

Geometria algebraica filogenètica

Resum de la línia de recerca. Des del treball d'E. Allman, J. Rodes, L. Pachter i B. Sturmfels, la idea que la geometria algebraica és útil per a la reconstrucció filogenètica ha estat corroborada per diferents autors. En particular, M. Casanellas i J. Fernández-Saánchez han provat, vegeu [CFS07], que la geometria algebraica pot tenir aplicacions d'interès per a la filogenètica. En aquest treball es demostra que els algorismes basats en la geometria algebraica (com el proposat per M. Casanellas, L.D. García-Pont, S. Sullivant) es comporten millor que els habituals mètodes filogenètics de reconstrucció amb espècies que evolucionen amb diferents taxes de mutació. L'objectiu d'aquest projecte és redefinir les possibles aplicacions de la geometria algebraica a la filogenètica extenent l'estudi que es va començar a [CFS08] a altres models de l'evolució i la realització d'un estudi en profunditat de la varietats associades amb la finalitat de millorar els algorismes existents.

Seguint el treball de Draisma-Kuttler i fent servir teoria de representació de grups, generalitzarem el nostre treball a qualsevol model evolutiu equivariant (incloent l'exemple de línia simètrica introduït per M. Casanellas i S. Sullivant a [CS]). El nostre primer objectiu és descriure, donat un model evolutiu, la varietat associada a un arbre particular com a subvarietat de la unió de totes les varietats d'arbres amb el mateix nombre de nodes. Això proporcionarà els invariants filogenètics de l'arbre, això és els generadors de l'ideal de la varietat que són rellevants pels objectius de la reconstrucció filogenètica. Després decidirem si per a fins biològics, és suficient descriure localment aquesta subvarietat com una intersecció completa en el sentit de [CFS08]. Finalment, en un projecte a llarg termini, totes aquestes millores s'utilitzaran per habilitar nous algorismes de reconstrucció filogenètica basada en la geometria algebraica. En cas que aquests algorismes es proporcionin, s'utilitzaran per discutir controvèrsies filogenètiques entre espècies reals.