

Uma árvore filogenética é a representação geralmente utilizada para uma filogenia, isto é, para representar a história evolucionária inferida para um grupo de organismos. Construindo uma árvore filogenética para um grupo ortólogo, definido como um conjunto de genes de diferentes espécies existentes que possuam um gene ancestral comum, podemos inferir como se deu a evolução para um determinado gene do grupo. Este trabalho tem como objetivo sistematizar a determinação da raiz ancestral, o gene mais ancestral, para um gene individual presente em um dado grupo de genes ortólogos, a partir da análise da árvore filogenética de consenso utilizando o método da análise de parcimônia. A metodologia de trabalho consiste na pesquisa bibliográfica sobre o estado da arte dos modelos e na proposição de um algoritmo para análise de parcimônia de árvores filogenéticas. O resultado disponibilizará uma ferramenta computacional que possibilite a inferência da raiz evolucionária de qualquer gene a partir da árvore filogenética de consenso. A ferramenta computacional está sendo desenvolvida na linguagem de programação Java e até o presente momento já organiza a árvore, a partir de dados cuidadosamente especificados, e exibe uma simplificada representação esquematizada da mesma.