

ANEXO

El presente anexo consta de cuatro partes: (1) *scripts*, (2) tablas, (3) figuras y (4) publicaciones derivadas de este trabajo de tesis doctoral. A continuación, se lista la correspondencia entre el nombre del archivo y su contenido.

- **Script1:** Consiste en el *Notebook* de *Mathematica* usado para realizar las simulaciones mediante ecuaciones de difusión con censo efectivo constante y segregación independiente (desarrollado en colaboración con Adam Eyre-Walker).
- **Script2:** Consiste en código *Perl* desarrollado por Ràmia *et al.* (2012) el cual genera la secuencia re-annotada a partir de las anotaciones génicas en formato GFF.
- **Script3:** Consiste en código *Perl* desarrollado por mi mismo el cual realiza el conteo del número de sitios, substituciones, la corrección de Jukes y Cantor (1969) y el cálculo del SFS. Este *script* contiene tanto código genuino como partes de código procedente de: PDA2 (Casillas y Barbadilla 2006), MKT (Egea *et al.* 2008), popDrowser (Mackay *et al.* 2012; Ràmia *et al.* 2012) y VariScan 2 (Hutter *et al.* 2006).
- **Tablas:** Es un archivo de *Excel* el cual contiene todas las tablas suplementarias citadas a lo largo de la tesis. Todas las tablas y sus correspondientes explicaciones están en inglés.
- **Figuras:** Es un archivo *Pdf* que contiene todas las figuras suplementarias junto con sus pies de figura redactados en inglés.
- **Artículo1:** Esta es la versión *Pdf* del trabajo de Mackay *et al.* (2012) en el cual aparecen por primera vez los estimadores d_n y b .
- **Artículo2:** Esta es la versión *Pdf* del trabajo de Castellano *et al.* (2016) que corresponde a las secciones 3.3 y 4.3 de resultados y discusión, respectivamente. En este trabajo se estudia el impacto de la interferencia de Hill-Robertson sobre la tasa de evolución adaptativa proteica.

**Todas las referencias a los artículos que aparecen en este anexo se encuentran en la bibliografía del documento principal (denominado Thesis_DC2016).*