma de estas especies o subespecies (no está muy claro la clasificación de estas) en el genoma humano actual.

Se han propuesto diferentes árboles evolutivos para describir la evolución de los homínidos. Hay diferentes hipótesis, pero no hay ninguna aceptada al 100%. El algoritmo propuesto por el grupo de Oscar Lao para inferir estos árboles es el *approximate bayesian computation*, basado en inteligencia artificial. La idea es hacer un simulador para simular el proceso. Primero, se usan los parámetros para obtener simulaciones y se compara el genoma simulado con los reales para ver si podemos considerar el modelo real con los parámetros seleccionados. Uno de los parámetros más importantes para estos modelos es el SFS.

Este algoritmo tiene algunos problemas, que se solucionaron usando algoritmos naturales que intentan simular el funcionamiento del cerebro humano, los perceptrones, que funcionarían como neuronas. Usando una *deep learning* con más de tres capas se puede usar esta predicción como las estadísticas de resumen observado.

Esta solución sigue teniendo problemas, principalmente los problemas con los hiperparámetros. Teniendo en cuenta que cada problema tiene una solución específica, se vio que los problemas eran debidos a que los inputs que se le daban al algoritmo eran demasiado sencillos. La solución que le dieron a este problema es lo que se conoce como *noise injection*, que es poner mucho ruido a los datos para que al *deep learning* le cueste más aprender, pero lo haga más eficientemente.

Con este algoritmo llegaron a crear un árbol filogenético que sugería que los hombres anatómicamente modernos tenían una mezcla entre genoma denisovano y neandertal. El problema fue entonces que no sabían distinguir si se mezclaron con los dos a parte o con un intermediario que era medio denisovano y medio neandertal. Para solucionar esto usaron otro algoritmo natural, que se basaba en la distinción entre imágenes, considerando como imágenes los cromosomas. Los tipos de introgresión encontrados deberían ser diferentes en función de si eran formados por los dos pro separado o un ser híbrido.

Por tanto, vemos que a través de la optimización de los algoritmos a partir de diferentes algoritmos, sobre todo naturales, llegamos a conclusiones suficientemente significativas y con pocos errores.