

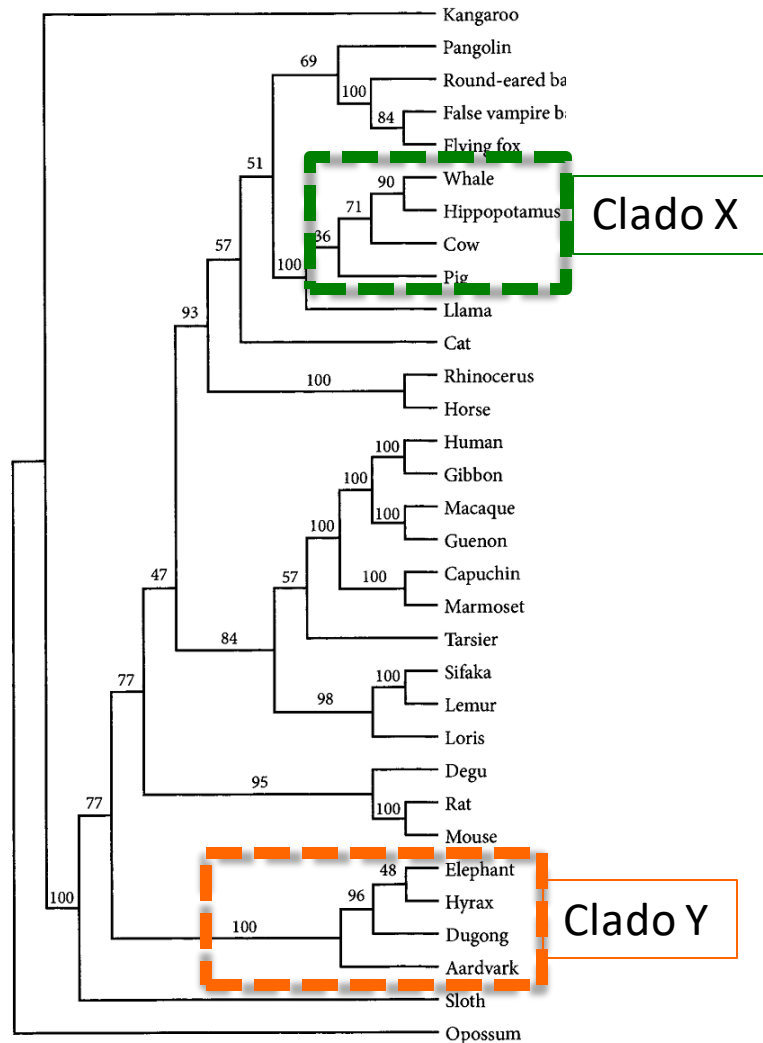
CONFIANZA EN HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

MEDIDAS DE SOPORTE DE LOS CLADOS

1. Índice de Decaimiento (Decay Index) o Soporte de Bremer

Long: 292 pasos

$\text{Ln}(\text{ML}) = -998.7$



Long: 294 pasos (DI=+2)

$\text{Ln}(\text{ML}) = -1001.0$ (DI=+2.3)

Long: 302 pasos (DI=+10)

$\text{Ln}(\text{ML}) = -1010.9$ (DI=+12.2)

MEDIDAS DE SOPORTE DE LOS CLADOS

2. Bootstrap No Paramétrico

Original data set

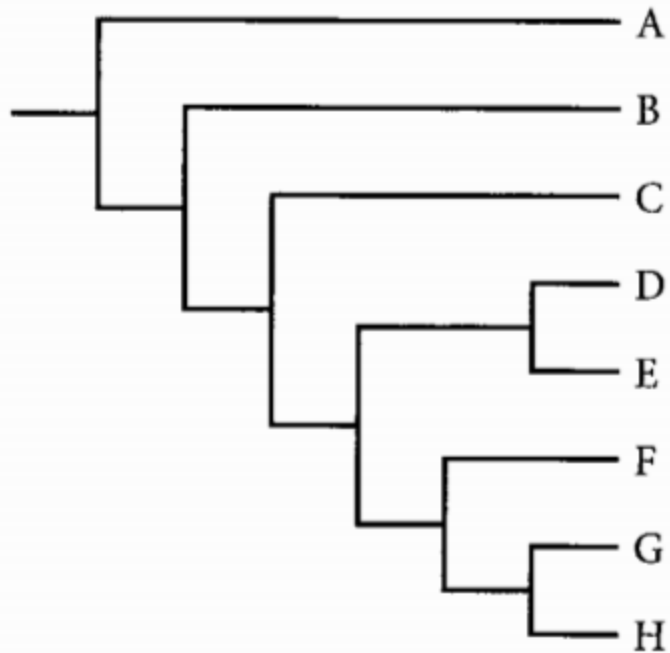
	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
A	T	T	T	C	C	T	T	T	C	A	G	G	T	A	T	T	A	T	G	A	G	A	T	A	C	G	T	A	C	T	G	A	A	A	A	A	G	T	C	C
B	T	T	T	C	C	T	T	T	T	A	G	G	T	T	T	G	A	T	G	A	G	A	T	A	C	A	T	T	A	C	G	A	A	A	G	A	G	T	C	A
C	T	T	T	G	C	T	T	C	T	C	G	G	T	A	C	T	A	C	A	A	T	A	T	A	T	A	T	A	C	C	A	G	A	A	A	A	G	T	C	A
D	T	T	T	G	C	T	T	C	C	G	A	C	T	A	C	A	A	A	G	G	C	A	T	A	C	G	T	A	G	C	T	G	A	A	A	A	G	G	C	G
E	C	T	T	G	C	C	T	A	C	T	G	T	T	G	C	A	A	T	A	A	T	A	T	A	C	G	A	A	G	C	T	A	A	A	A	A	G	T	C	G
F	T	T	C	G	T	C	C	C	C	G	G	C	T	A	C	A	A	T	G	G	T	A	T	A	T	G	T	A	C	T	C	G	A	A	A	A	G	A	T	G
G	G	T	T	G	T	T	T	C	C	G	G	C	T	A	C	A	G	T	G	A	T	A	T	A	C	G	T	A	C	C	C	G	A	G	A	A	C	T	T	G
H	T	T	T	A	T	T	T	C	C	G	G	C	T	A	C	A	G	T	G	A	T	A	T	A	C	G	T	G	C	C	C	G	A	G	A	A	G	T	T	G

Bootstrap data set

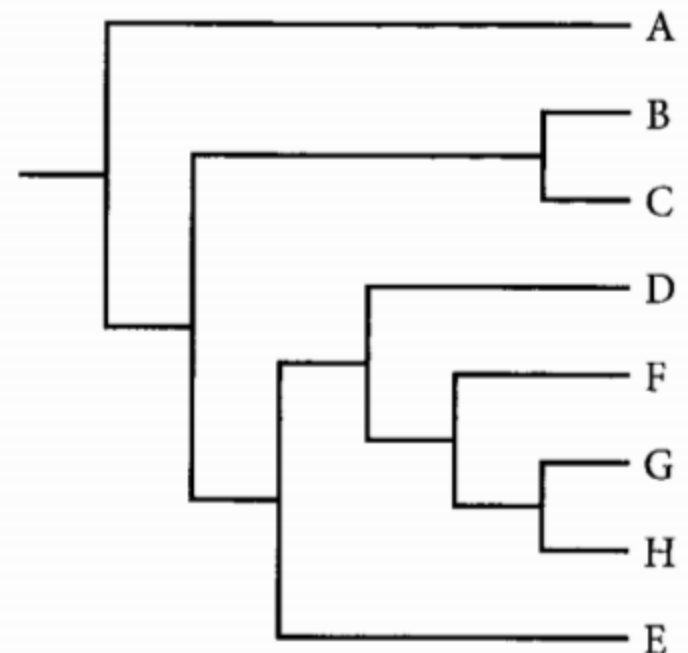
	02	39	35	22	36	31	40	05	16	23	15	35	35	40	03	06	24	33	06	07	14	20	35	01	36	09	13	22	11	25	26	33	03	09	16	20	08	18	17	32
A	T	C	A	A	A	G	C	C	T	T	T	A	A	C	T	T	A	A	T	T	A	A	A	T	A	C	T	A	G	C	G	A	T	C	T	A	T	T	A	A
B	T	C	G	A	A	G	A	C	G	T	T	G	G	A	T	T	A	A	T	T	T	A	G	T	A	T	T	A	G	C	A	A	T	T	G	A	T	T	A	A
C	T	C	A	A	A	A	A	C	T	T	C	A	A	A	T	T	A	A	T	T	A	A	A	T	A	T	T	A	G	T	A	A	T	T	T	A	C	C	A	G
D	T	C	A	A	A	T	G	C	A	T	C	A	A	G	T	T	A	A	T	T	A	G	A	T	A	C	T	A	A	C	G	A	T	C	A	G	C	A	A	G
E	T	C	A	A	A	T	G	C	A	T	C	A	A	G	T	C	A	A	C	T	G	A	A	C	A	C	T	A	G	C	G	A	T	C	A	A	A	T	A	A
F	T	T	A	A	A	C	G	T	A	T	C	A	A	G	C	C	A	A	C	C	A	G	A	T	A	C	T	A	G	T	G	A	C	C	A	G	C	T	A	G
G	T	T	A	A	A	C	G	T	A	T	C	A	A	G	T	T	A	A	T	T	A	A	A	G	A	C	T	A	G	C	G	A	T	C	A	A	C	T	G	G
H	T	T	A	A	A	C	G	T	A	T	C	A	A	G	T	T	A	A	T	T	A	A	A	T	A	C	T	A	G	C	G	A	T	C	A	A	C	T	G	G

MEDIDAS DE SOPORTE DE LOS CLADOS

2. Bootstrap No Paramétrico



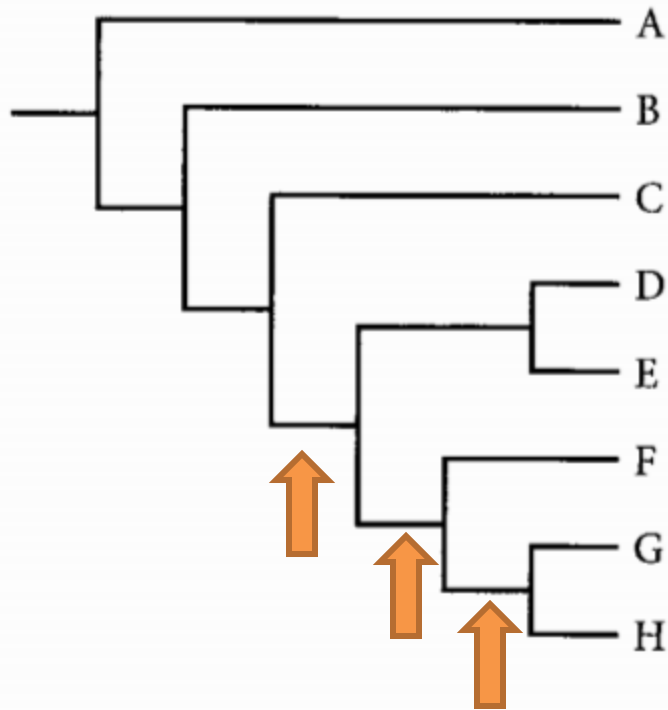
a



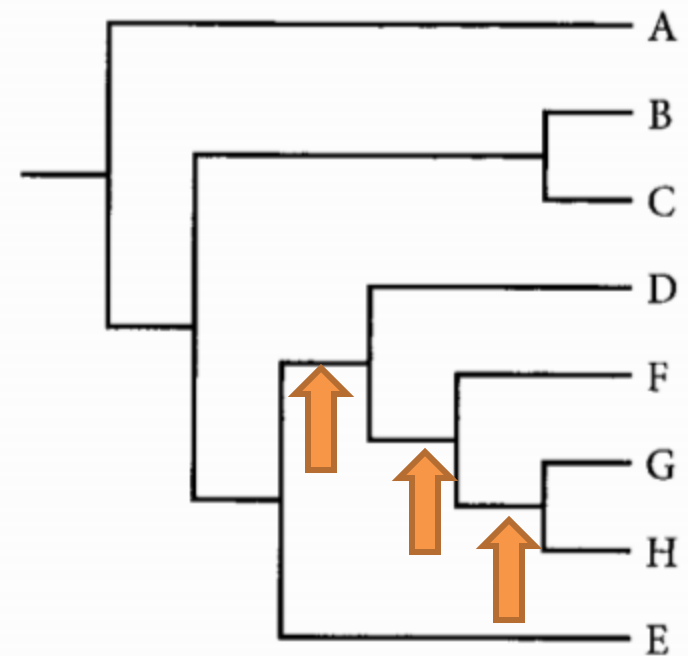
b

MEDIDAS DE SOPORTE DE LOS CLADOS

2. Bootstrap No Paramétrico



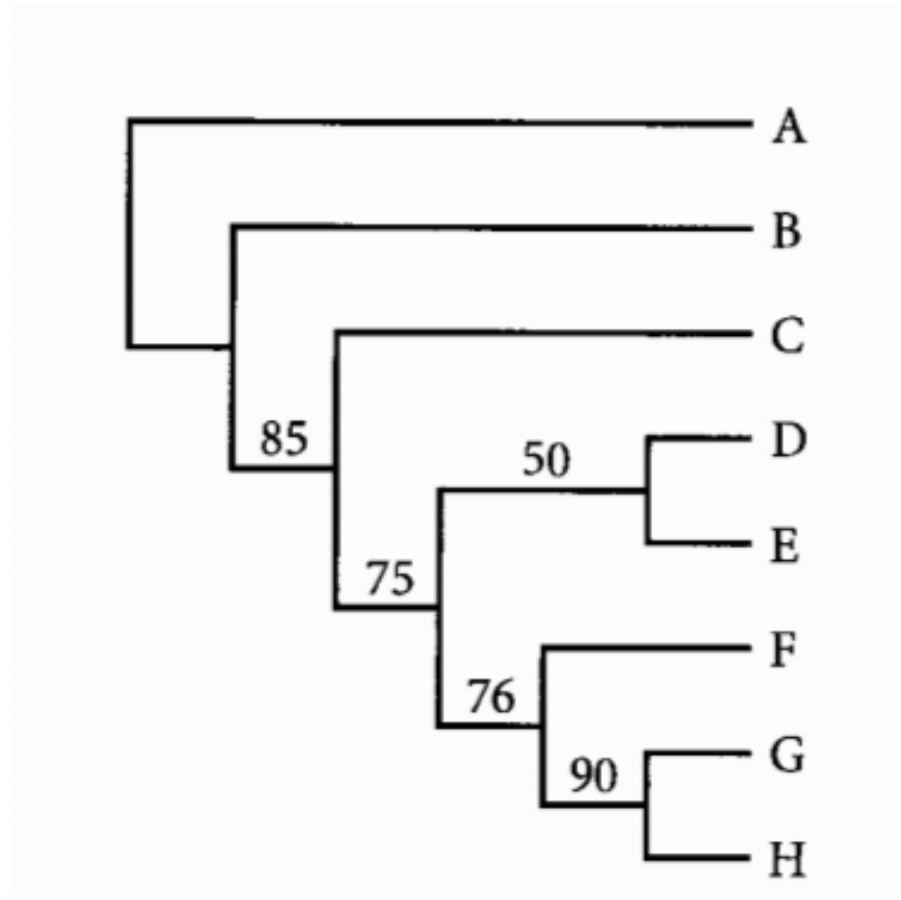
a



b

MEDIDAS DE SOPORTE DE LOS CLADOS

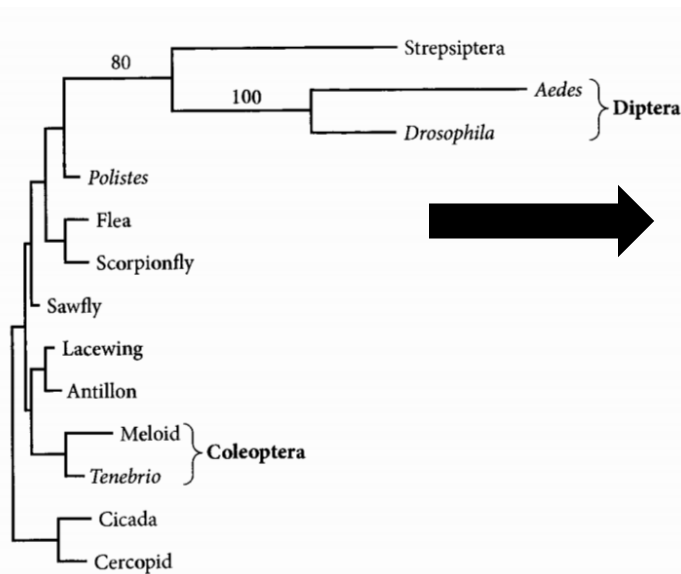
2. Bootstrap No Paramétrico



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

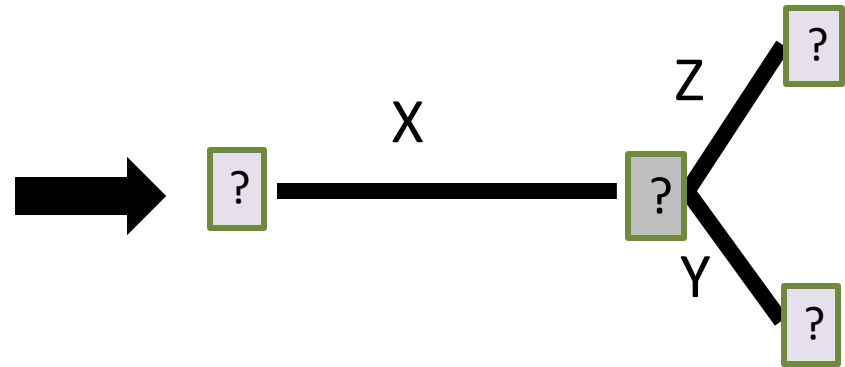
Bootstrap Paramétrico

		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	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 - 1/4e^{-4/3\mu t}$	$1/4 + 3/4e^{-4/3\mu t}$

$$X = 0.05$$

$$Y = 0.02$$

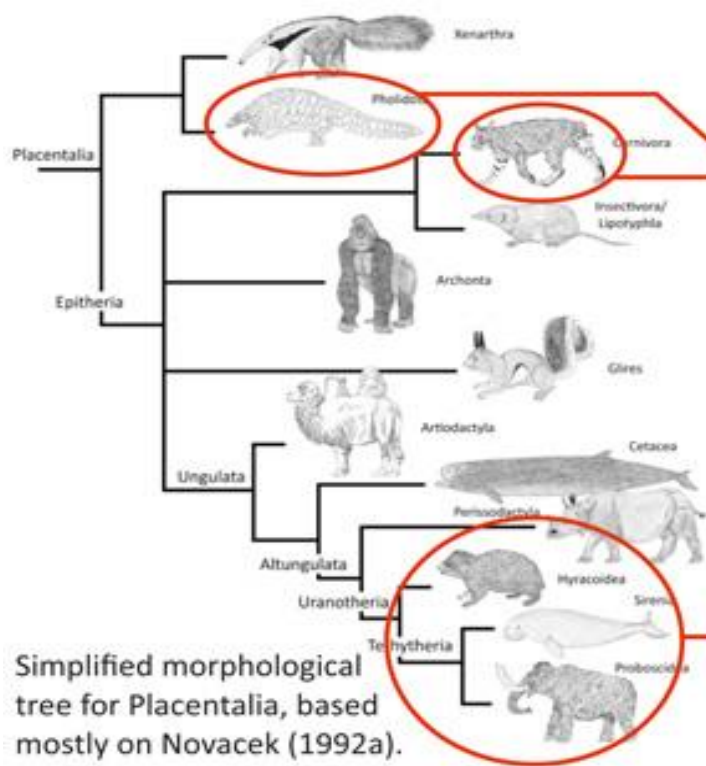
$$Z = 0.1$$



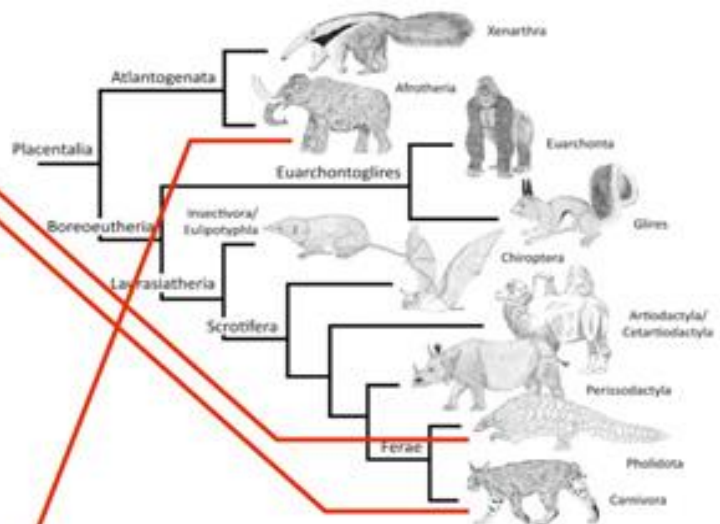
CONFLICTO EN HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

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).

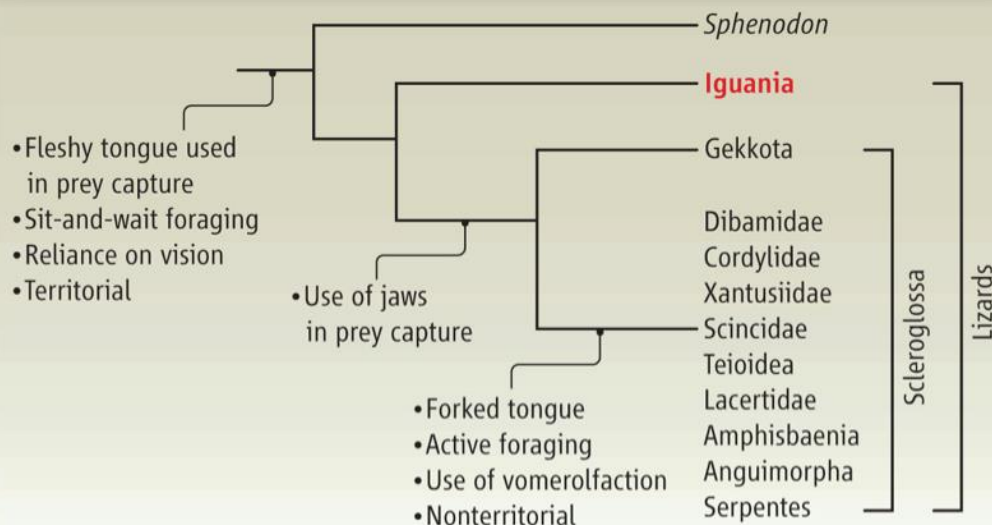


Simplified molecular tree for Placentalia, based mostly on Amrine-Madsen *et al.* (2003) and Asher *et al.* (2009).

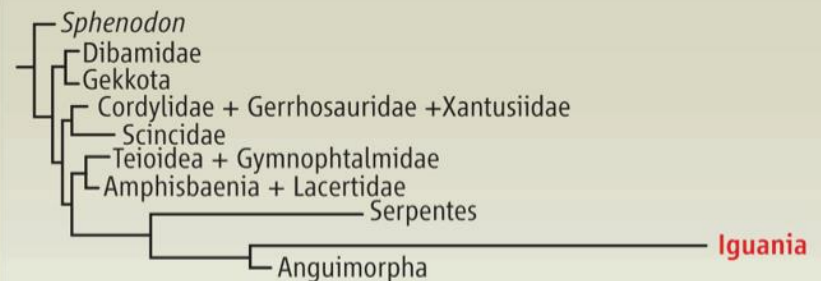
Darren Naish – Tetrapod Zoology

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

A MORPHOLOGICAL PHYLOGENY



B MOLECULAR PHYLOGENY

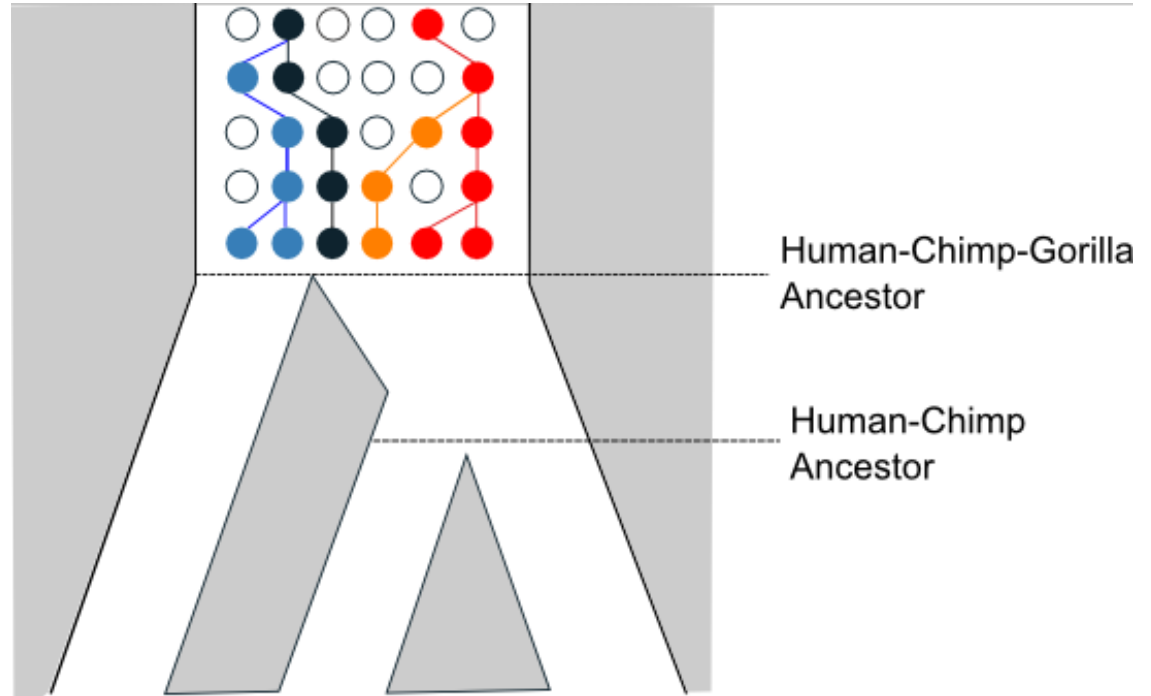
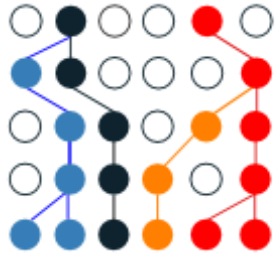


CONFLICTO EN HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

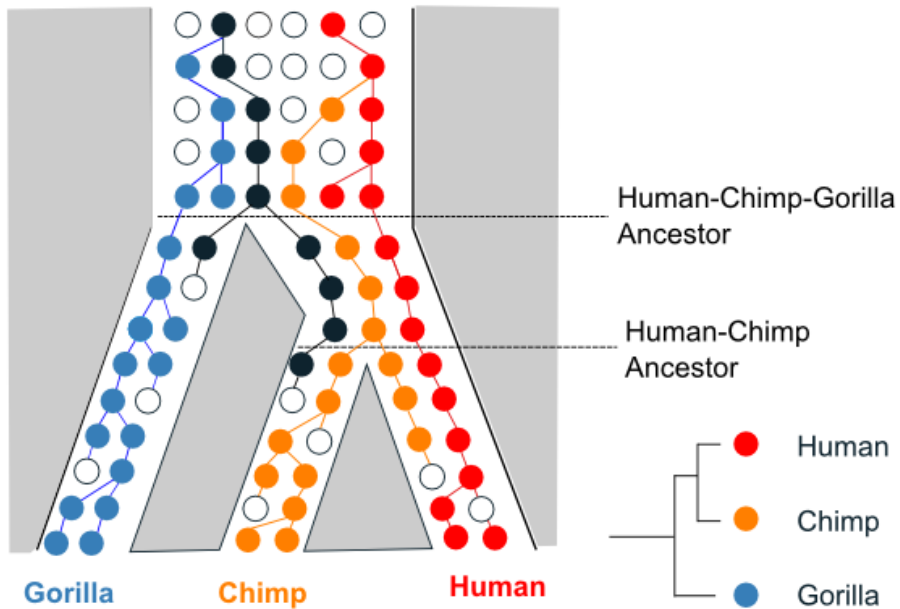
Razones de conflicto

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

SEPARACIÓN INCOMPLETA DE LINAJES

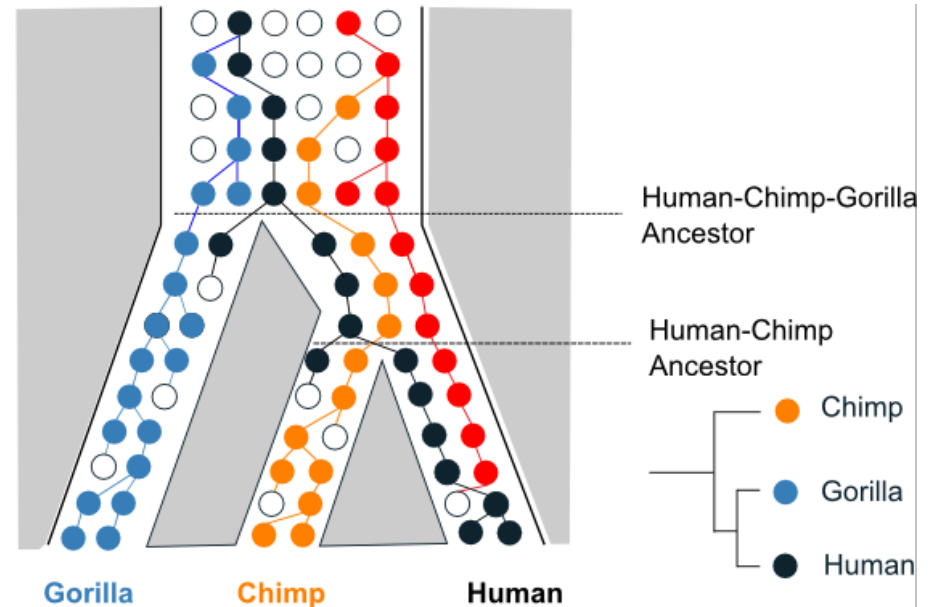


SEPARACIÓN INCOMPLETA DE LINAJES

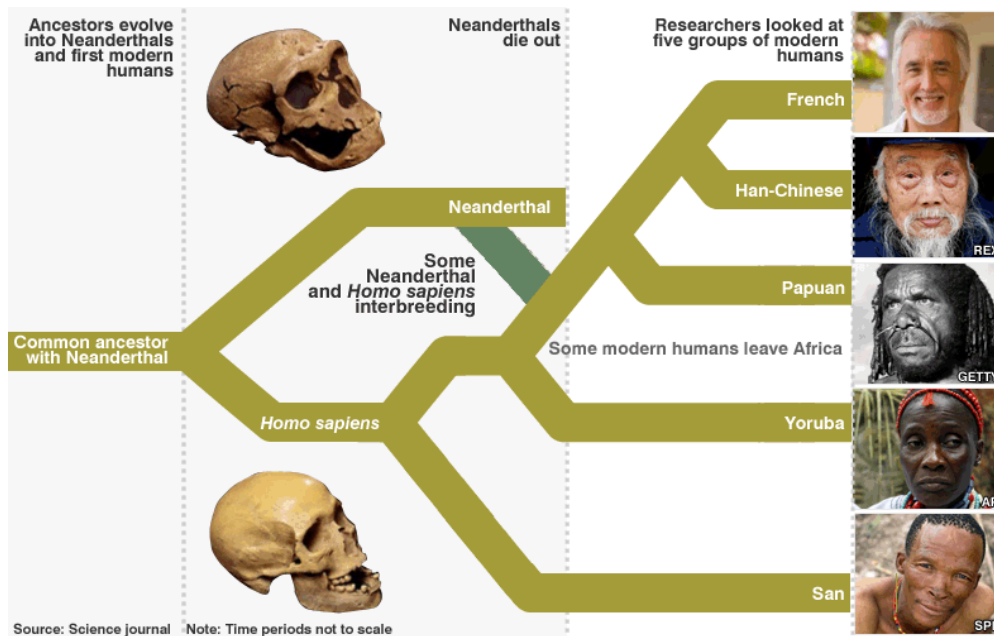


Separación completa

Separación incompleta

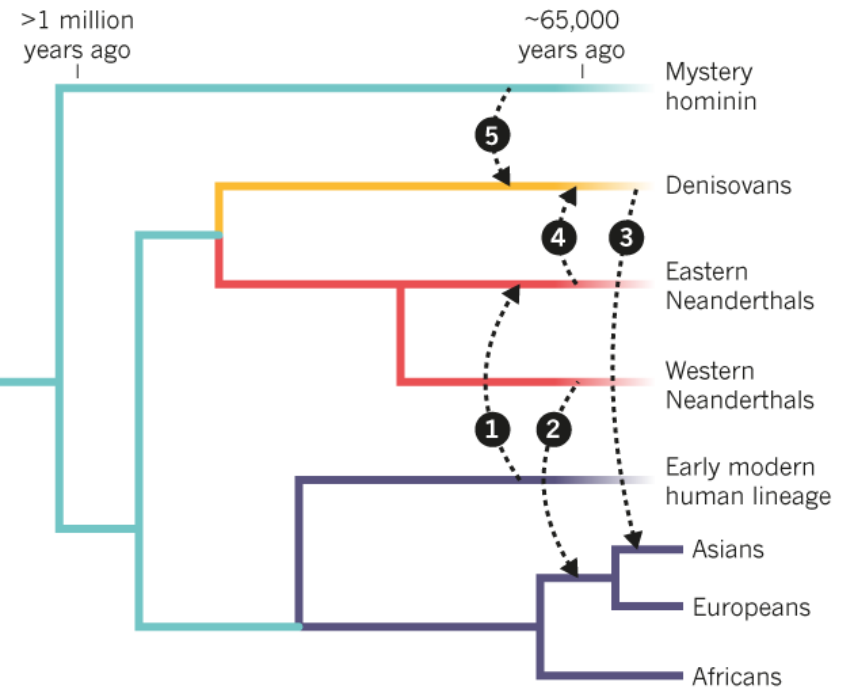


INTROGRESIÓN



A HISTORY OF INTERBREEDING

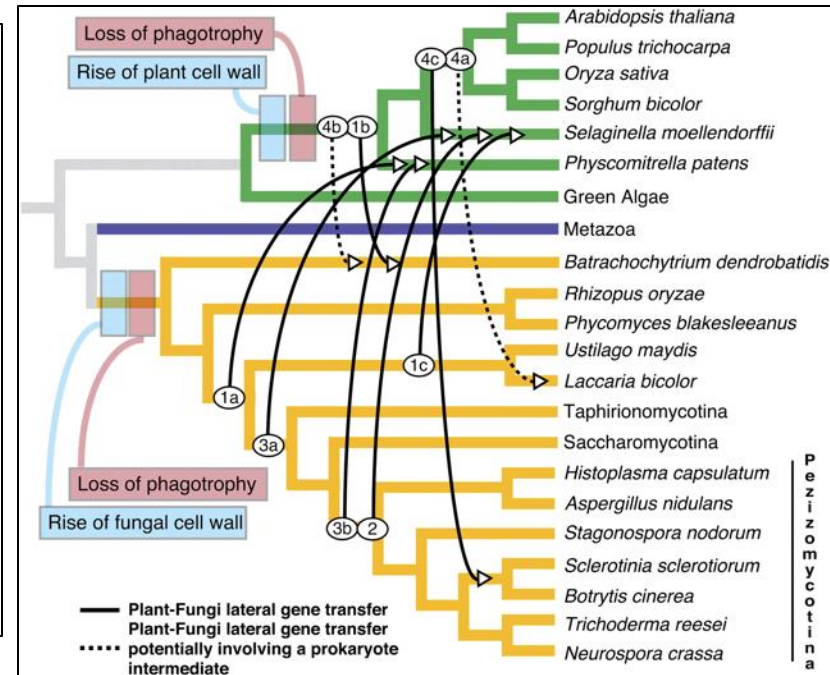
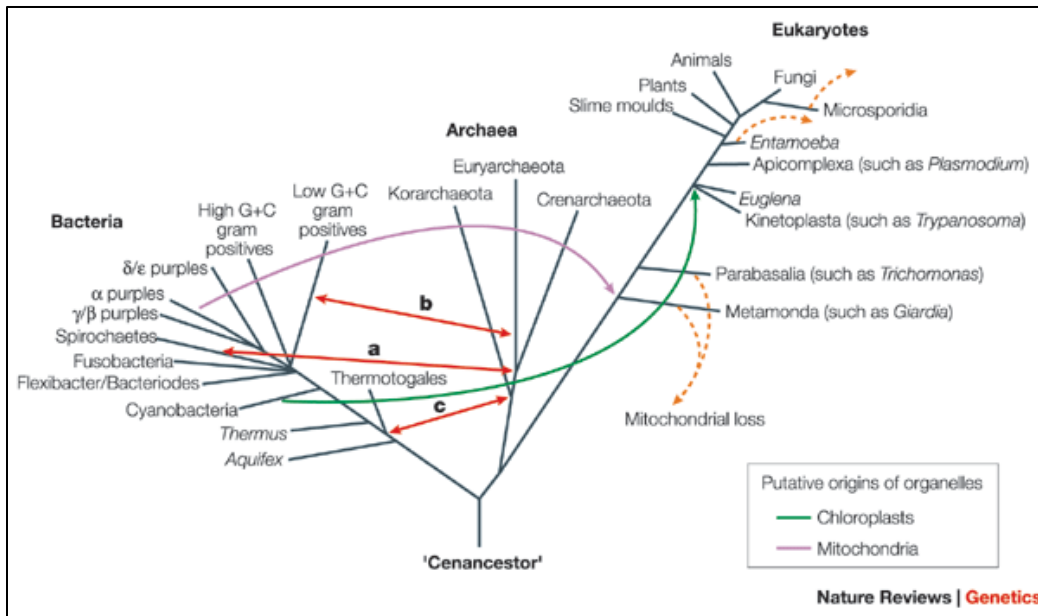
Early modern humans, Denisovans, and Neanderthals all interbred with each other on multiple occasions in the past 100,000 years.



---- Interbreeding episode/event

©nature

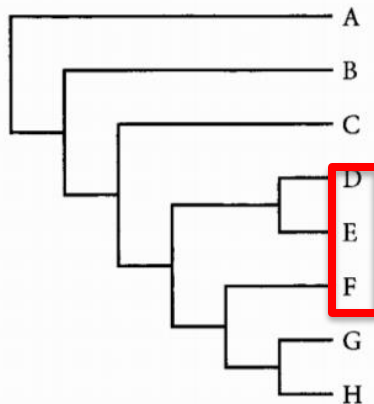
TRANSFERENCIA HORIZONTAL DE GENES



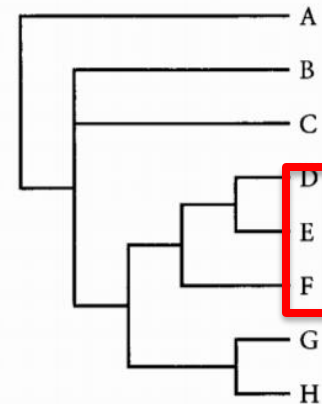
PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos

Partition 1		Partition 2	
A	TTTAGATCTCACAATTTTCGTGGGCAACATCACTTGCCAGA	GACGTAATCACCCAAGCCCGTTGCCCTCEGGAAACGACGTG	GACGTAGGTACCCAAGCCCCCTTGCCCTTGGTAAACGACGTG
B	TTTAGATTTTACAAGTTCGTGGGCAACGTCCTTACCAGA	GACGTAATCACCTAAGTCCCTTGCGTCCGTAAACGACGCG	GACGCAACAATTAAAGCCCTTTGTACGCGGAAACCGCGTG
C	TTTAGATTTTACAAGTTCGAGGGGAGCACGACTTGTCAA	GACGCAACAATAAACCCCTTTGTACGCGGAAACCGCGTG	AACGTAACAATAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG
D	TTCATACCCTACGAGGTCATGGGCATCACGACTTATCAGA	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG
E	TTCAAATTTGACGACTTCGTGGGCATGACGACTTATCAGT	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG
F	TTTCGGGCTTTAGTAGTCCCTGGGCAGCACAATTAGTCGTA	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG
G	TTTAAGTCTCAGGAATCGCTAGGCAGCACAATTTGTCTTA	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG
H	TTCAGGTTTCAAGAATCGTTGGGCAGCACAATTTGTCCTA	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG	GACGTAACCACTAAACCCCTTTGTTCGCGTAGACTGCATG



Single MP tree from partition 1

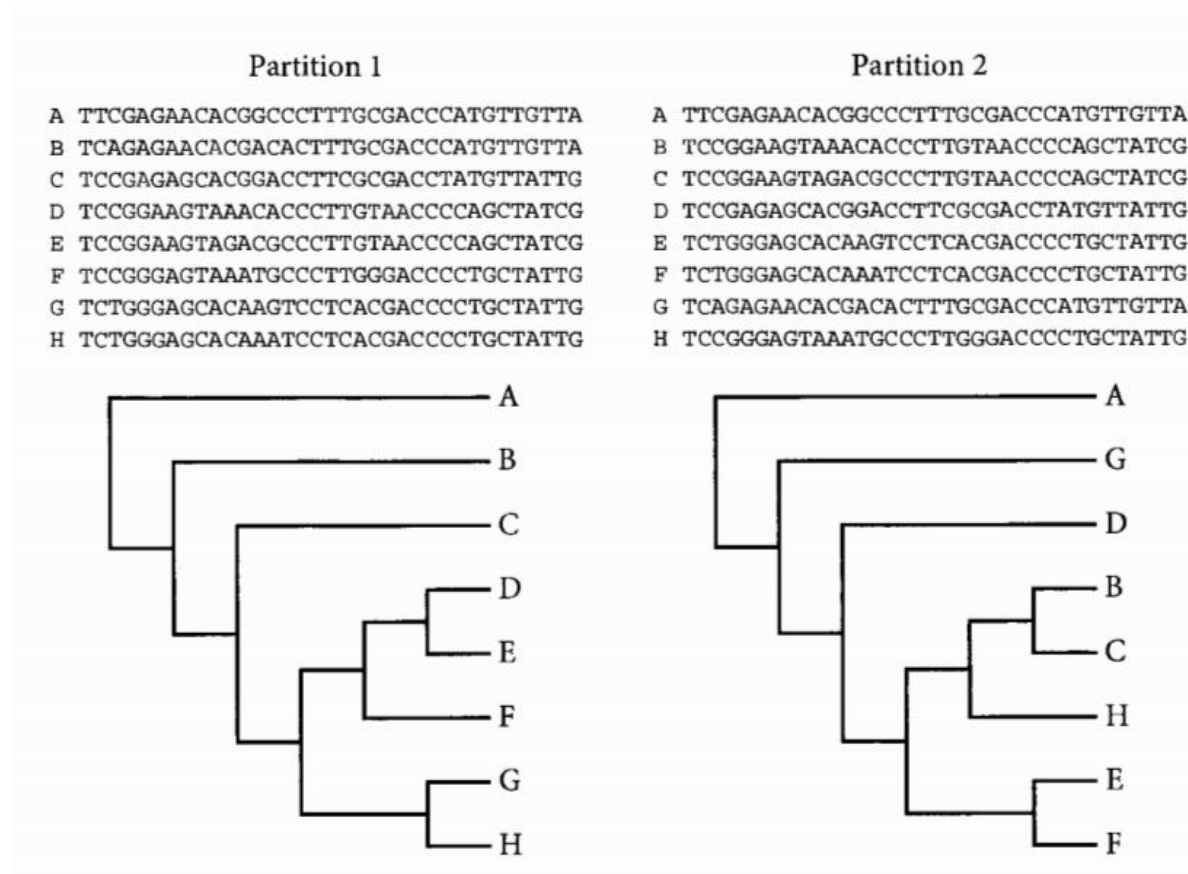


Consensus of three MP trees from partition 2

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

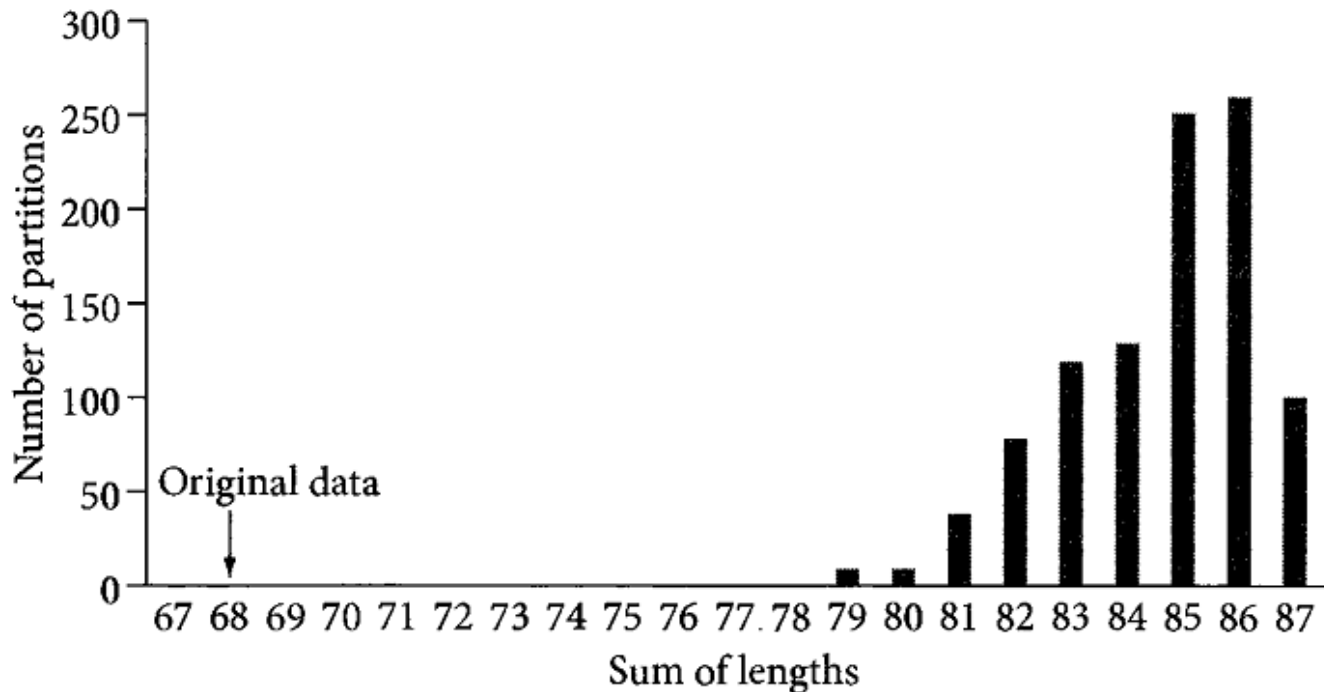
G TCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTGTCTAGAGAACACGACACTTTGCGACCCATGTTGTTA

H TCTGGGAGCACAAATCCTCACGACCCCTGCTATTGTCCGGGAGTAAATGCCCTTGGGACCCCTGCTATTG

PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos (matriz)

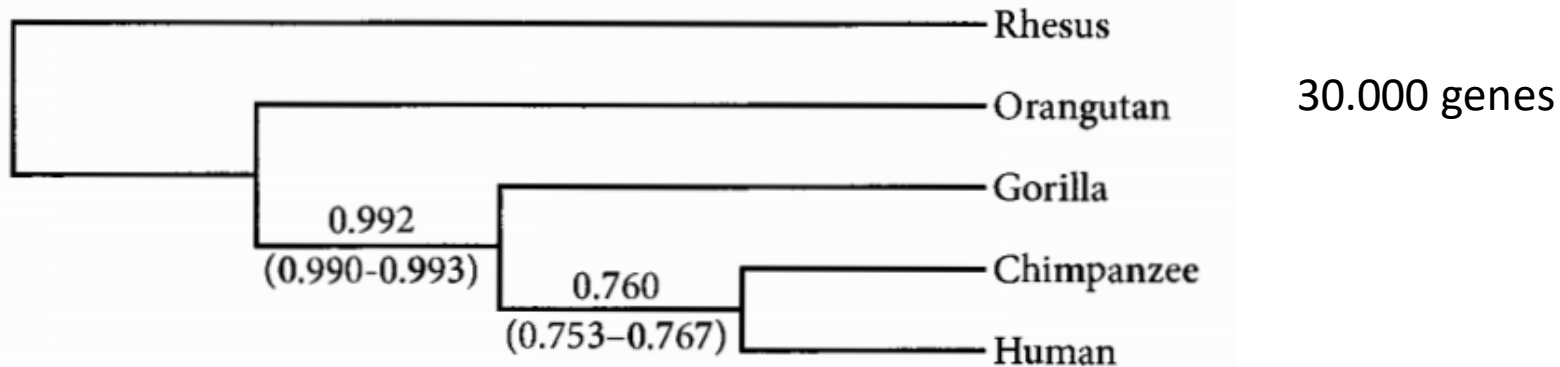
- Homegeneidad de las particiones (ILD test)



PUESTA A PRUEBA DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS

Comparación de conjuntos de datos

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



Analisis Bayesiano de Concordancia

