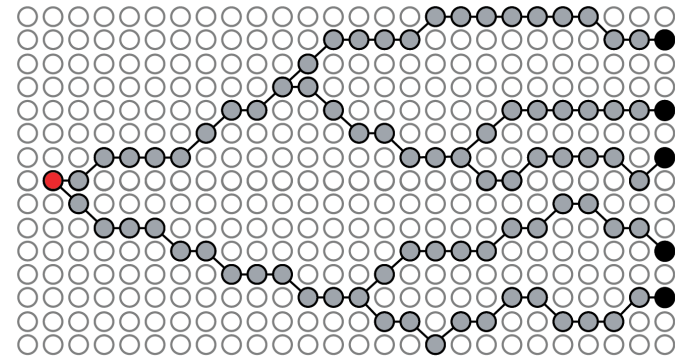


Clase 4

Árboles de genes

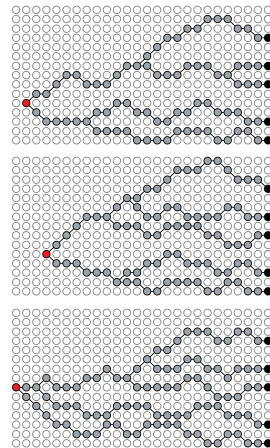
Teoría coalescente



2

Árboles de genes en una especie

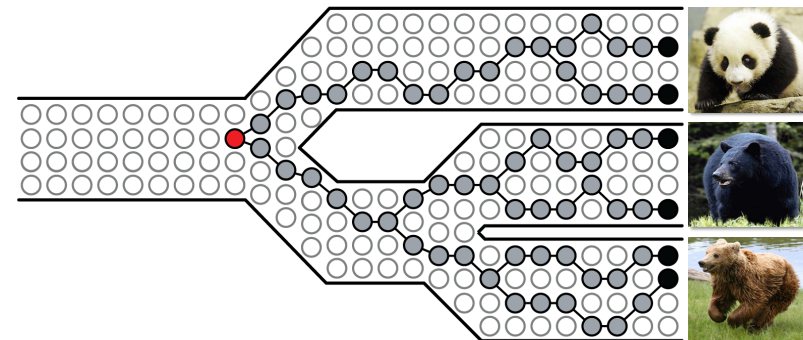
- Las genealogías varían estocásticamente entre genes no ligados
- No se deberían agrupar (concatenar) regiones genómicas independientes en un análisis de una sola especie
 - Tienen diferentes árboles
 - Tienen diferentes tiempos de coalescencia



3

Árboles de genes en varias especies

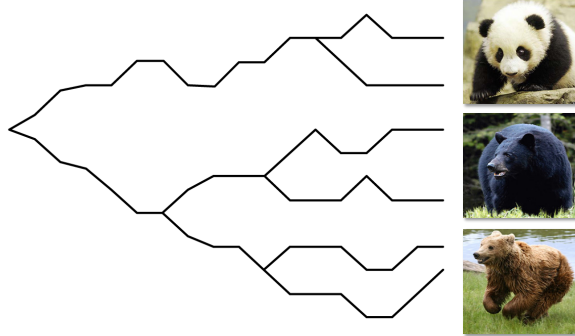
- Árboles de genes incrustados en el árbol de varias especies



4

Árboles de genes en varias especies

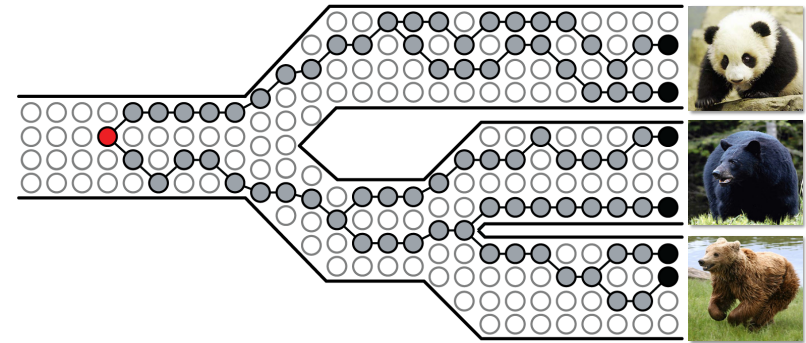
- Árboles de genes incrustados en el árbol de varias especies



5

Árboles de genes en varias especies

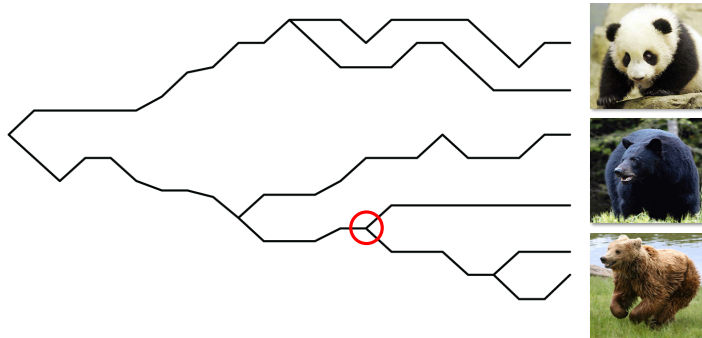
- Repartición incompleta en linajes; *Incomplete lineage sorting*



6

Árboles de genes en varias especies

- Repartición incompleta en linajes; *Incomplete lineage sorting*



7

Species tree

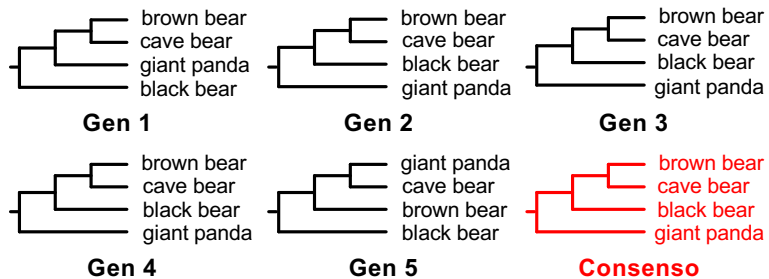
- La repartición incompleta de linajes** puede llevar a árboles de genes que no son iguales al árbol de las especies
- Podemos inferir el árbol de las especies usando multiples genes
- Tres acercamientos
 1. Consenso
 2. Concatenación
 3. Métodos de árboles de especies

8

El árbol de especies

1. Consenso

Estima la genealogía de cada gen y produce un consenso



Pero el árbol de genes mas común no siempre se parece al árbol de especies (anomalía)

9

Análisis de multiples genes

2. Concatenación

Asume que todos los genes comparten la misma historia evolutiva



Ignora las diferencias en árboles ente genes

10

El árbol de especies

3. Métodos de árboles de especies

Estima el árbol de especies usando los árboles de genes

- Asume que los árboles de genes son casos independientes de un proceso estocástico (el coalescente) dentro del árbol de las especies
- Varios métodos
 - **BEAST* co-estima árboles de genes y el de especies

BIOINFORMATICS

Vol. 30 ECCB 2014, pages i541–i548
doi:10.1093/bioinformatics/btu462

ASTRAL: genome-scale coalescent-based species tree estimation

S. Mirarab¹, R. Reaz¹, Md. S. Bayzid¹, T. Zimmermann^{1,2}, M. S. Swenson³ and T. Warnow^{1,*}

Referencias útiles

- **Gene tree discordance, phylogenetic inference and the multispecies coalescent**
Degnan & Rosenberg (2009) *Trends Ecol Evol*, 24: 332–340.
- **Lineage sorting in apes**
Mallund *et al.* (2014) *Annu Rev Genet*, 48: 519–535.
- **Estimating phylogenetic trees from genome-scale data**
Liu *et al.* (2015) *Annals New York Acad Sci*, 1360: 36–53.
- **Analysis of phylogenomic tree space resolves relationships among marsupial families**
Duchêne *et al.* (2018) *Syst Biol*, 67: 400–412.

12