

Exemplos de métodos

Agora vamos:

- Descrever alguns modelos de métodos comparativos.
- Explorar as funções de likelihood e as suas superfícies.

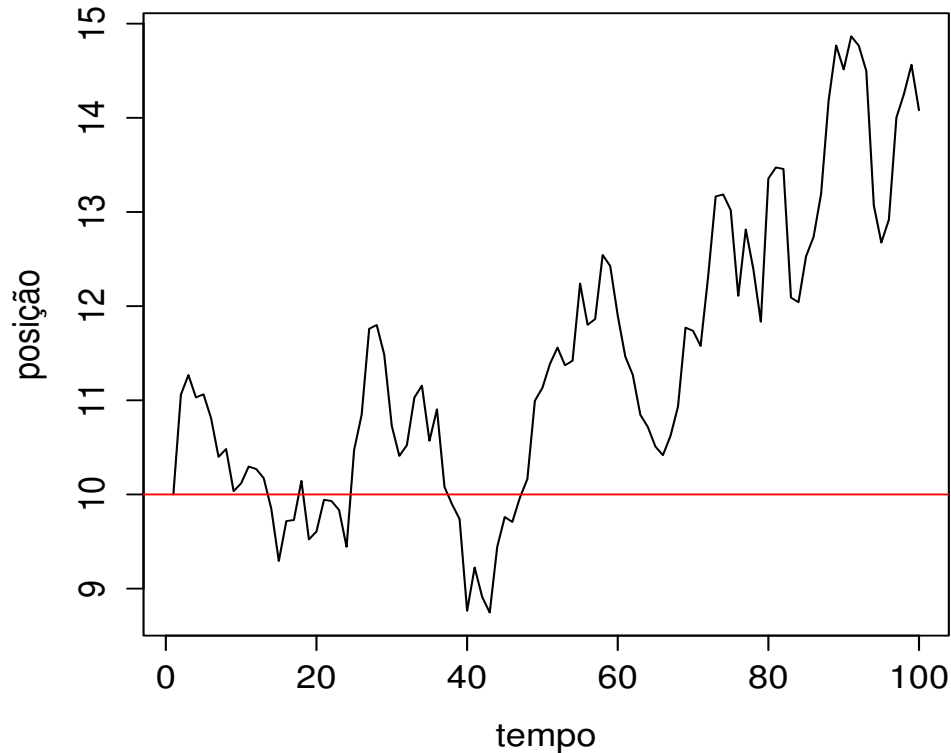
Exemplos de métodos

Brownian Motion (BM)

- Descreve a evolução de características contínuas.
- Apresenta dois parâmetros:
 - a) 'rate'
 - b) 'root value' ou 'mean'
- É um dos modelos mais simples e base para muitos PCMs para características contínuas.

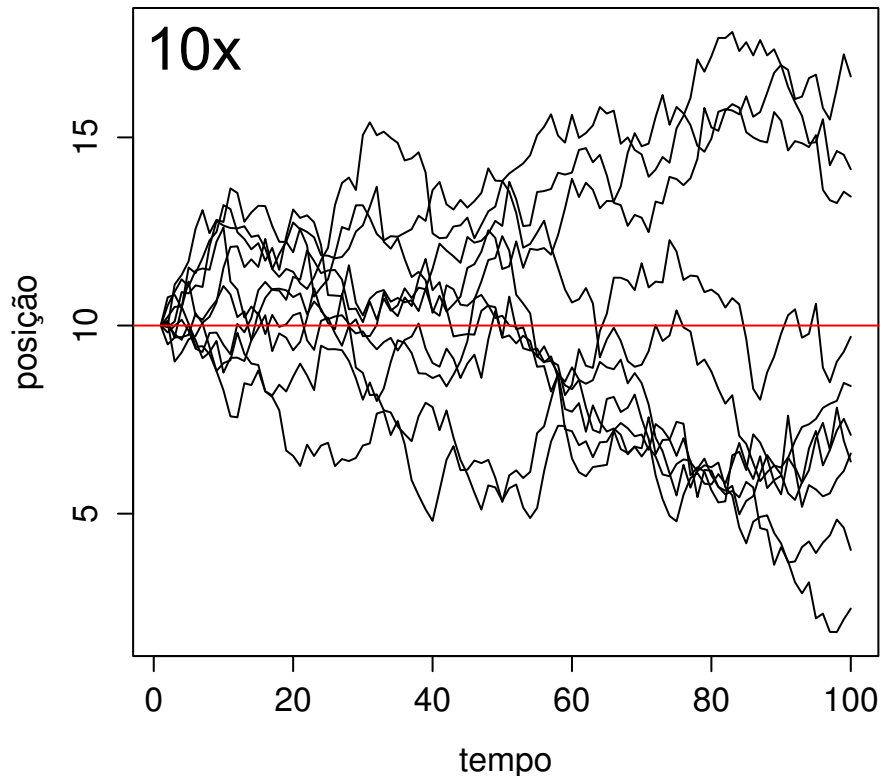
Exemplos de métodos

O modelo **BM** é conhecido como o "andar do bêbado".
O próximo passo pode aumentar, diminuir ou não mudar.



Exemplos de métodos

Em média o valor não muda ao longo do tempo.
Mas a variância aumenta em função do tempo.



Exemplos de métodos

Mudança do valor (em cada ramo) pode ser descrita como:

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

Exemplos de métodos

Mudança do valor (em cada ramo) pode ser descrita como:

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$



Desvio padrão regula
o processo.
É a taxa do modelo BM.

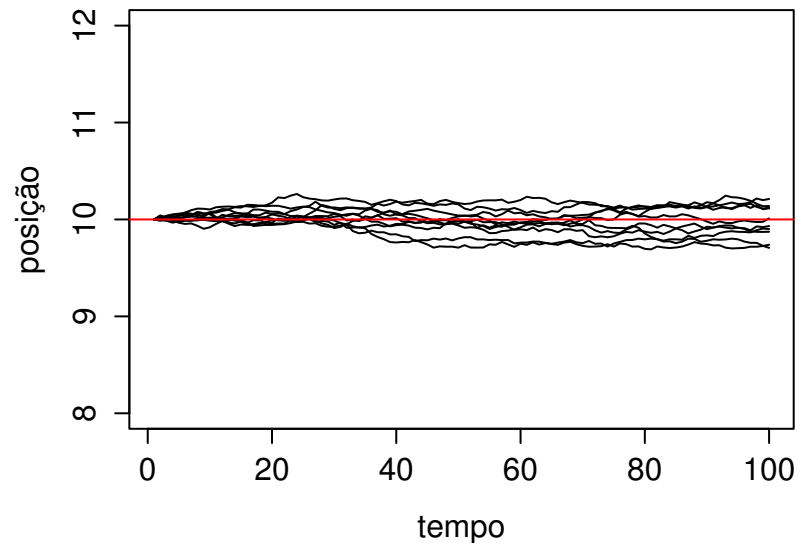
Retirado de uma
distribuição normal com
média 0.



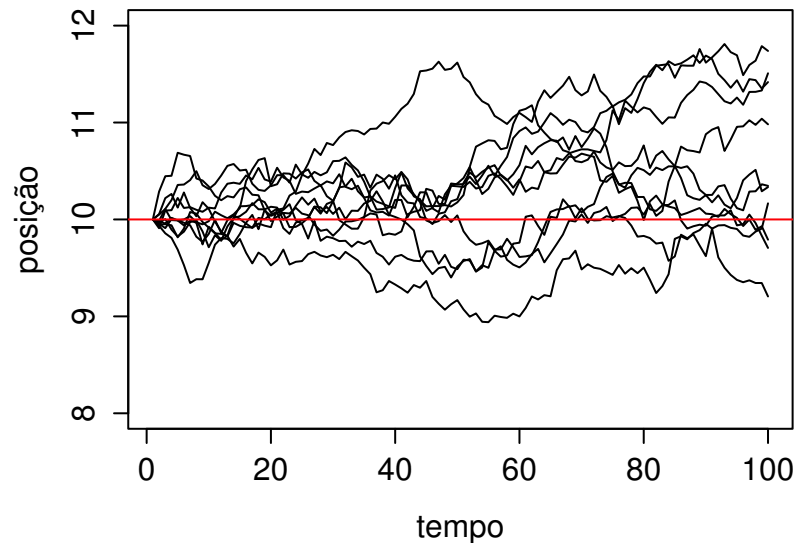
Exemplos de métodos

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

$$\sigma = 0.02$$



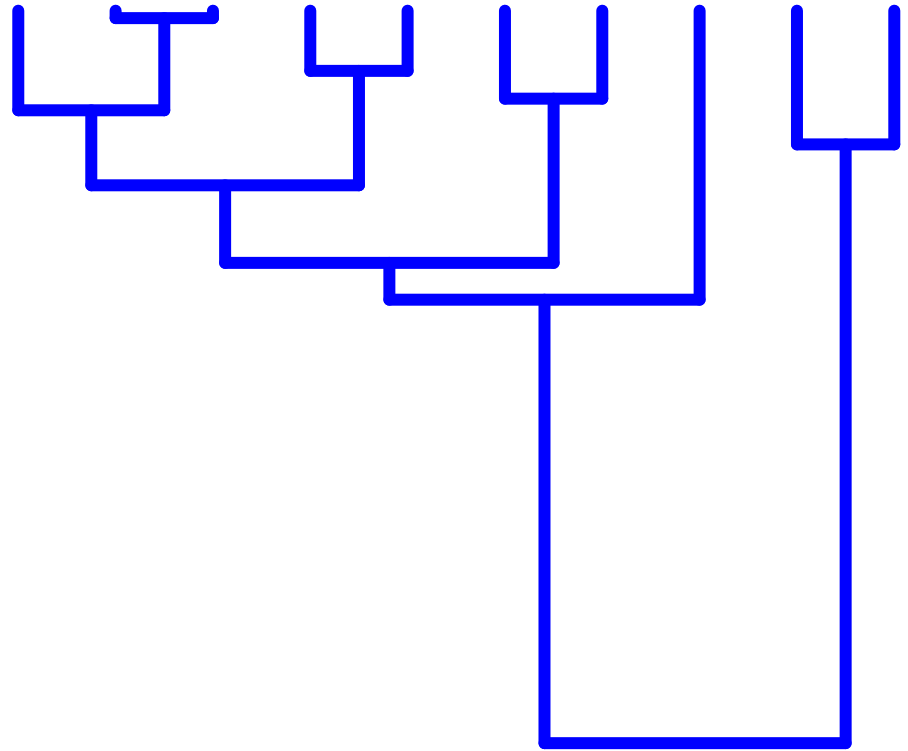
$$\sigma = 0.1$$



Exemplos de métodos

Filogenia simulada.

Vamos usar o BM para simular um fenótipo evoluindo de acordo com essa árvore.

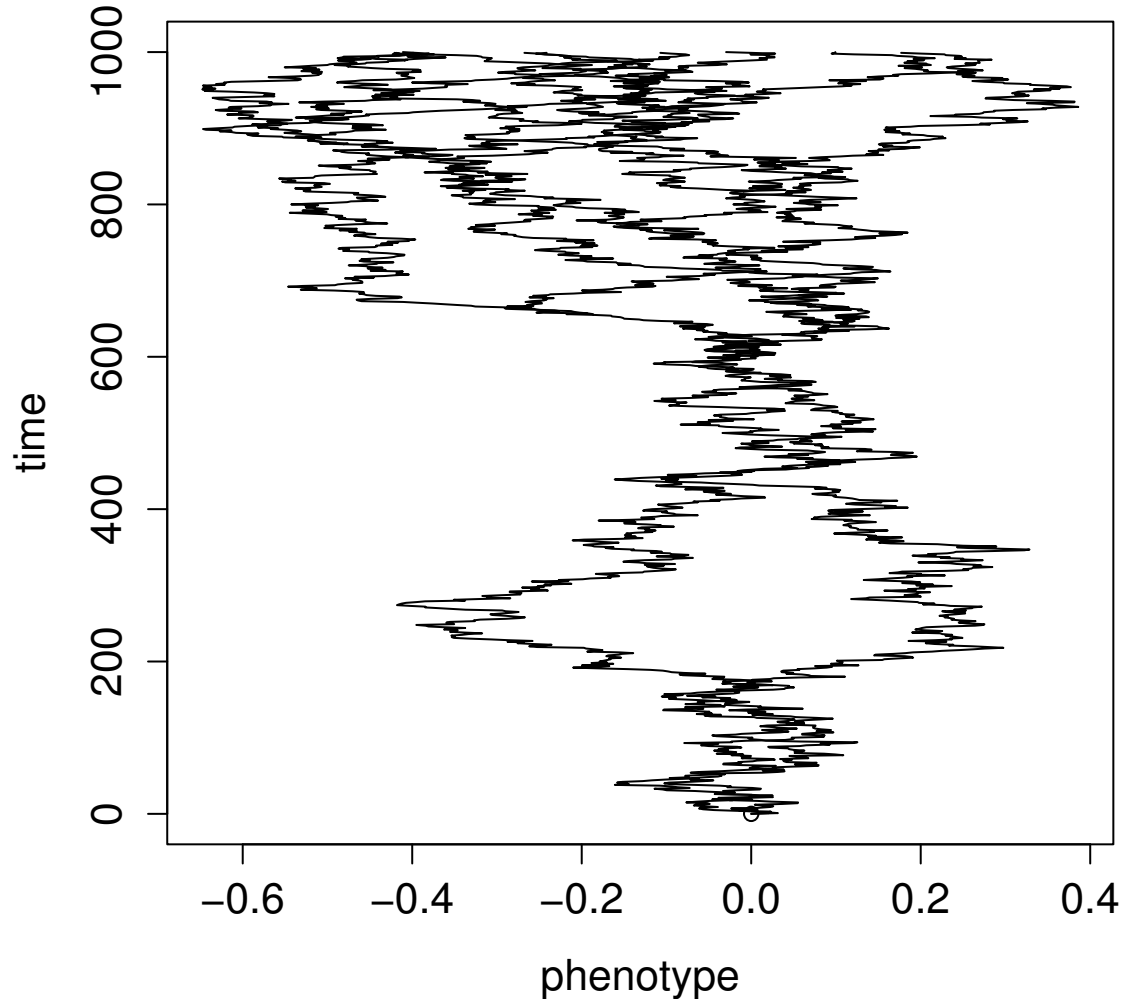


Exemplos de métodos

Figura com o
processo BM
na filogenia.

$$\mu = 0$$

$$\sigma = 0.02$$

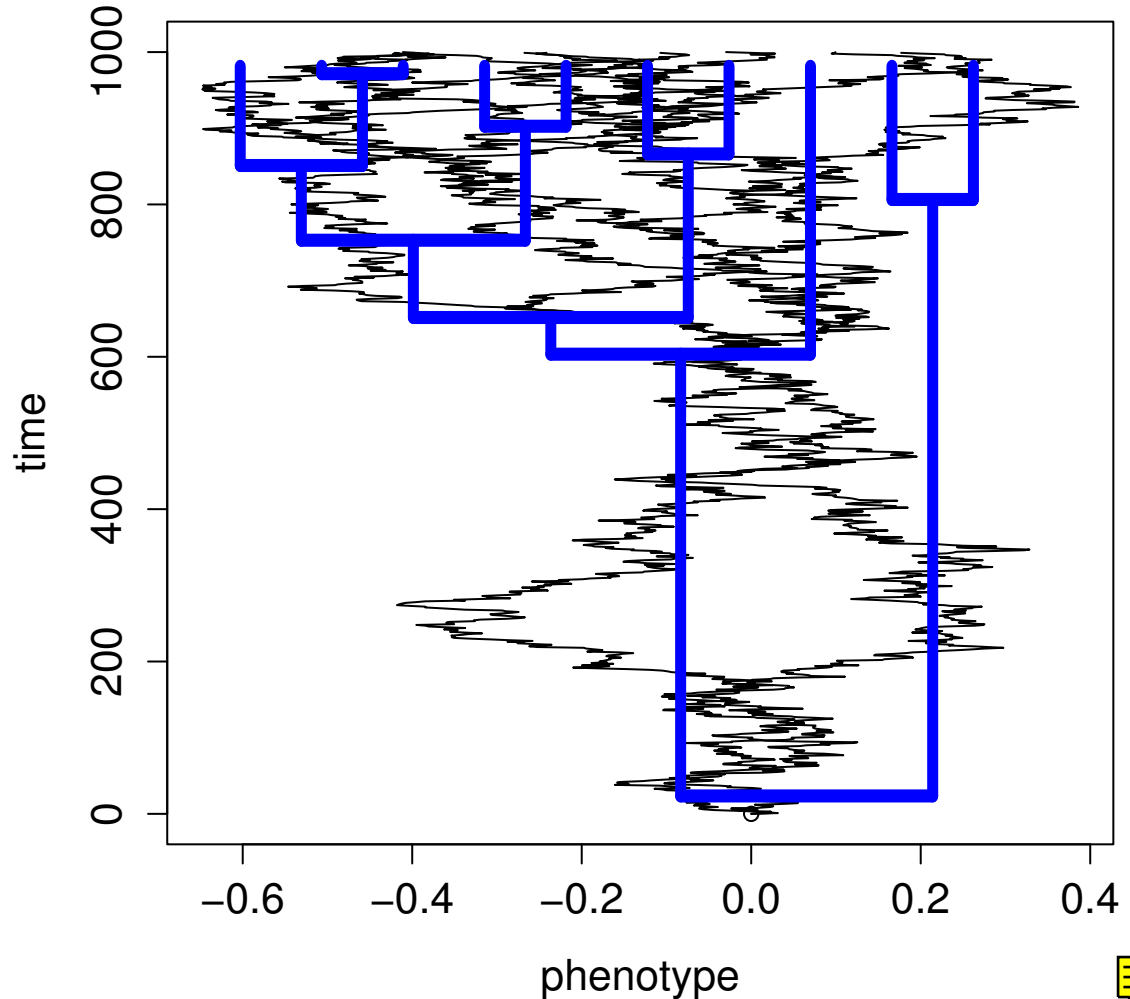


Exemplos de métodos

Figura com o
processo BM
na filogenia.

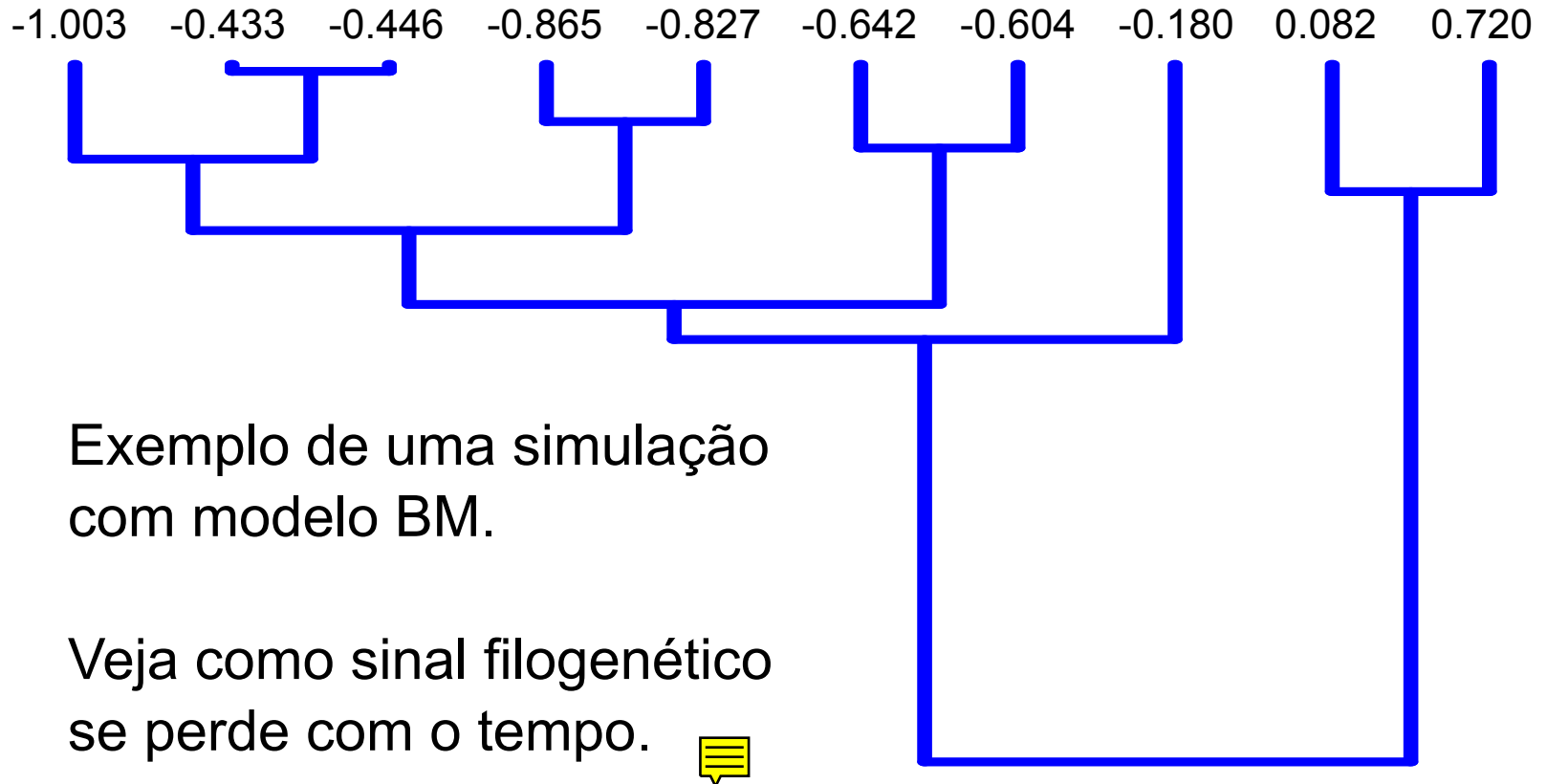
$$\mu = 0$$

$$\sigma = 0.02$$



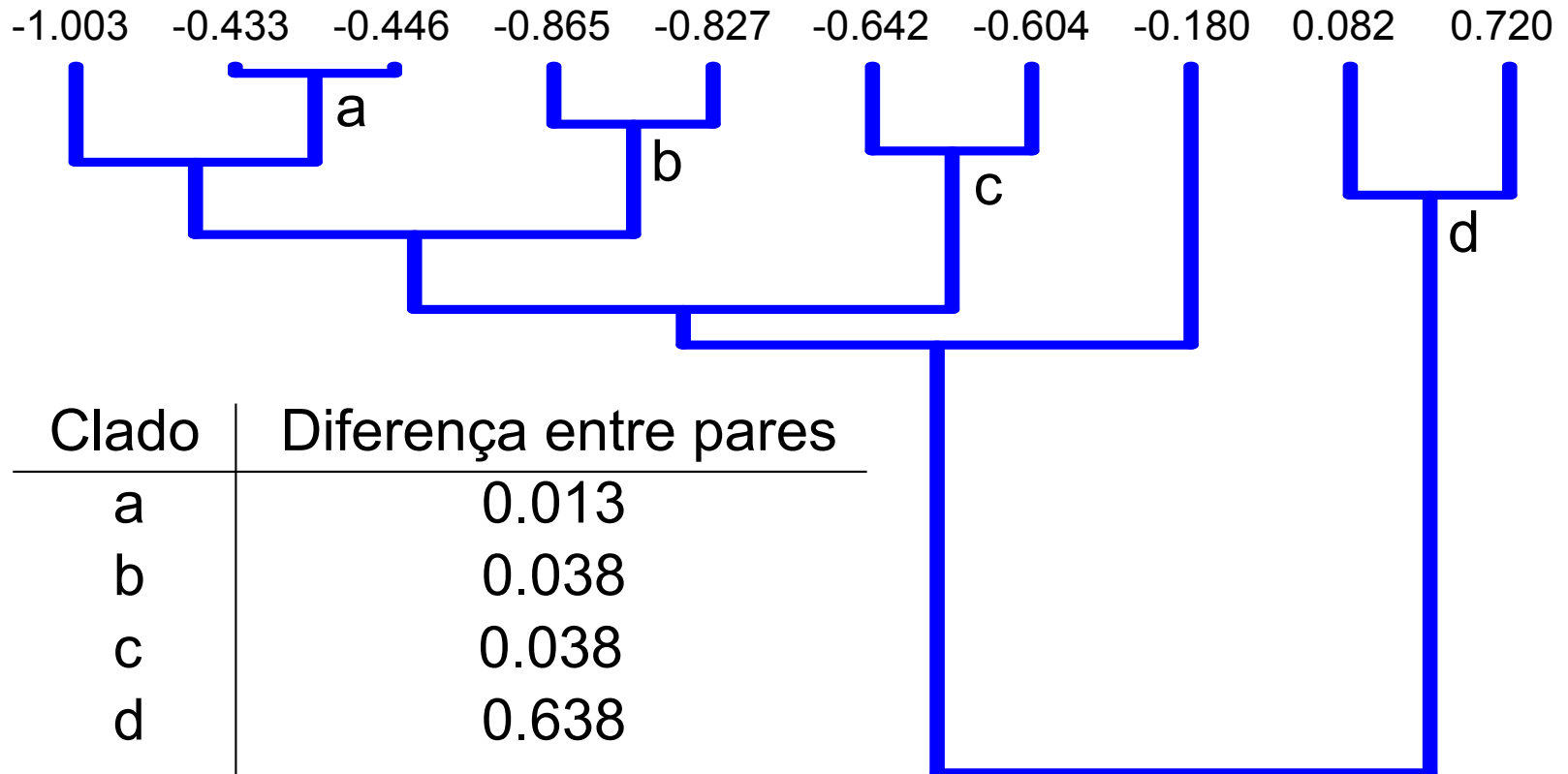
Exemplos de métodos

$$\mu = 0 \quad \sigma = 0.02$$



Exemplos de métodos

$$\mu = 0 \quad \sigma = 0.02$$



Exemplos de métodos

Função de verossimilhança do modelo **BM**

$$\log P(y|\mu, \sigma^2, \mathbf{V}) = -0.5(y - \mu\mathbf{1})^T \mathbf{V}^{-1} (y - \mu\mathbf{1}) \\ - \log \left(\sqrt{(2\pi)^n \det(\mathbf{V})} \right)$$

onde:

$$\mathbf{V} = \sigma^2 \mathbf{C}$$

y dados das espécies (tips).

μ valor para a raíz (root).

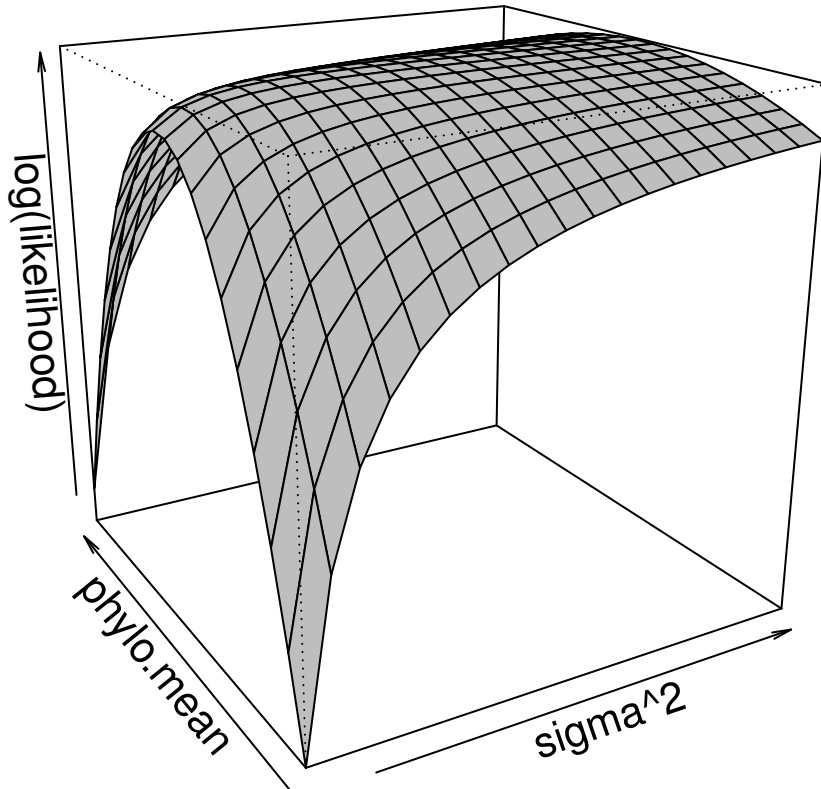
σ^2 taxa do modelo (desvio padrão).

\mathbf{C} matrix de variância-covariância da filogenia.

$\mathbf{1}$ vetor de '1' com comprimento igual a y .

Exemplos de métodos

$$\log P(y|\mu, \sigma^2, \mathbf{V}) = -0.5(y - \mu\mathbf{1})^T \mathbf{V}^{-1} (y - \mu\mathbf{1}) \\ - \log \left(\sqrt{(2\pi)^n \det(\mathbf{V})} \right)$$



Superfície de
verossimilhança
se assemelha à
distribuição normal.



Exemplos de métodos

Ornstein-Uhlenbeck (OU)

- Introduz a noção de um *ótimo* para uma característica.
- O valor do ótimo é dado pelo parâmetro θ .
- O modelo **OU** é uma extensão do modelo **BM**.
- Diferente do modelo **BM**, **OU** introduz uma noção mecanística de macroevolução. Agora as características evoluem em função da seleção que puxa os valores para próximo do valor ótimo.



Exemplos de métodos

Brownian Motion (BM)

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

Ornstein-Uhlenbeck (OU)

$$dX_{(t)} = \alpha(\theta - X_{(t)})dt + \sigma dB_{(t)}$$

Exemplos de métodos

Brownian Motion (BM)

$$dX_{(t)} = \sigma dB_{(t)}$$

Ornstein-Uhlenbeck (OU)

$$dX_{(t)} = \alpha(\theta - X_{(t)})dt + \sigma dB_{(t)}$$

Este termo adicional representa o efeito de atração para o valor de ótimo.

Exemplos de métodos

Ornstein-Uhlenbeck (OU)

$$dX_{(t)} = \alpha(\theta - X_{(t)})dt + \sigma dB_{(t)}$$

onde:

α "força" da seleção para o ótimo.

θ valor do ótimo.

$X_{(t)}$ valor da característica no tempo (t) .

$\sigma dB_{(t)}$ processo de Brownian motion.

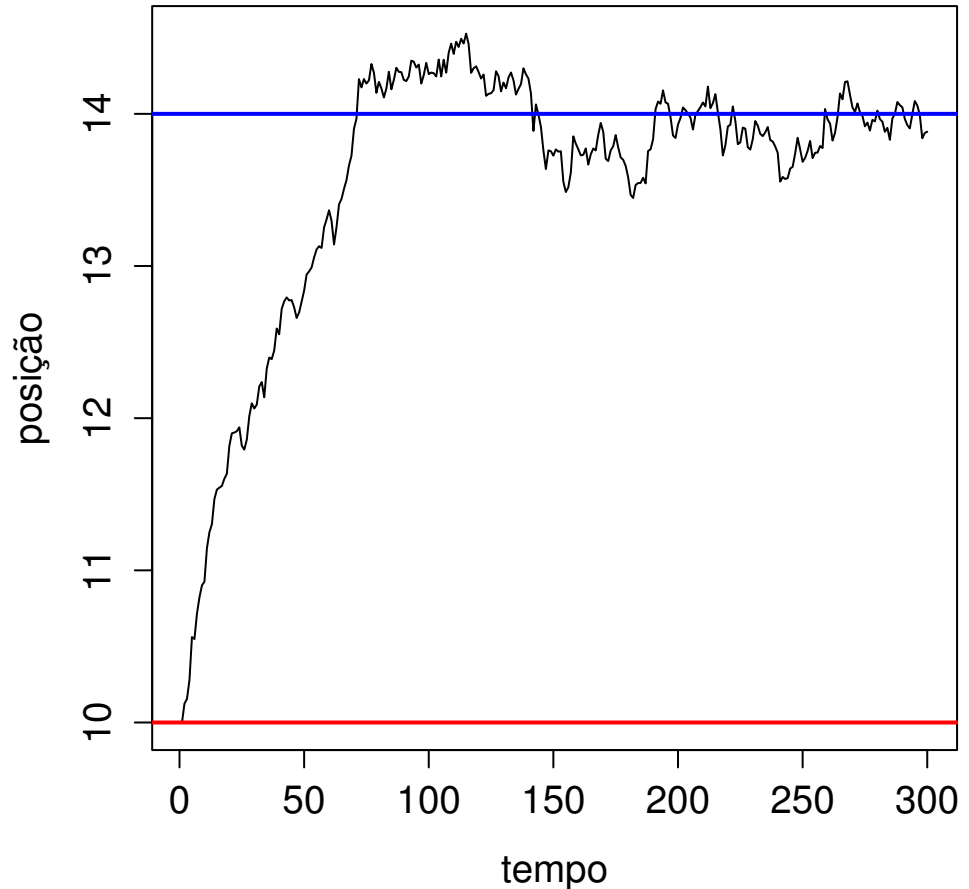
Exemplos de métodos

α = força de seleção

σ^2 = taxa de BM

θ = valor ótimo

$X_{(t=0)}$ = valor inicial



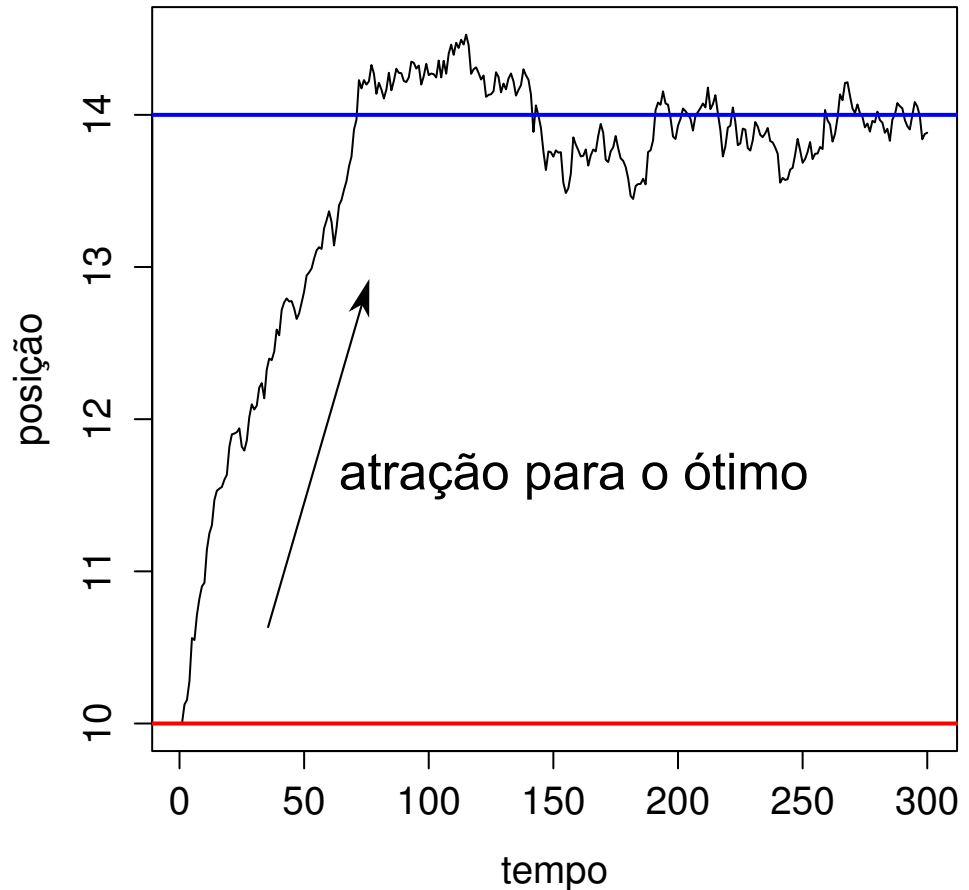
Exemplos de métodos

α = força de seleção

σ^2 = taxa de BM

θ = valor ótimo

$X_{(t=0)}$ = valor inicial



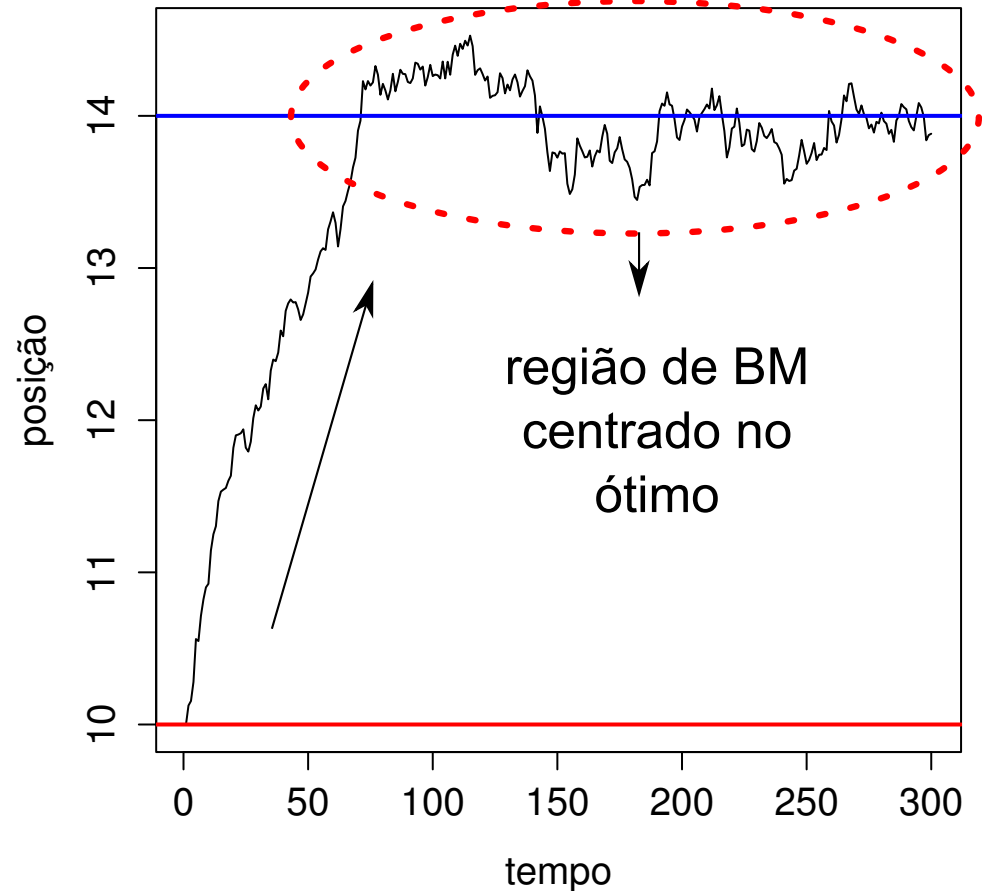
Exemplos de métodos

α = força de seleção

σ^2 = taxa de BM

θ = valor ótimo

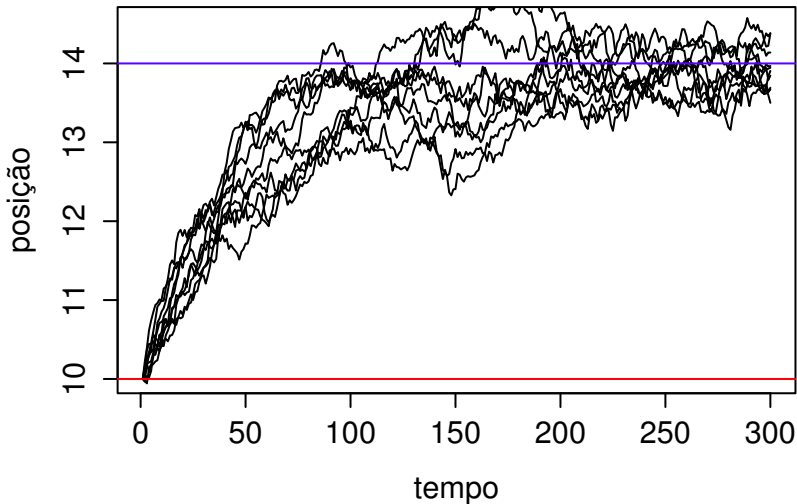
$X_{(t=0)}$ = valor inicial



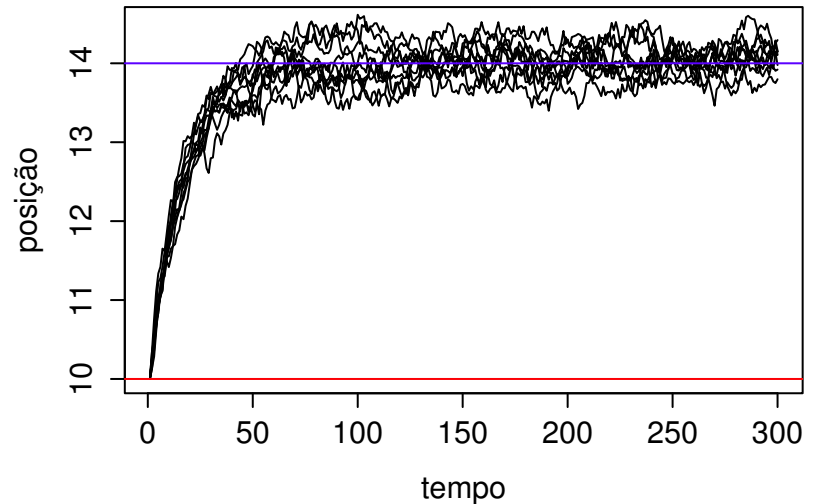
Exemplos de métodos

Valores maiores de α fazem com que o processo chegue no ótimo mais rapidamente.

alpha = 0.02



alpha = 0.06

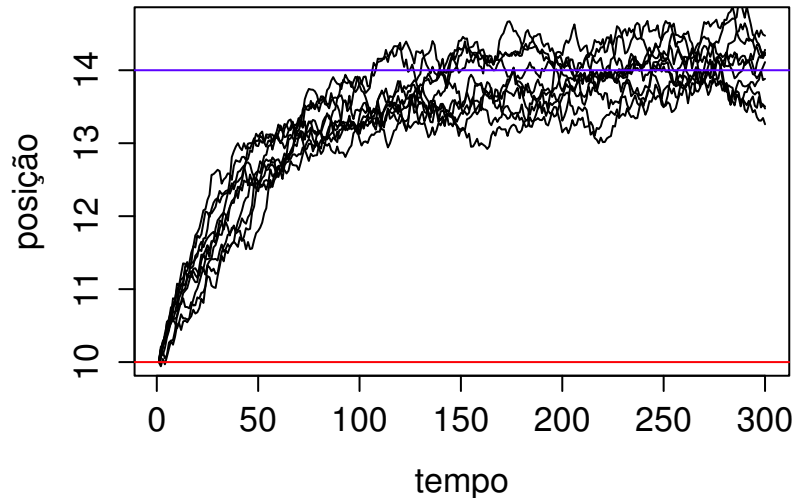


Exemplos de métodos

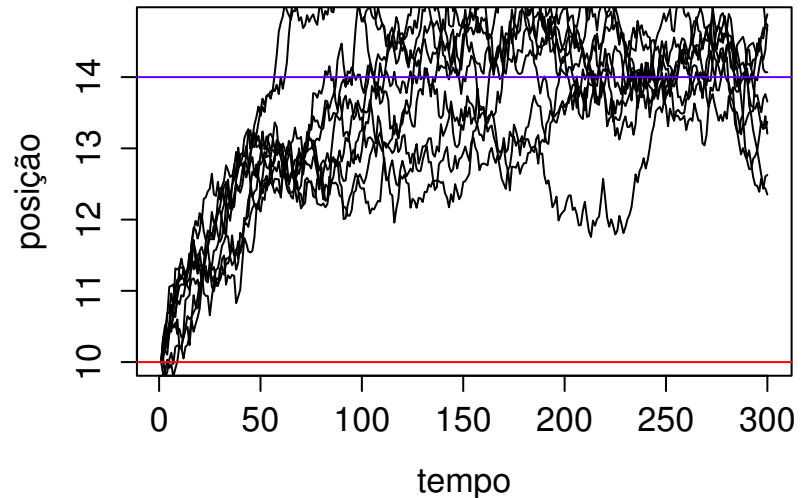
Valores maiores de σ inflam a variância da parte BM que faz parte do modelo OU.

A variância do trajeto é limitada pelo α , pois a força de seleção é impede o desvio do valor ótimo.

sigma = 0.08



sigma = 0.16



Exemplos de métodos

Dois parâmetros controlam a variância do processo em relação ao valor ótimo. Diferentes combinações podem mostrar padrões semelhantes:

↑ α ↑ σ

Baixa variância no ótimo.

↑ α ↓ σ

Baixa variância no ótimo.

↓ α ↑ σ

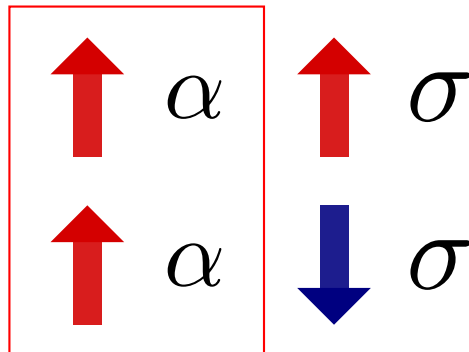
Alta variância no ótimo.

↓ α ↓ σ

Baixa variância no ótimo.

Exemplos de métodos

Podemos diferenciar entre estes diferentes cenários?



Altos valores de α erodem o sinal filogenético, pois a atração para o valor de ótimo produz forte convergências.



Alta variância no ótimo.

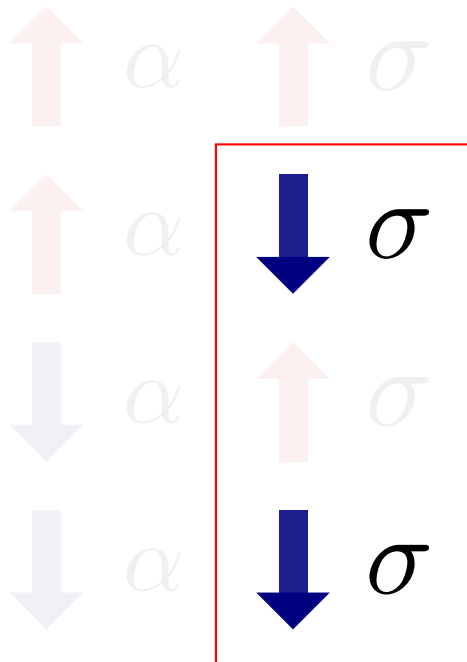


Baixa variância no ótimo.



Exemplos de métodos

Podemos diferenciar entre estes diferentes cenários?



Baixa variância no ótimo.

Baixa variância no ótimo.

Baixa taxa (σ^2) produz menor
variância mas não erode o sinal
filogenético.

Baixa variância no ótimo.

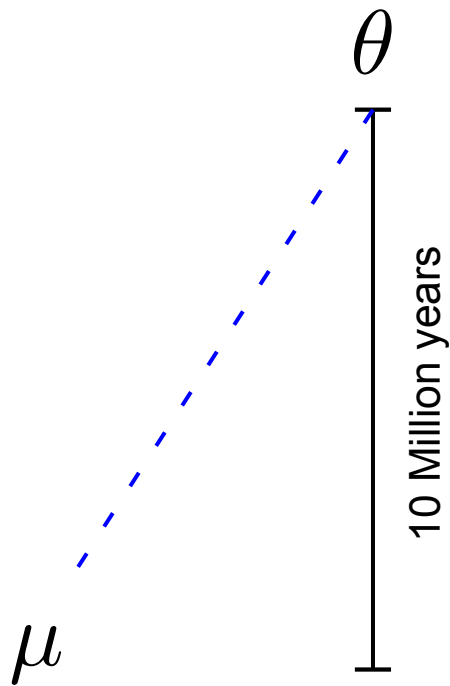


Cuidados com o alpha

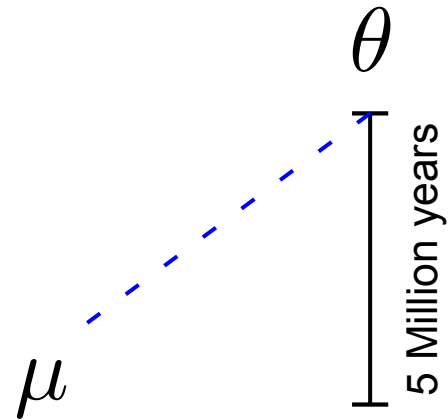
It is important to note, however, that although the OU model is frequently described and interpreted as a model of 'stabilizing selection', this is inaccurate and misleading. As formulated by Hansen (1997), a trait has a primary optimum that is the mean of individual species optima for that trait. Under this formulation, α can be considered as the strength of the pull towards a central trait value (the primary optimum; Hansen, 2012). However, this is not an estimate of stabilizing selection in the population genetics sense, where it is a measure of selection within a population towards a fitness optimum on an adaptive landscape (Lande, 1976). This is a qualitatively different process to trait evolution among species which is more akin to a trait tracking movement of the adaptive optima itself.

Cuidados com o alpha

$$\alpha_1 < \alpha_2$$



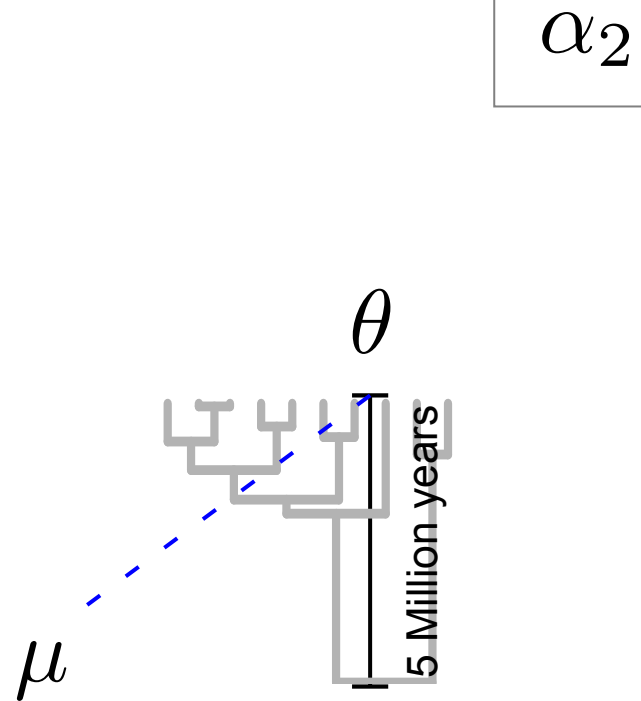
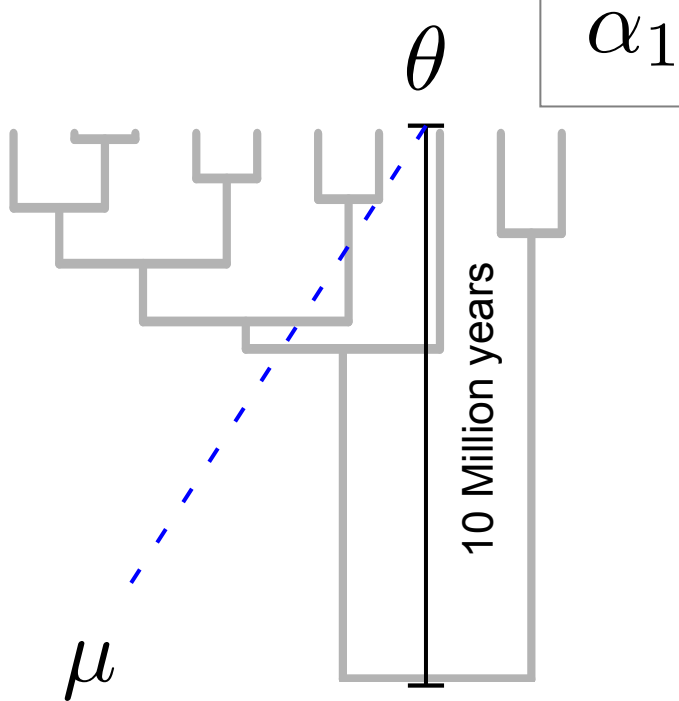
α_1



α_2

Cuidados com o alpha

$$\alpha_1 < \alpha_2$$



Cuidados com o alpha

O valor de alpha estimado depende da altura da árvore filogenética.

Muitas vezes é pouco informativo interpretar o valor absoluto da estimativa de alpha. Temos, portanto, que usar uma quantidade relativa.

Para tal usamos o "phylogenetic half-life" (Hansen, 1997):

$$t_{\frac{1}{2}} = \frac{\ln(2)}{\alpha}$$

$t_{\frac{1}{2}}$ = tempo que leva uma linhagem para evoluir até metade do caminho até o valor ótimo.

Exemplos de métodos

Agora vamos explorar o modelo **BM** e **OU** no



Próximo passo será o tão esperado método de **MCMC** !!

