

Desviaciones del reloj - Las tasas varían entre linajes por diferencias en: - Exposición a mutajenos - Tasas metabólicas - Tiempo generacional - Tamaño poblacional - Fuerza y dirección selectiva

Relojes relajados

- Sabemos que características biológicas:
 - · Tienen efectos en las tasas de evolución
 - · Son heredables hasta cierto punto
- Podemos tratar la tasa como una característica heredable
- Los relojes relajados a veces asumen que especies cercanamente relacionadas comparten tasas similares



10

Relojes Bayesianos relajados

La asunción de un reloj estricto se puede relajar

- · Permite tasas diferentes para cada rama del árbol
- Usan modelos estadisticos para la distribución de tasas en las ramas
- Las tasas puedes estar autocorrelacionadas o no correlacionadas
 - Autocorrelacionadas
 las tasas en ramas vecinas estan relacionadas
 - No correlacionadas las tasas en las ramas son independientes y tienen una distribución identica

Relojes Bayesianos relajados

tasa j

tasa j

Reloj relajado no correlacionado lognormal

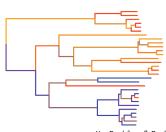
Relojes Bayesianos relajados

- Hay dos estadísticas interesantes que podemos obtener de un reloj relajado no correlacionado lognormal:
 - El coeficiente de variación en la tasa
 Mide la variación en la tasa entre ramas, donde un valor de 0
 indica un reloj molecular estricto
 - Covarianza entre tasas
 Mide el nivel de autocorrelación entre las tasas de ramas vecinas

13

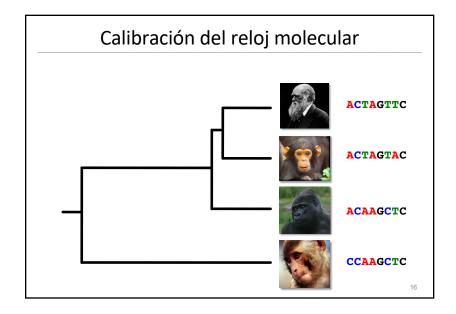
Autocorrelación de la tasa

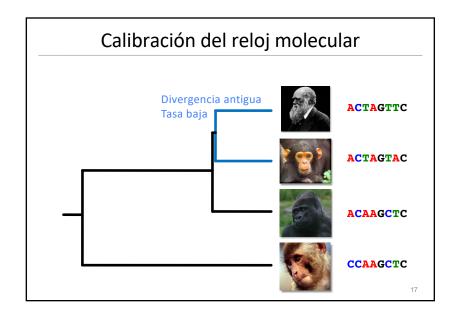
- Hay poca evidencia de autocorrelación en datos empíricos
- Los relojes no correlacionados probablemente son apropiados en la mayoría de casos
- Se pueden comparar los estimativos usando varios típos de relojes

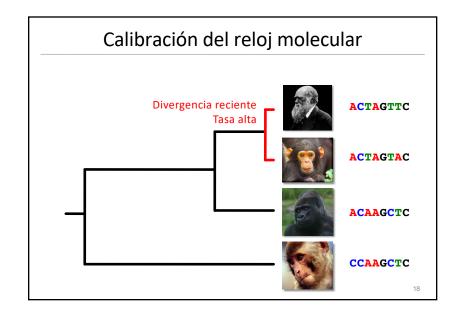


Ho, Duchêne, & Duchêne (2015) Mol Ecol Resour 14

Calibración del reloj molecular





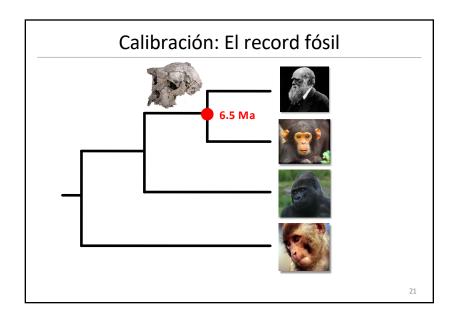


Calibración del reloj molecular

- Las tasas y los tiempos son no identificables
- · La verosimilitud depende de su producto
 - · Las ramas en número de sustituciones por sitio
- Para separar tasas y tiempo, necesitamos información independiente (prior) sobre uno o el otro

Calibración del reloj molecular

- · Información sobre la tasa de sustitución
 - Podemos usar una tasa fija o una distribución específica de la tasa
- · Información sobre las fechas de los nodos
 - Del record fósil
 - Biogeografía
 - · Tiempos de muestreo
 - · Pedigrí documentado

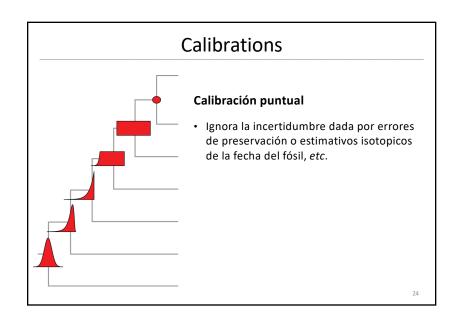


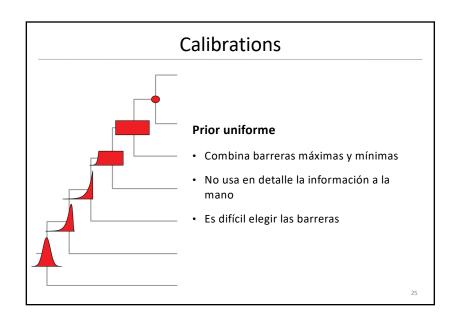
Eligiendo calibraciones de fósiles

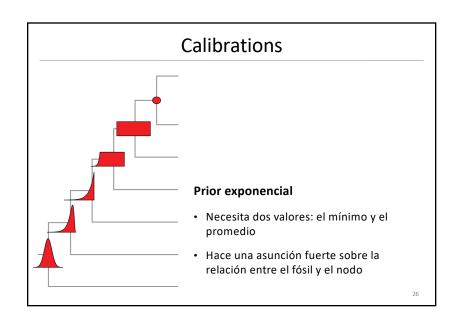
- 1. Números de espécimen de museo que demuestren los caracteres relevantes y proveniencia
- 2. Diagnosis basadas en apomorfias o análisis filogenético del espécimen
- 3. Explicaciones que reconcilien datos morfológicos con moleculares
- 4. Localidad y nivel estratigráfico donde se recolectó el espécimen
- 5. Referencia a una edad radioisotópica publicada y/o edad numérica y detalles sobre la elección de la edad

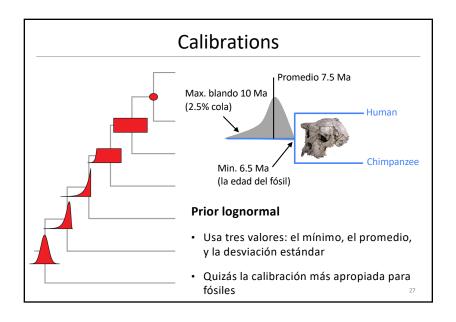
Parham et al. (2012) Syst Biol 22

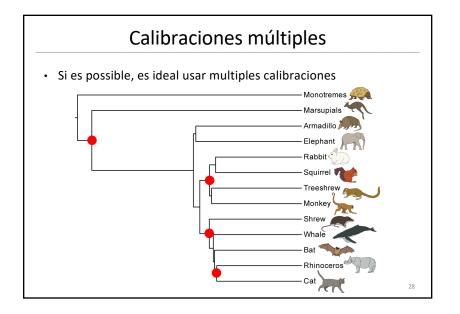
Eligiendo priors para calibraciones

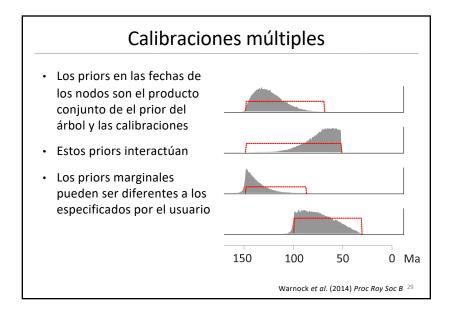


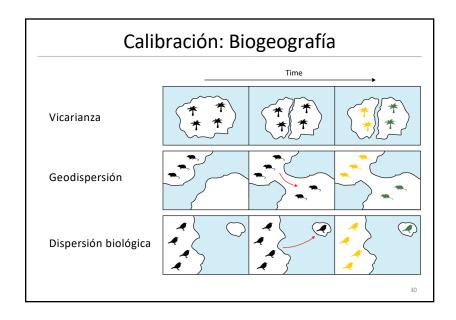


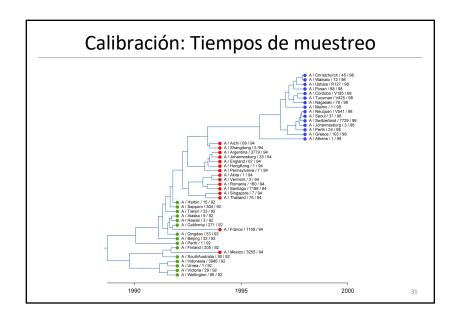












Referencias útiles

- Calibration uncertainty in molecular dating analyses: there is no substitution for the prior evaluation of time priors
 Warnock et al. (2014) Proceedings of the Royal Society B. 282: 20141
 - Warnock et al. (2014) Proceedings of the Royal Society B, 282: 20141013.
- Time-dependent rates of molecular evolution Ho et al. (2011) Molecular Ecology, 20: 3087–3101.
- Accounting for uncertainty in phylogenetic estimation of evolutonary divergence times
- Ho & Phillips (2009) Systematic Biology, 58: 367–380.
- Best practices for justifying fossil calibrations
 Parham et al. (2012) Systematic Biology, 61: 346–359.
- Biogeographic calibrations for the molecular clock Ho et al. (2015) Biology Letters, 11: 20150194.

Referencias útiles

- A practical guide to molecular dating Sauquet (2013) Comptes Rendus Palevol, 12: 355–367.
- Bayesian molecular clock dating of species divergences in the genomics era dos Reis, Donoghue, & Yang (2016) Nature Reviews Genetics, 17: 71–80.
- Molecular-clock methods for estimating evolutionary rates and timescales
 Ho & Duchêne (2014) Molecular Ecology, 23: 5947–5965.

