

MESQUITE

A modular system for
evolutionary analysis

W.P. Maddison *University of British Columbia*

D.R. Maddison *Oregon State University*

Curso Mesquite Aula 2-3

Mapeamento de caracteres, estimação de caracteres ancestrais e correlações entre caracteres

4. Trace Character History

1. Abrir ficheiro "Blenniidae.nex". Os caracteres foram extraídos de uma tabela de Bath (1996). A árvore foi construída à mão mas a topologia corresponde à estimada com dados moleculares.
2. Abram um separador com a árvore.
3. Para reconstruir os caracteres ancestrais, seleccionem Analysis > Trace Character History. Notem que existem outras duas opções que também dizem "Trace", nomeadamente, "Trace All Characters" e "Trace Characters Over Trees". Iremos explorar essas opções depois.
4. É nos perguntado que caracteres queremos reconstruir. Seleccionem "Stored Characters" para usarmos os dados morfológicos já introduzidos.
5. É nos pedido qual o método de reconstrução (parcimónia ou verosimilhança: ou estocástico para caracteres categóricos). Por agora, escolham parcimónia.
6. Notem que surgiu um novo menu, Trace, na Barra de Menus.
7. Como temos mais que um carácter podemos alternar entre caracteres usando as setas.
8. A reconstrução é actualizada se mudarmos, no separador de caracteres, o estado dos caracteres. Do mesmo modo, a reconstrução é actualizada se, no separador da árvore, editarmos a topologia.
9. Passando o cursor seta sobre nodos da topologia podem ver, na janela da esquerda, informação sobre a reconstrução nesse nodo. Isto é particularmente útil quando existem estados igualmente parcimoniosos (o estado ancestral é equivoco).
10. O estado dos nodos interiores é mais facilmente visualizando usando a árvore "Balls & Sticks". Escolham Drawing > Tree Form > Balls & Sticks.
11. Recordem-se que estas estimativas foram calculadas usando o critério parcimónia e um modelo de parcimónia específico para cada carácter. Podemos alterar o modelo de parcimónia indo à janela "Lista of Characters" ou indo, na janela da árvore, a Trace > Parsimony Model. Vejam os

detalhes dos modelos de parsimónia em (M 125)

12. Edição de uma Stepmatrix: Characters > New Character Model > Step (Cost) Matrix
13. Fazer Trace Character History de um carácter contínuo
14. Plot tree com dados não transformados (módulo Rhetenor) ou componentes principais. Escolher as variáveis dos eixos (correspondentes a caracteres ou componentes principais). As linhas que unem taxa são a topologia.
15. Podemos alterar o critério para verosimilhança, indo a Trace > Reconstruction Model. De momento, o Mesquite só pode usar este critério para caracteres categóricos. Vejam os detalhes dos modelos de verosimilhança em (M 127)
16. Podem ver detalhes da reconstrução no separador «Text» da Janela da árvore
17. O modelo Mk1 é um simples modelo estocástico com uma única taxa de evolução entre quaisquer dois estados. É um modelo Markov porque em qualquer geração a taxa de evolução de um carácter é independente da geração anterior. O modelo Mk1, por defeito, estima o valor do parâmetro de evolução com base na distribuição do carácter entre taxa e na topologia da árvore. Podem criar um novo modelo baseado no Mk1 com um valor diferente: Characters > New Character Model > dar nome ao modelo e alterar o valor do parâmetro na janela Edit Model. Se tiverem aberta a janela com a reconstrução podem ver as estimativas dos caracteres ancestrais alterarem-se.
18. O modelo AsymmMk tem dois parâmetros e apenas pode ser aplicado a caracteres com dois estados, e.g. 0 e 1. Um dos parâmetros corresponde à transição 0 -> 1 (e.g., ganho de carácter) e o segundo à transição 0 <- 1 (e.g. perda de carácter). Os valores de cada parâmetro podem ser vistos na sub-janela «Trace Character» no canto superior esquerda da janela da árvore com a reconstrução do carácter. Podemos também modificar estes valores. Como as estimativas têm em conta a distribuição de estados e a árvore, os valores dos parâmetros mudam se alterarmos os estados e se alterarmos a árvore.
19. O AsymmMk tem duas opções. Faça Characters > Edit Character Model > Asymmetric Model Há duas opções para a raiz da árvore: a probabilidade de cada estado é equivalente à sua frequência, ou os dois estados têm igual probabilidade. Este efeito é particularmente forte se um dos estados for muito mais comum que o alternativo.
20. Para compararmos dois modelos podemos contrastar duas árvores, escolhendo Tree > Mirror tree window. Surge um novo menu na barra de menus: “Mirror”. Aí podemos escolher a análise a aplicar à árvore da esquerda e o seu espelho no lado direito.
21. Para dados categóricos não moleculares, existe ainda um método de reconstrução adicional: mapeamento estocástico (M130). Este método estima o estado do carácter em todos os pontos da árvore. Usem árvore com Drawing > Tree Form > Square Tree Podem ver alterações de estado ao longo dos ramos. Vejam concretizações alternativas do modelo – recordem-se que é um modelo estocástico – usando as setas associadas a «Mapping» na sub-janela. O modelo de evolução tem a sua taxa estimada também em função da distribuição de estados e da topologia da árvore.
22. Muitos cálculos no Mesquite dependem não apenas na relação topológica entre os OTUs mas também no comprimento dos braços. Editem os comprimentos de braço usando o botão com uma régua vertical, ou indo a ao menu Tree > Alter/Transform branch lengths

5. Trace All Characters

1. Esta opção sumariza a reconstrução de estados ancestrais de múltiplos caracteres simultaneamente (M122).
2. Por defeito são mostradas as reconstruções apenas para o nodos seleccionados na árvore e para os caracteres seleccionados.
3. Podem alterar as condições de reconstrução no Menu «Trace_All»

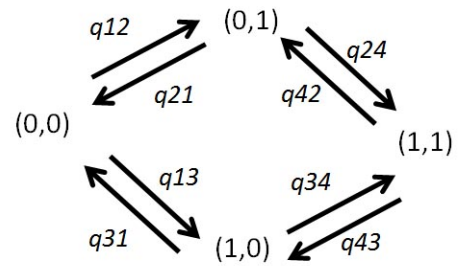
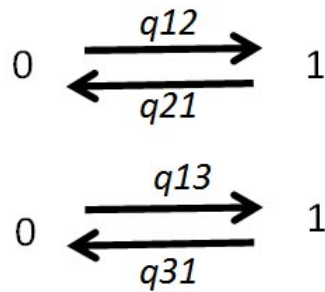
6. Trace Character Over Trees

1. Esta função permite sumarizar, numa única árvore, as reconstruções feitas em várias árvores. Isto é útil quando há variação da reconstrução entre árvores. Funciona apenas para caracteres categóricos. Notem que esta funcionalidade não constroi uma árvore de consenso. Usa a árvore que está activa na Janela de Árvores. Para sumarizar numa árvore de consenso, é necessário incluir esta árvore no projecto e torná-la na árvore activa/visível.
2. O método mostra então, nos nodos da árvore de consenso, o estado ancestral reconstruído com base nas reconstruções feitas nas outras árvores que partilhem esse nodo/clade (e só destas). Podem ver quantas árvores foram usadas para a reconstrução do estado de cada nodo, passando o cursor seta por cima de um nodo e lendo a informação na sub-janela.
3. A fonte de árvores usada para sumarizar as reconstruções pode ser alterada.
4. Podemos inclusive criar uma série de árvores a partir de uma das árvore inferidas adicionando variação aos comprimentos de braço, ou resolvendo aleatoriamente politomias. Tal permite avaliar o efeito de diferentes resoluções de uma politomia na reconstrução dos estados ancestrais.
5. ficheiro Blenniidae, criar 2-3 caracteres contínuos

7. Correlações entre Caracteres (M134)

1. Existem quatro formas de testar se 2 caracteres evoluíram de forma correlacionada:
 - a. Método de Pagel 1994: entre dois caracteres binários; modelo verosimilhança
 - b. Contrastes independentes de Felsenstein: entre dois caracteres contínuos (exige o módulo [PDAP](#))
 - c. Comparações emparelhadas: entre 2 caracteres categóricos ou entre um carácter categórico e um contínuo
 - d. Interactuando com o programa [BayesTraits](#) de Mark Pagel
2. Método de Pagel:
 - a. o método só funciona com caracteres binários. Se a matriz de caracteres tiver variáveis não-binárias o programa dará um alerta de erro. Podem clicar em OK e depois escolher o caracter apropriado
 - b. na janela da árvore: Analysis > Correlation Analysis Estima os valores de transição entre os estados 0 e 1 de dois caracteres, segundo dois modelos, um de oito parâmetros e um mais reduzido de quatro parâmetros que assume independência de caracteres. Calcula a verosimilhança de cada um dos modelos, e o rácio entre verosimilhanças. Este rácio pode ser comparado com uma distribuição estimada por randomização, para saber se o rácio é estatisticamente significativo. Há que escolher a opção “Present p value” na janela que surge após a selecção de Correlation Analysis, ou já depois desta completada, ir ao novo menu

Correlation > Present p value



Se evolução é

independente, o modelo reduz-se a 4 parâmetros pois
 $q_{12} = q_{34}$; $q_{13} = q_{24}$; $q_{31} = q_{42}$; $q_{21} = q_{43}$

3. Contrastes independentes de Felsenstein: Confirmem que têm o módulo PDAP instalado correctamente (este deve constar no menu Help).
 - a. Analysis > New Chart for Tree > PDAP Diagnostic Chart > Stored Characters
 - b. Vejam o [manual do PDAP](#) para detalhes.
4. Comparações emparelhadas:
 - a. Analysis > Pairwise Comparisons > escolham opção para a escolha de pares (ver M137)