

E314

### **MÉTODOS DE CONSTRUÇÃO DE ÁRVORES FILOGENÉTICAS**

Gustavo Henrique Rocha Santos (Bolsista PIBIC/CNPq) e Profa. Dra. Hildete Prisco Pinheiro (Orientadora), Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica - IMECC, UNICAMP

A taxonomia é a área da Biologia voltada para a classificação científica dos seres vivos e tem como interesse o agrupamento de organismos de forma a obter grupos definidos nos quais as características sejam constantes. Isto proporciona a classificação das espécies e, em estudos de evolução, a classificação das espécies permite a construção de árvores filogenéticas. As árvores filogenéticas representam os caminhos da evolução de espécies ou genes. Os dados utilizados para a construção de árvores são frequentemente retirados de uma específica região do genoma dessas espécies (por exemplo, seqüências de DNA de espécies de uma determinada região). O interesse desse projeto é estudar e comparar os diferentes métodos de construção de árvores filogenéticas, verificando similaridades e diferenças entre eles, enfatizando a interpretação dos resultados do ponto de vista estatístico. Outro interesse é testar programas computacionais disponíveis para a construção de árvores, submetendo-os a comparações de sua eficiência no tratamento de dados reais disponíveis na internet. Os resultados mostram que para diferentes conjuntos de dados, tem-se diferentes desempenho dos métodos no que se refere principalmente à apresentação de árvores verossímeis e ao tempo computacional, tornando impossível a identificação de um único método mais eficiente.

Árvore - Filogenética - Estatística