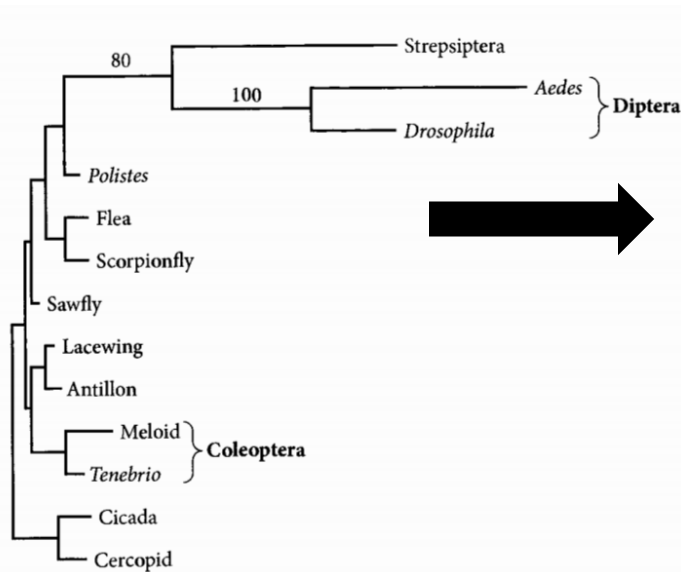


CONFIANZA EN HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Bootstrap Paramétrico

Nuevas matrices generadas a través de simulación, usando un modelo de evolución



JC69

20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
A	G	A	T	A	C	G	T	A	C	T	G	A	A	A	A	G	T	C	C	
A	G	A	T	A	C	A	T	T	A	C	G	A	A	A	A	G	T	C	A	
A	T	A	T	A	T	A	T	A	C	C	A	G	A	A	A	A	G	T	C	A
G	C	A	T	A	C	G	T	A	G	C	T	G	A	A	A	A	G	G	C	G
A	T	A	T	A	C	G	A	A	G	C	T	A	A	A	A	A	G	T	C	G
G	T	A	T	A	T	G	T	A	C	T	C	G	A	A	A	A	G	A	T	G
A	T	A	T	A	C	G	T	A	C	C	C	G	A	G	A	A	C	T	T	G
A	T	A	T	A	C	G	T	G	C	C	C	G	A	G	A	A	G	T	T	G

11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
G	G	T	A	T	T	A	T	G	A	G	A	T	A	C	G	T	A	C	T
G	G	T	T	T	G	A	T	G	A	G	A	T	A	C	A	T	T	A	C
G	G	T	A	C	T	A	C	A	A	T	A	T	A	T	A	T	A	C	C
A	C	T	A	C	A	A	A	G	G	C	A	T	A	C	G	T	A	G	C
G	T	T	G	C	A	A	T	A	A	T	A	T	A	C	G	A	A	G	C
G	C	T	A	C	A	A	T	G	G	T	A	T	A	T	G	T	A	C	T
G	C	T	A	C	A	G	T	G	A	T	A	T	A	C	G	T	A	C	C
G	C	T	A	C	A	G	T	G	A	T	A	T	A	C	G	T	G	C	C

	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
A	T	T	T	C	C	T	T	T	C	A	G	G	T	A	T	T	A	T	G	A
B	T	T	T	C	C	T	T	T	T	A	G	G	T	T	T	G	A	T	G	A
C	T	T	T	G	C	T	T	T	C	T	C	G	G	T	A	C	T	A	C	A
D	T	T	T	G	C	T	T	C	C	G	A	C	T	A	C	A	A	A	G	G
E	C	T	T	G	C	C	T	A	C	T	G	T	T	G	C	A	A	T	A	A
F	T	T	C	G	T	C	C	C	C	G	G	C	T	A	C	A	A	T	G	G
G	G	T	T	G	T	T	T	C	C	G	G	C	T	A	C	A	G	T	G	A
H	T	T	T	A	T	T	T	C	C	G	G	C	T	A	C	A	G	T	G	A

PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

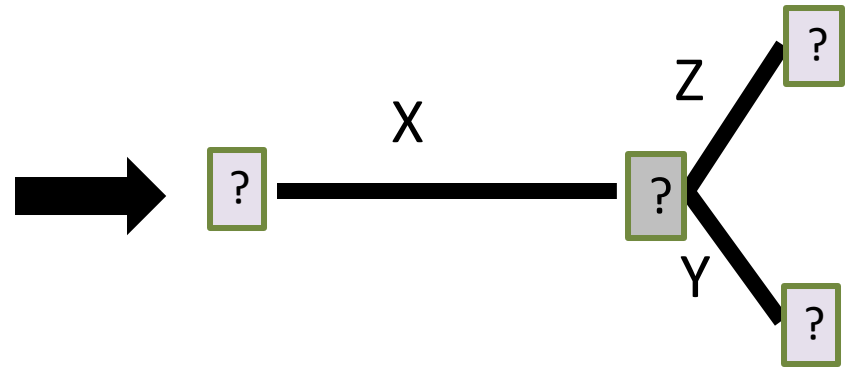
Bootstrap Paramétrico

		To:			
		A	C	G	T
From:	A	$1/4 + 3/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$
	C	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 + 3/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$
	G	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 + 3/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$
	T	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 + 3/4e^{-4/3\mu t}$

$$X = 0.05$$

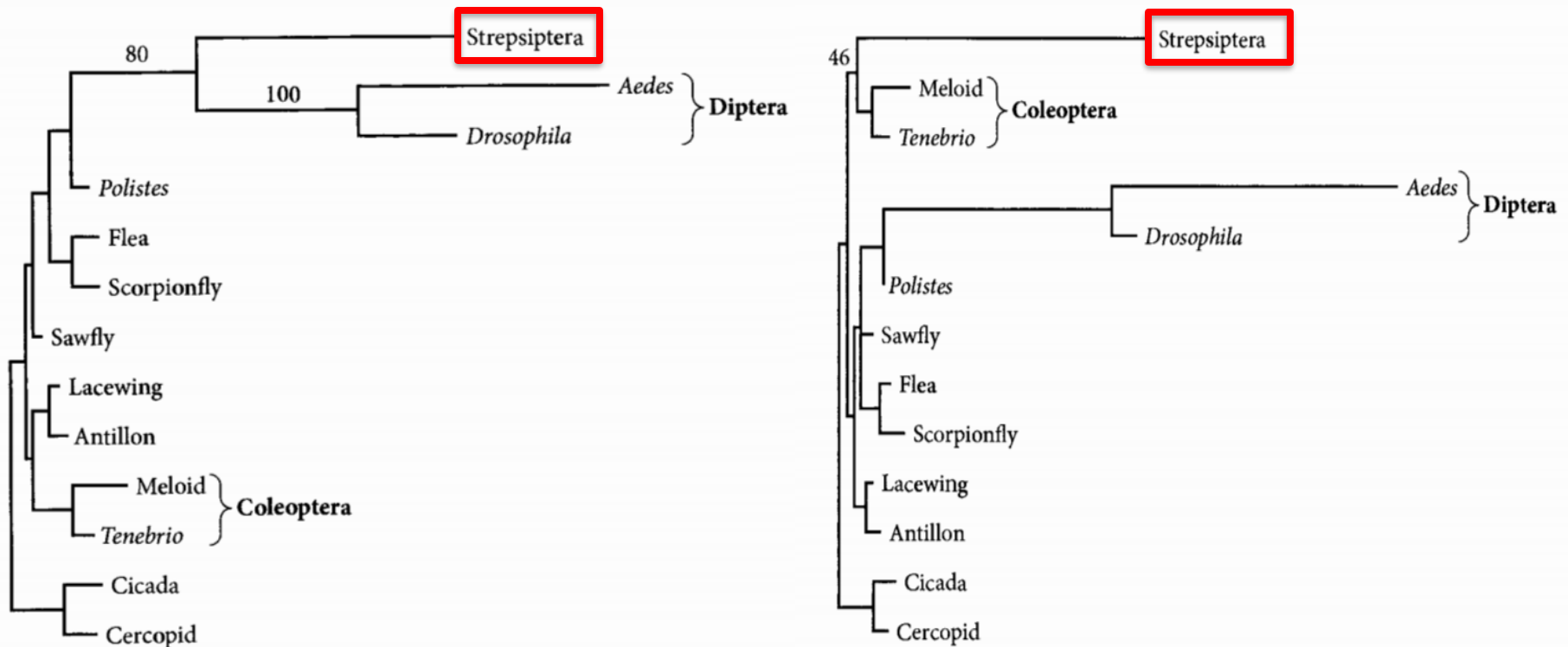
$$Y = 0.02$$

$$Z = 0.1$$



PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Bootstrap Paramétrico: para probar hipótesis



PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

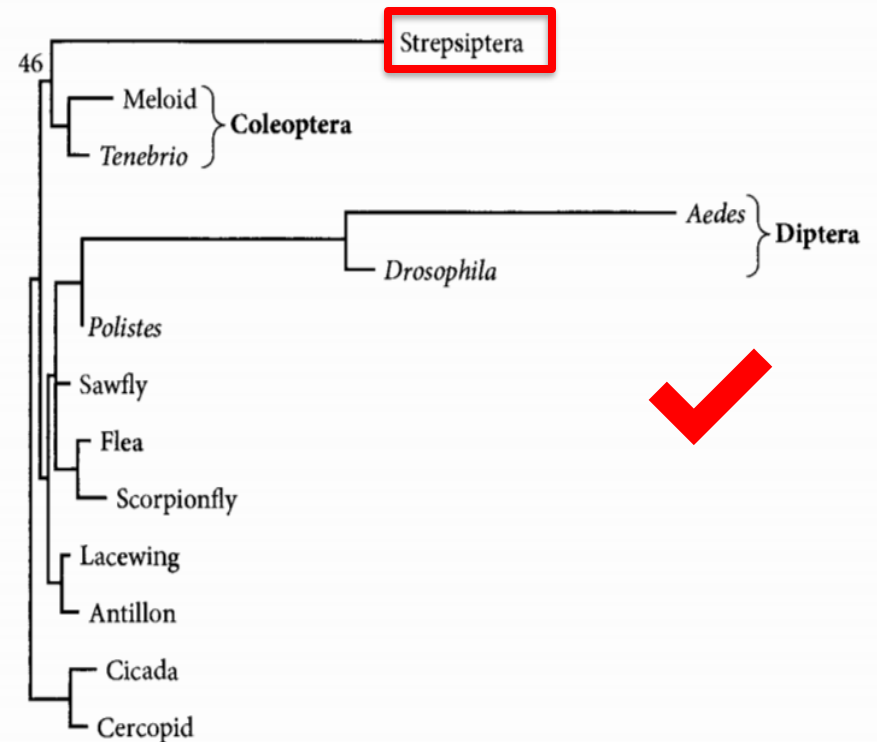
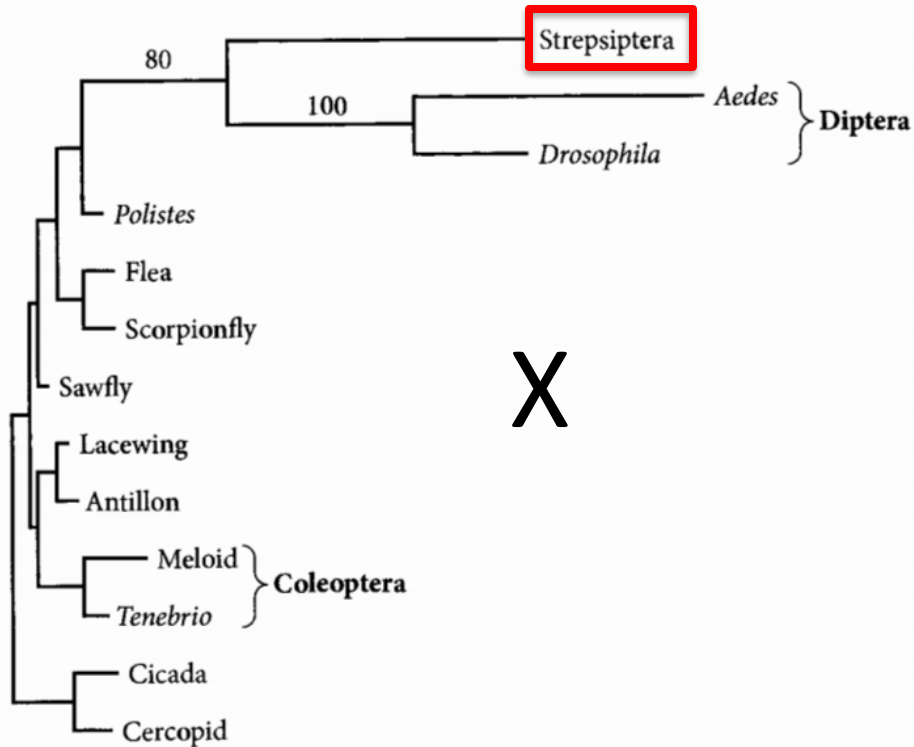
Comparación de conjuntos de datos (topologías)

- Kishino-Hasegawa (KH) test (compara árboles *a priori*)
- Shimodaira-Hasegawa (HS) test
- Approximately Unbiased Test (AU)

H₀ = Todos los árboles (incl. el ML) están igualmente soportados por los datos

H_A = Algunos o todos los árboles NO están igualmente soportados por los datos

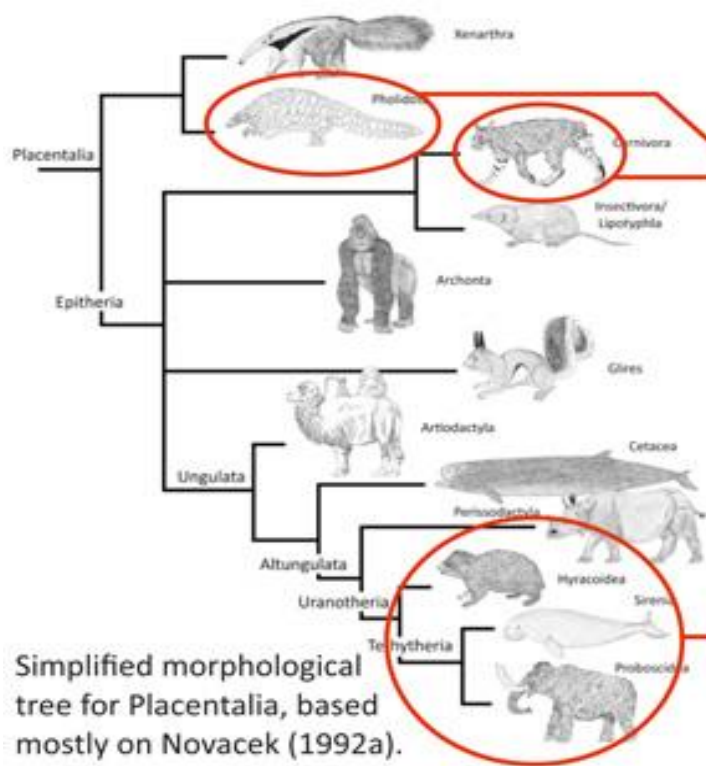
PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS



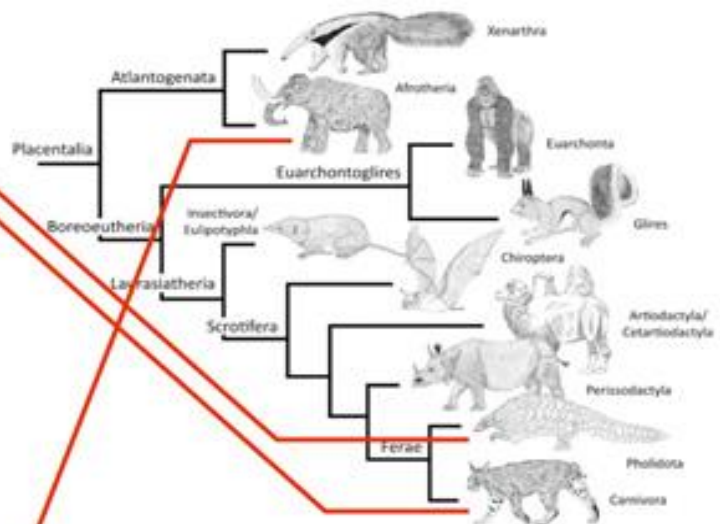
CONFLICTO EN HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Particiones a veces generan hipótesis conflictivas

- Morfología vs. molecular
- Genomas diferentes
- Genes codificadores y no codificadores
- Posiciones en codón
- Intrón vs. exón
- Proteína intra vs. extracelular



Simplified morphological tree for Placentalia, based mostly on Novacek (1992a).

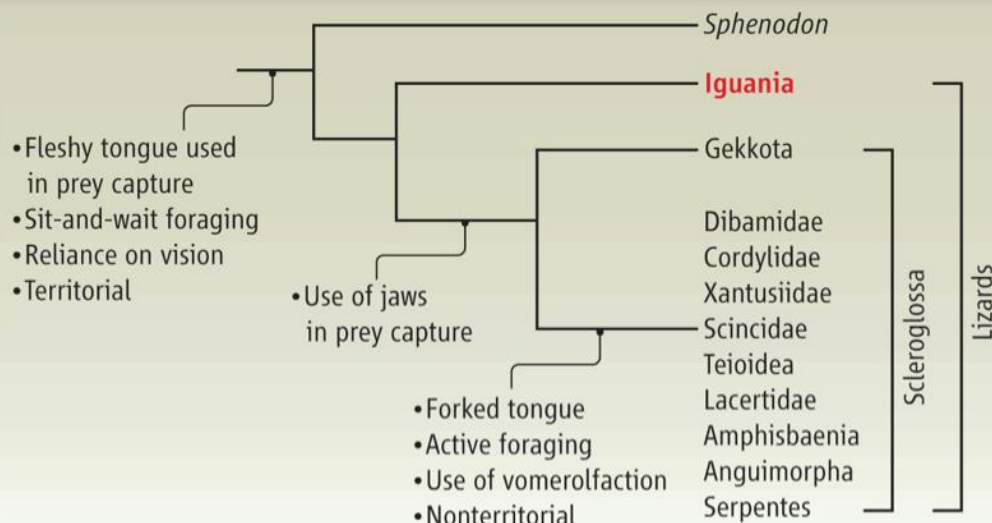


Simplified molecular tree for Placentalia, based mostly on Amrine-Madsen *et al.* (2003) and Asher *et al.* (2009).

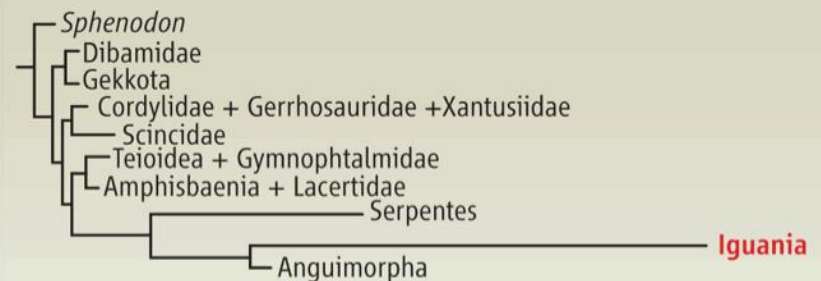
Darren Naish – Tetrapod Zoology

<http://blogs.scientificamerican.com/tetrapod-zoology/>

A MORPHOLOGICAL PHYLOGENY



B MOLECULAR PHYLOGENY

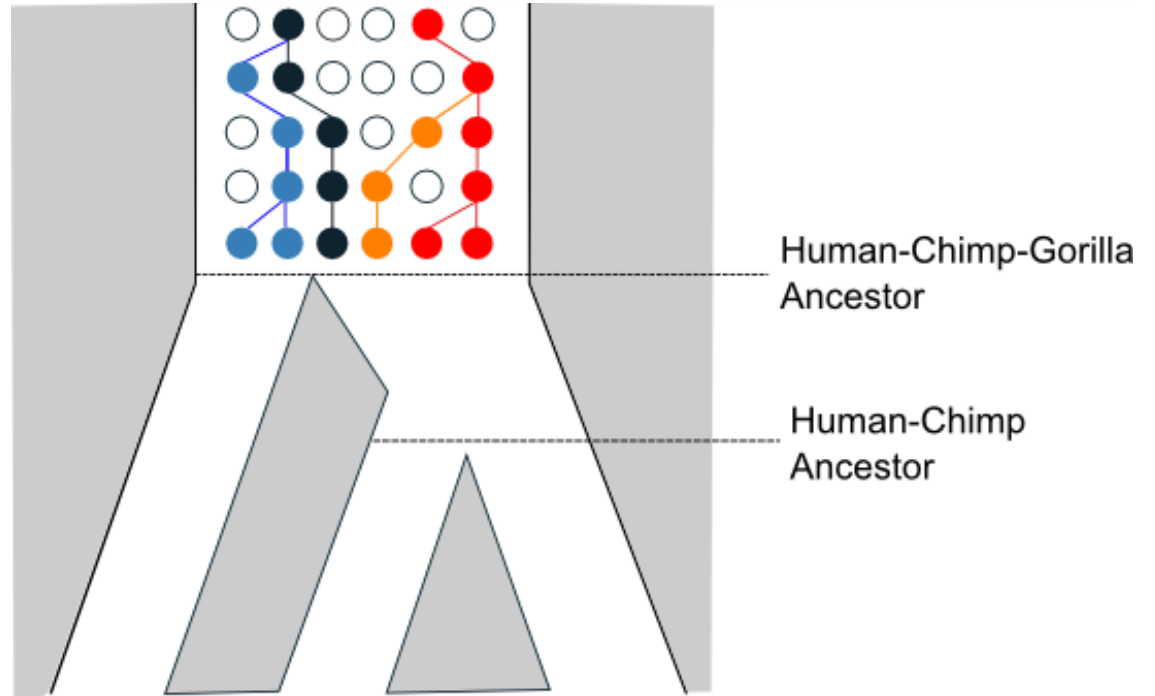
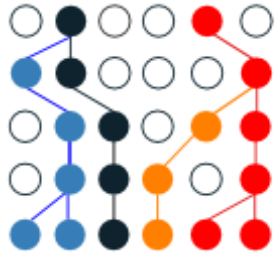


CONFLICTO EN HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

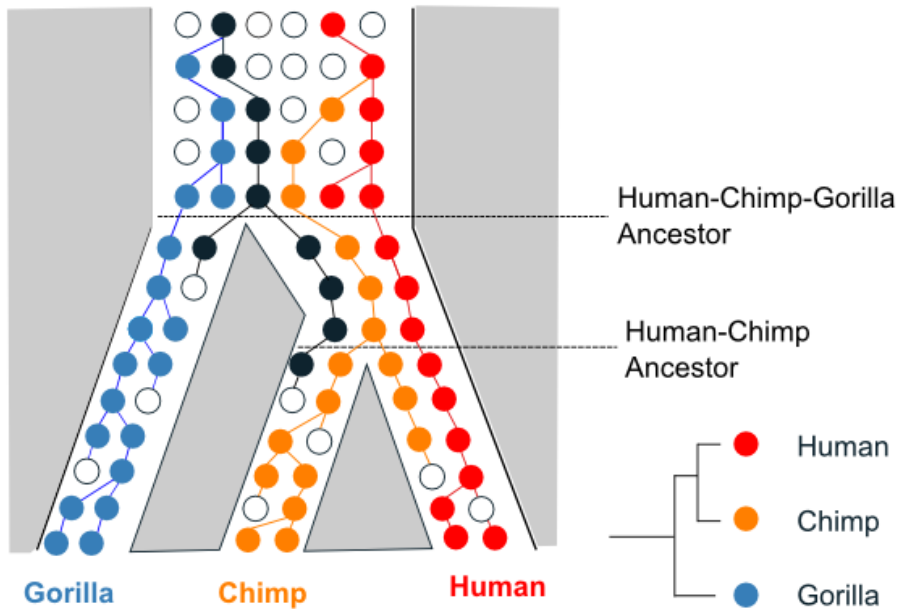
Razones de conflicto

- Metodológicas
 - Contaminación
 - Mala identificación
 - Errores de laboratorio/computacional
 - Genes parálogos
- Biológicas:
 - Separación incompleta de linajes
 - Introgresión
 - Transferencia Horizontal de genes

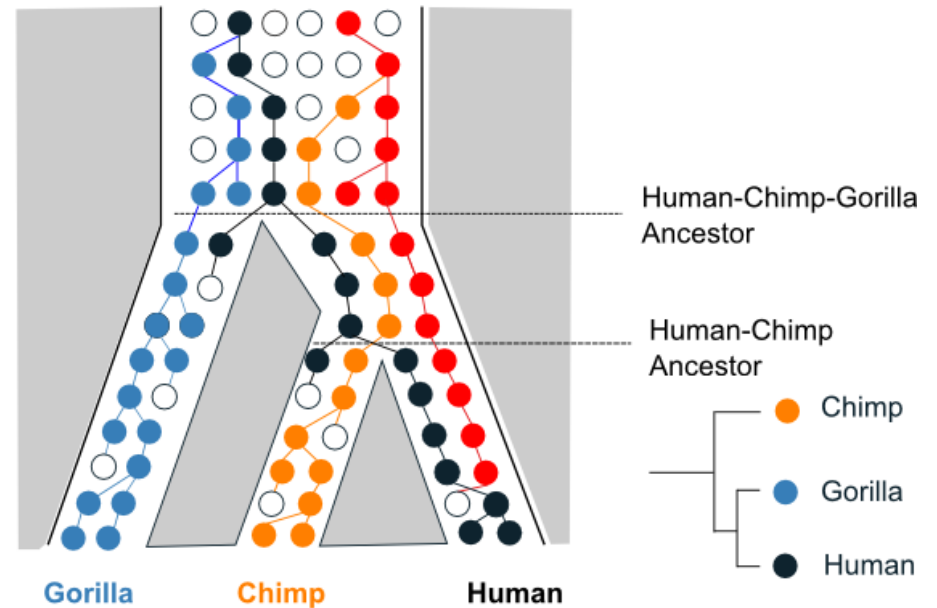
SEPARACIÓN INCOMPLETA DE LINAJES



SEPARACIÓN INCOMPLETA DE LINAJES

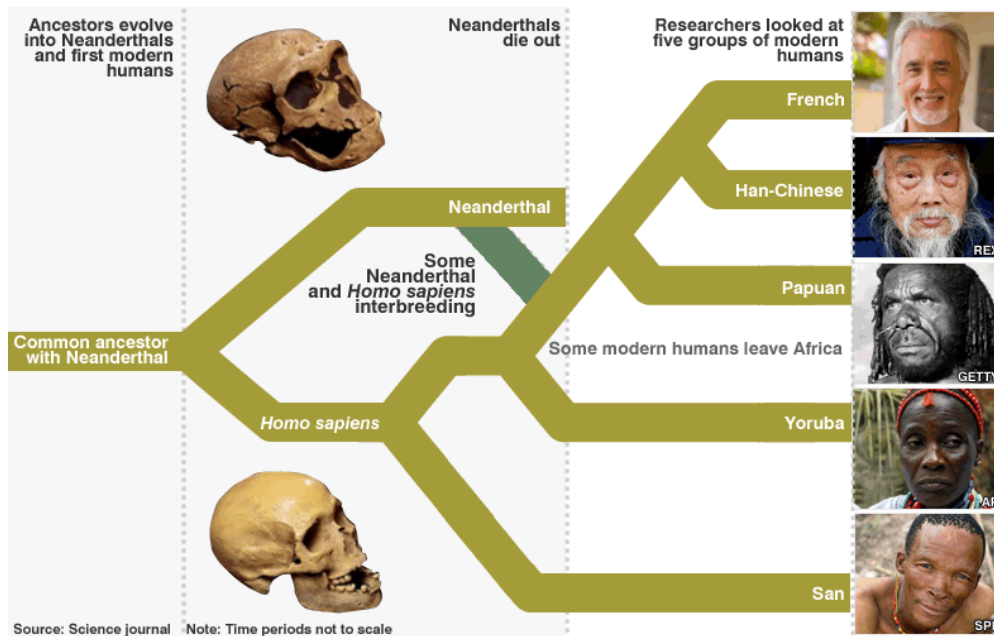


Separación completa



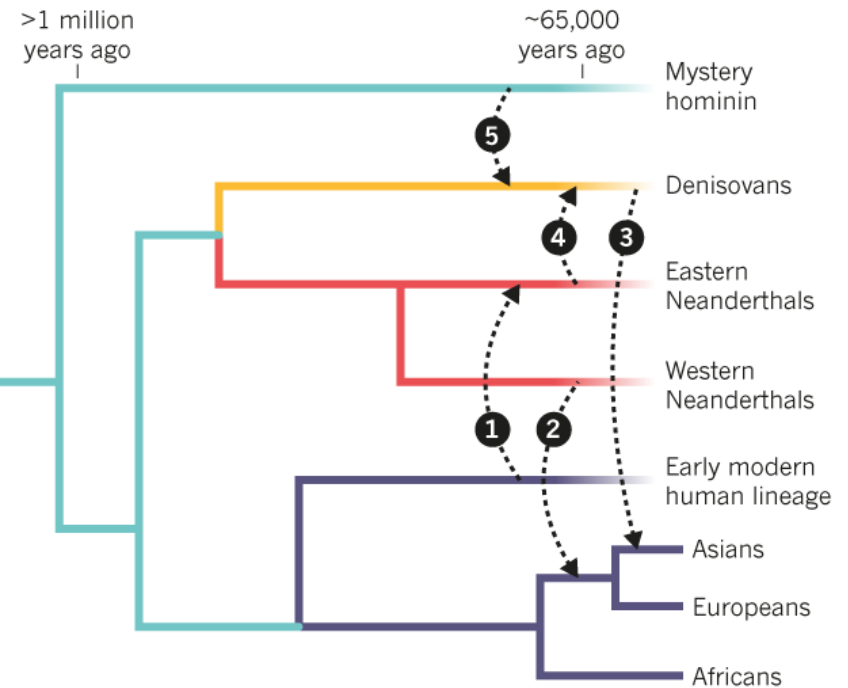
Separación incompleta

INTROGRESIÓN

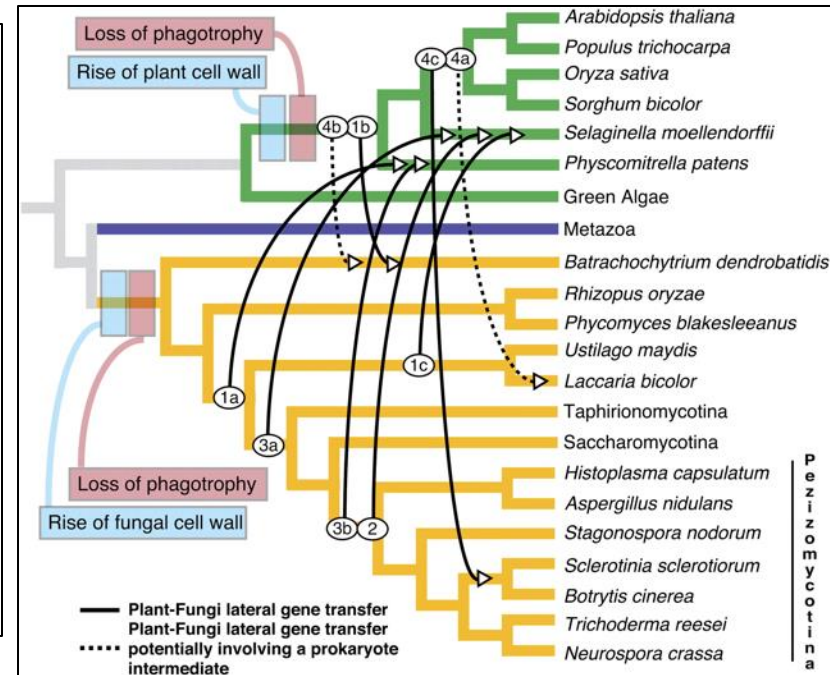
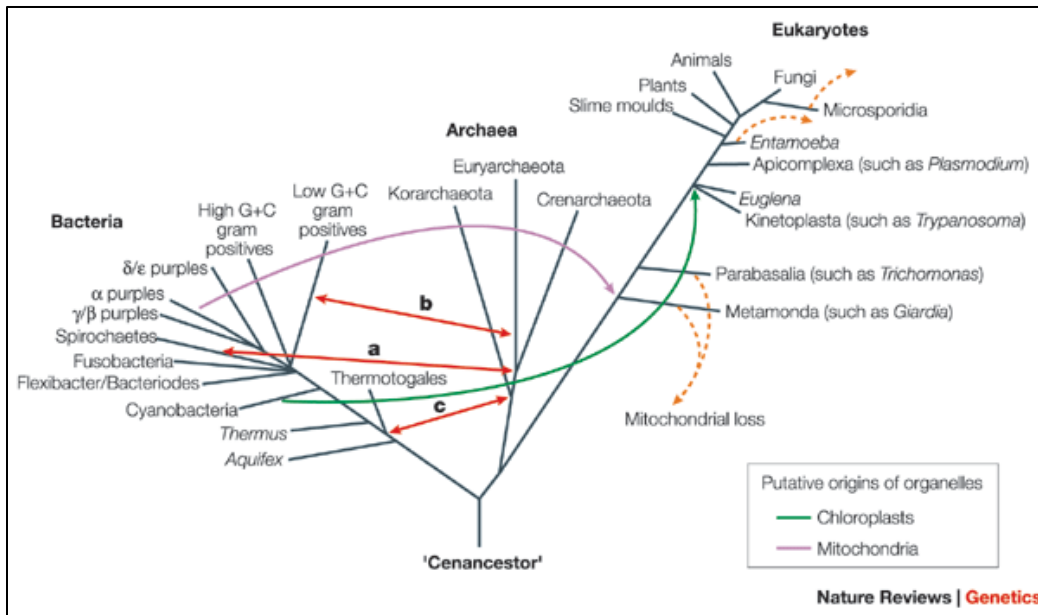


A HISTORY OF INTERBREEDING

Early modern humans, Denisovans, and Neanderthals all interbred with each other on multiple occasions in the past 100,000 years.



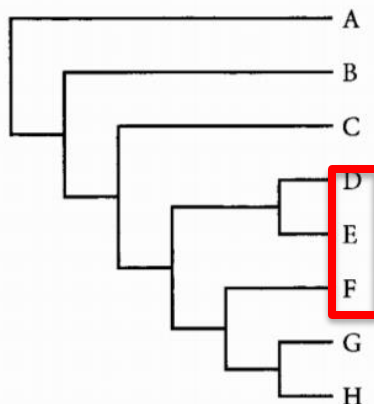
TRANSFERENCIA HORIZONTAL DE GENES



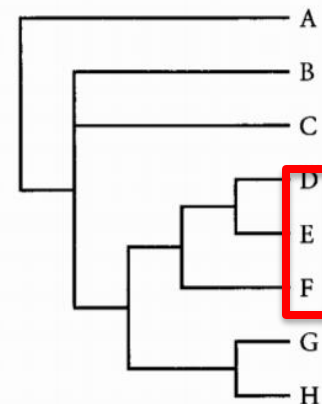
PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos

Partition 1		Partition 2	
A	TTTAGATCTCACAATTTTCGTGGGCAACATCACTTGCCAGA	GACGTAATCACCCAAGCCCGTTGCCCTCEGGAAACGACGTG	GACGTAGGTACCCAAGCCCCCTTGCCCTTGGTAAACGACGTG
B	TTTAGATTTTACAAGTTCGTGGGCAACGTCACCTTACCAGA	GACGTAATCACCTAAGTCCCTTGCGTCCGTAAACGACGCG	GACGCAACAATTAAAGCCCTTTGTACGCGGAAACCGCGTG
C	TTTAGATTTTACAAGTTCGAGGGGAGCACGACTTGTCAAA	GACGCAACAATAAACCCCTTTGTACGCGGAAACCGCGTG	GACGTAACCACTGAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG
D	TTCATACCCTACGAGGTCATGGGCATCACGACTTATCAGA	AACGTAACAATAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG	GACGTAACCACTAAGCCCCCGGTCTCGCGTGATGACGTG
E	TTCAAATTTGACGACTTCGTGGGCATGACGACTTATCAGT	GACGTAACCACTAAGCCCCCGGTCTCGCGTGATGACGTG	GACCTAACCCTAAGCCCCCGGTCTCGCGGATGACGTG
F	TTTCGGGCTTTAGTAGTCCCTGGGCAGCACAATTAGTCGTA		
G	TTTAAGTCTCAGGAATCGCTAGGCAGCACAATTTGTCTTA		
H	TTCAGGTTTCAAGAATCGTTGGGCAGCACAATTTGTCCTA		



Single MP tree from partition 1

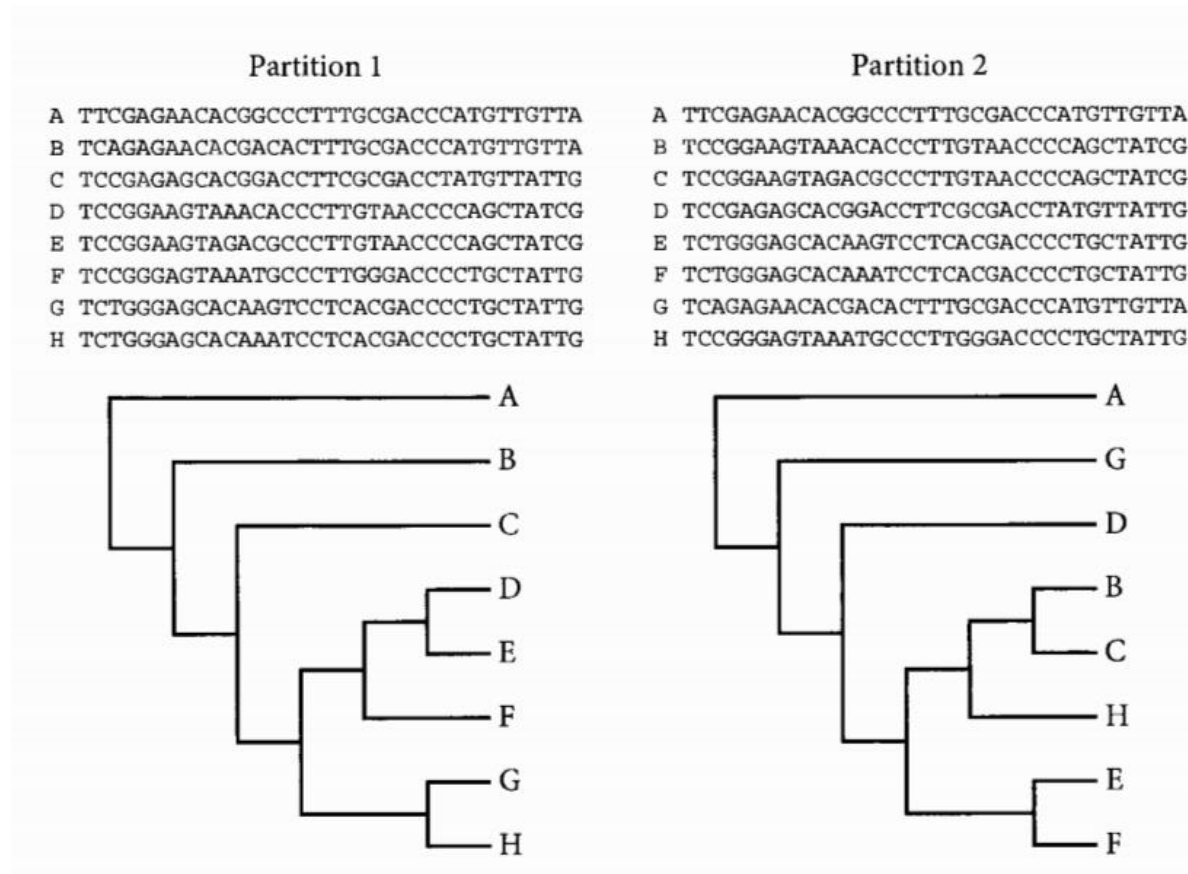


Consensus of three MP trees from partition 2

PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos (matriz)

- Homogeneidad de las particiones (ILD test)



PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos (matriz)

- Homegeneidad de las particiones (ILD test)

1221212211121221211221212112122121221112121221212212111212112122112221 ←

A TTCGAGAACACGGCCCTTTGCGACCCATGTTGTTATTCGAGAACACGGCCCTTTGCGACCCATGTTGTTA

B TCAGAGAACACGACACTTTGCGACCCATGTTGTTATCCGGAAGTAAACACCCTTGTAACCCCAGCTATCG

C TCCGAGAGCACGGACCTTCGCGACCTATGTTATTGTCCGGAAGTAGACGCCCTTGTAACCCCAGCTATCG

D TCCGGAAGTAAACACCCTTGTAACCCCAGCTATCGTCCGAGAGCACGGACCTTCGCGACCTATGTTATTG

E TCCGGAAGTAGACGCCCTTGTAACCCCAGCTATCGTCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTG

F TCCGGGAGTAAATGCCCTTGGGACCCCTGCTATTGTCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTG

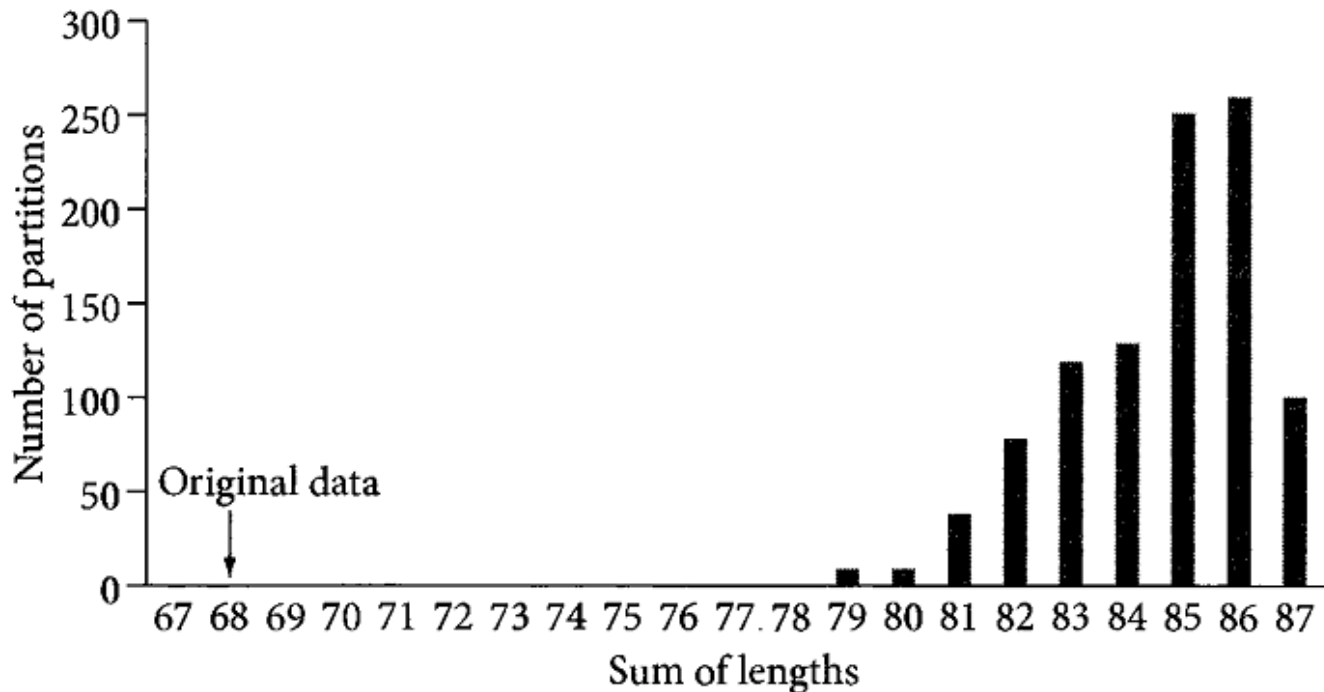
G TCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTGTCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTG

H TCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTGTCCGGGAGTAAATGCCCTTGGGACCCCTGCTATTG

PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos (matriz)

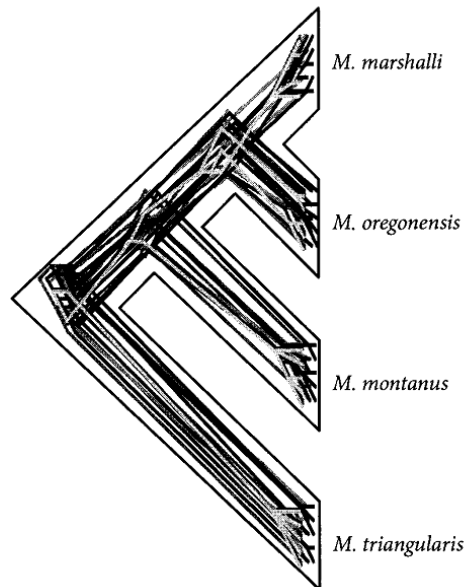
- Homegeneidad de las particiones (ILD test)



PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos

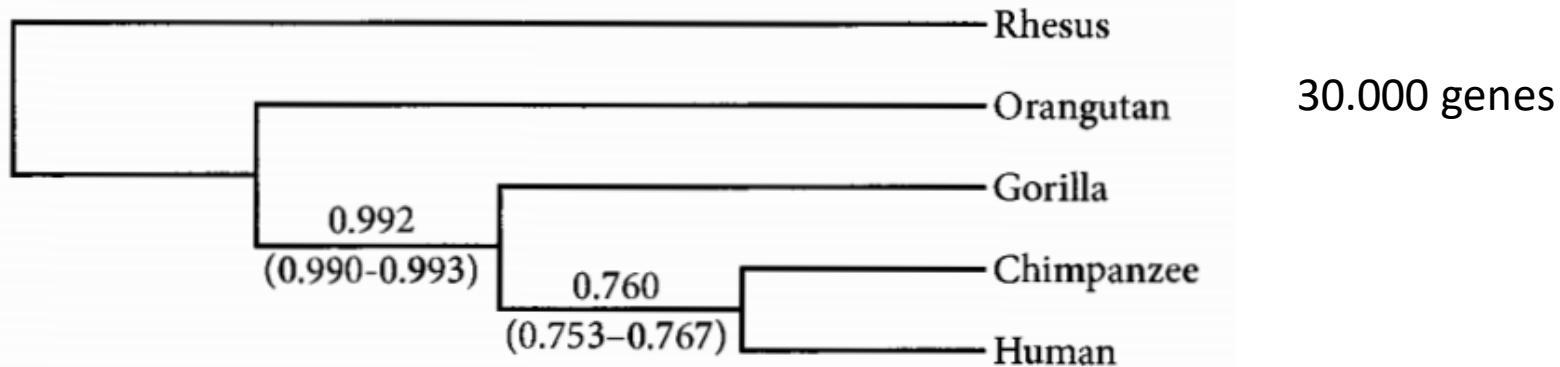
- Métodos para árboles de especies
 - Basados en parsimonia: Minimización de las coalescencias profundas



PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos

- Métodos para árboles de especies
 - Análisis Bayesiano de Concordancia (no limitado a sorteo incompleto de linajes)



Analisis Bayesiano de Concordancia

