

Solving Biological Problems that require Math 2010



« Speciation and extinction rate estimation using phylogenetic trees »

Semestre de printemps 2010

Supervisé par Micha Hersch et Nicolas Salamin

herve.cachin@unil.ch et
trestan.pillonel@unil.ch

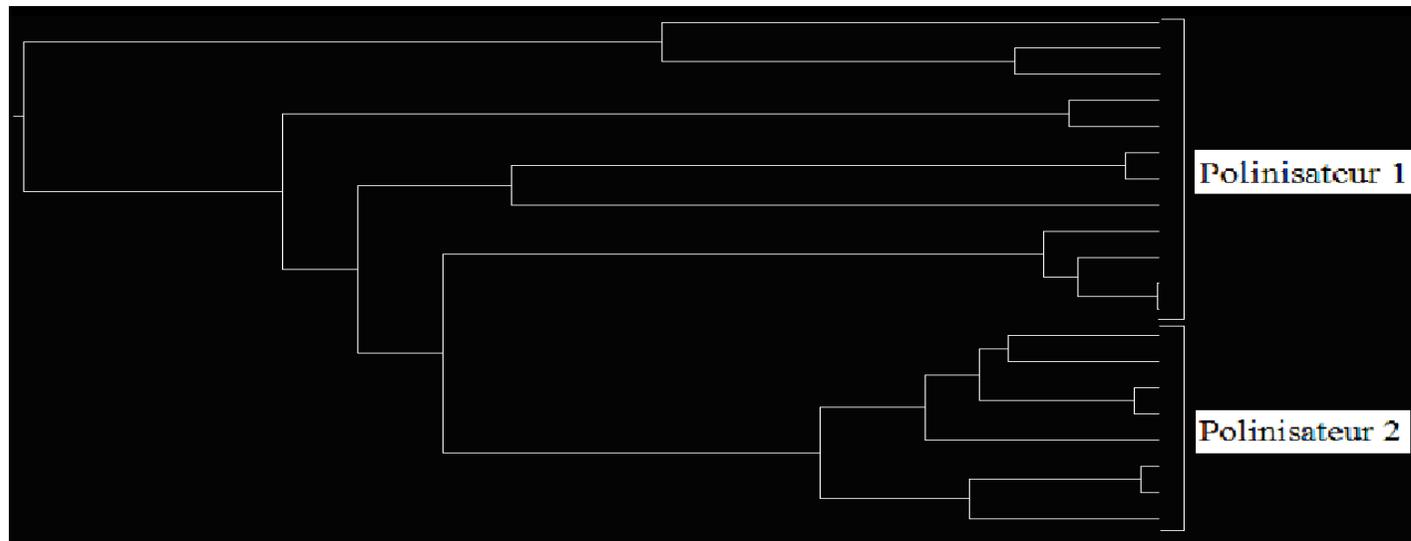
Solving Biological Problems that require Math 2010

Plan :

1. But
2. Background
3. Méthodologie
4. Résultats
5. Perspectives



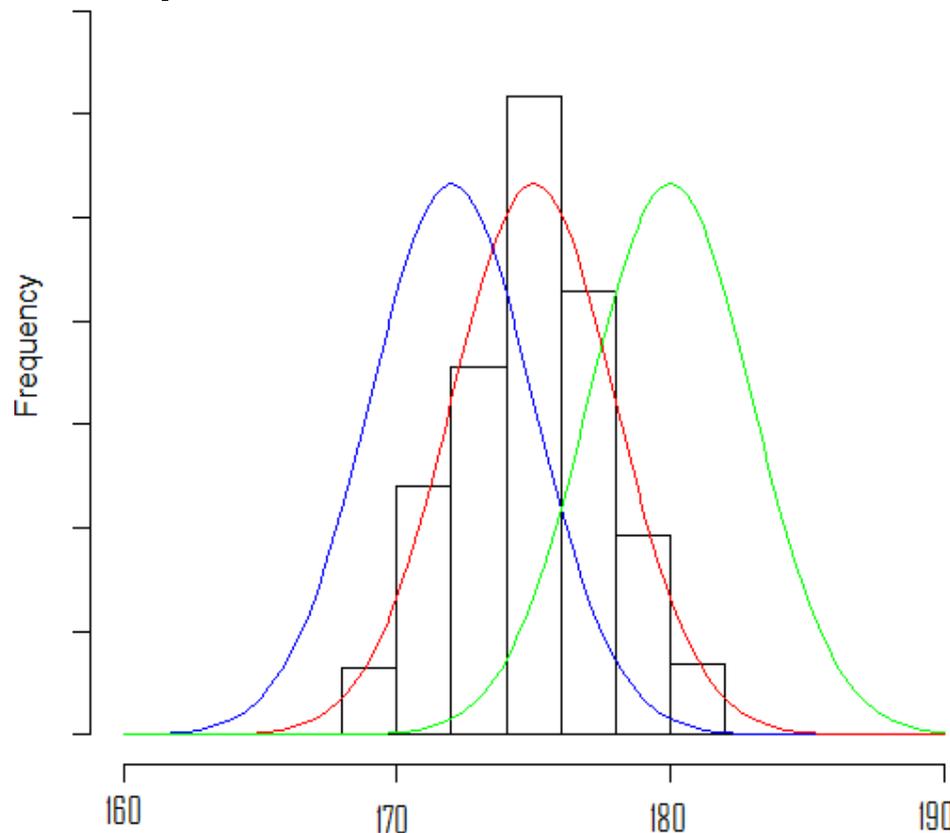
- Parvenir à estimer les paramètres les plus probables du taux d'extinction et d'apparition de nouvelles espèces connaissant un arbre phylogénétique
- Comparer et évaluer différentes méthodes.
- Découvrir si un trait spécifique (type de pollinisateur p.ex) à un taxon peut influencer le taux d'extinction (β) et le taux de spéciation (μ)



- Compréhension de certains phénomènes évolutifs et des facteurs qui les influencent
- Utilisation et interprétation des données phylogénétiques
- Meilleure compréhension de l'origine de la biodiversité

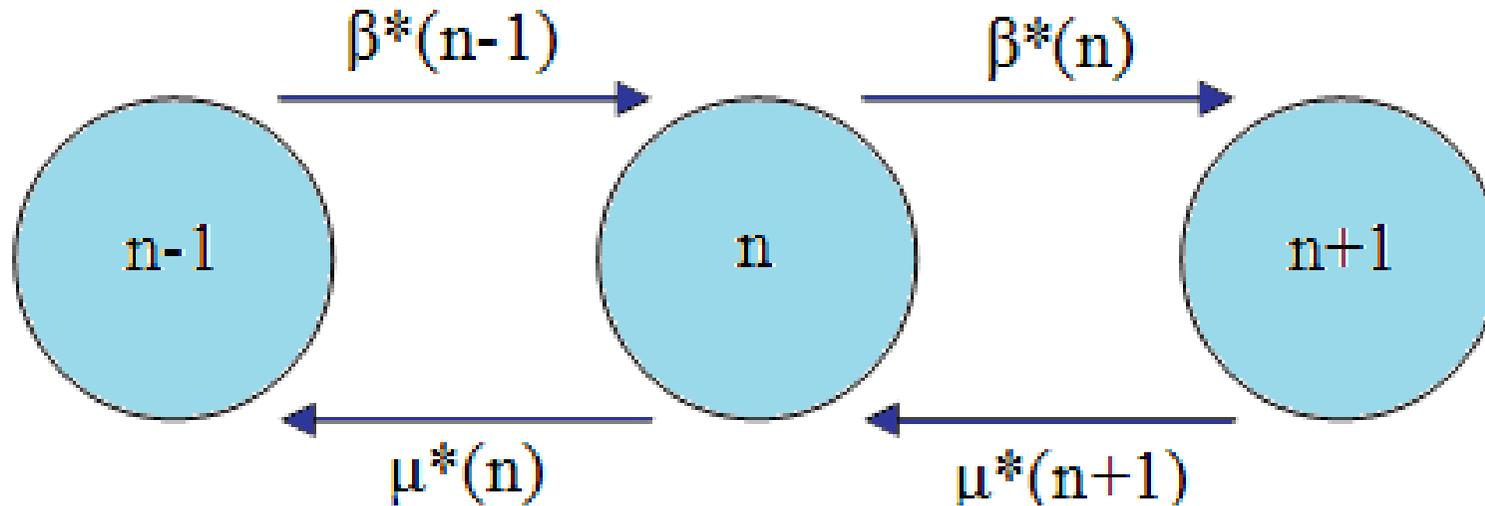
Le maximum de vraisemblance

- Méthode mathématique servant à déterminer les paramètres de la densité de probabilité (distribution) d'un échantillon.
- fonction de vraisemblance = probabilité d'observer ce que l'on observe selon différents paramètres
 - Exemple: On connaît la taille des individus d'un échantillon



Connaissant la variance, on veut estimer la moyenne qui expliquerait au mieux nos observations sachant que la taille suit une distribution normale

Modèle « birth and death » :



- On extrait la relation suivante :

$$P_n(t+\Delta t) = P_n(t) + P_{n-1}(t) * (n-1) * \beta + P_{n+1}(t) * (n+1) * \mu - n * P_n(t) * (\beta + \mu)$$

$$dP_n(t)/\delta t = P_{n-1}(t) * (n-1) * \beta + P_{n+1}(t) * (n+1) * \mu - n * P_n(t) * (\beta + \mu)$$

NB: $p_n(t)$ est la probabilité qu'un lignage ait exactement n descendant après t unités de temps.

Modèle « birth and death »

- On résout et on obtient (Kendall, 1948):

$$P_n(t) = (1-P_0)^* (1-u)^* u^{n-1}$$

$$\text{Où } u = \beta^* (e^{(\beta-\mu)t} - 1) / \beta^* e^{(\beta-\mu)t} - \mu$$

$$P_0 = \mu^* (e^{(\beta-\mu)t} - 1) / \beta^* e^{(\beta-\mu)t} - \mu$$

(Pour $n > 0$)

- On cherche ensuite $P_1(t)$ qui est la probabilité qu'un lignage ait exactement n descendants après t unités de temps.

$$P_1(t) = (1-P_0)^* (1-u)^* 1$$

- On résout et on obtient :

$$P_1(t) = e^{(\beta-\mu)t} * (\beta-\mu)^2 / (\beta^* e^{(\beta-\mu)t} - \mu)^2$$

En résumé :

- Modèle birth and death d'où l'on extrait certaines relations
- On obtient une équation différentielle que l'on résout afin d'obtenir la formule permettant de calculer la probabilité qu'un lignage ait exactement n descendants après t unités de temps.
- Puis on développe ce résultat pour $P_1(t)$ afin d'obtenir la probabilité qu'un lignage ait exactement 1 descendant après t unités de temps .

On a...

- des arbres avec des longueurs de branches
- une formule donnant la probabilité qu'un lignage ait exactement 1 descendant après t unités de temps (On a donc une formule donnant la probabilité d'observer une branche d'arbre à un temps t)
- On peut donc trouver une fonction de vraisemblance nous donnant une bonne estimation des paramètres de l'arbre.

Mise en pratique

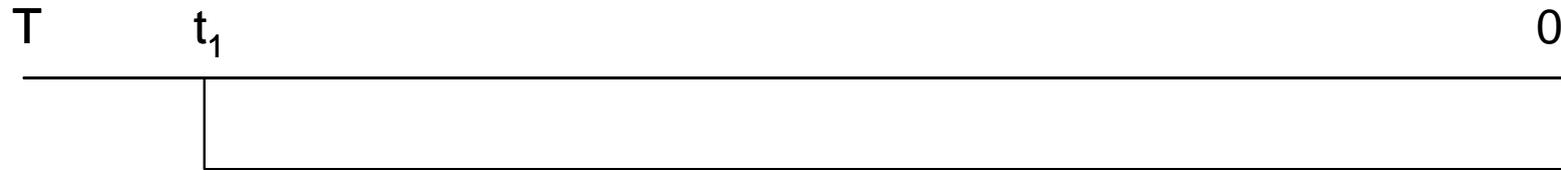
T

0

- On peut développer cela de la façon suivante :

$P_1(T)$

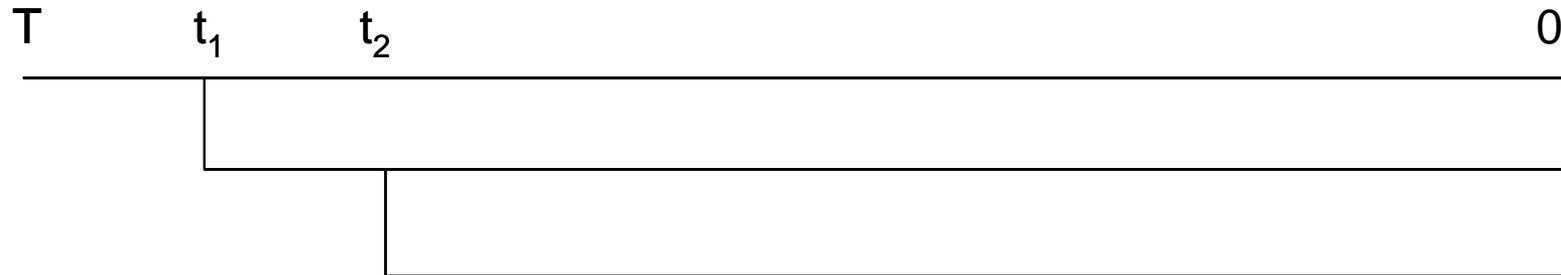
Mise en pratique



- On peut développer cela de la façon suivante :

$$P_1(T) * \beta * \Delta t * P_1(t_1) * 1$$

Mise en pratique



- On peut développer cela de la façon suivante :

$$P_1(T) * \beta * \Delta t * P_1(t_1) * 1 * \beta * \Delta t * P_2(t_2) * 2$$

Mise en pratique

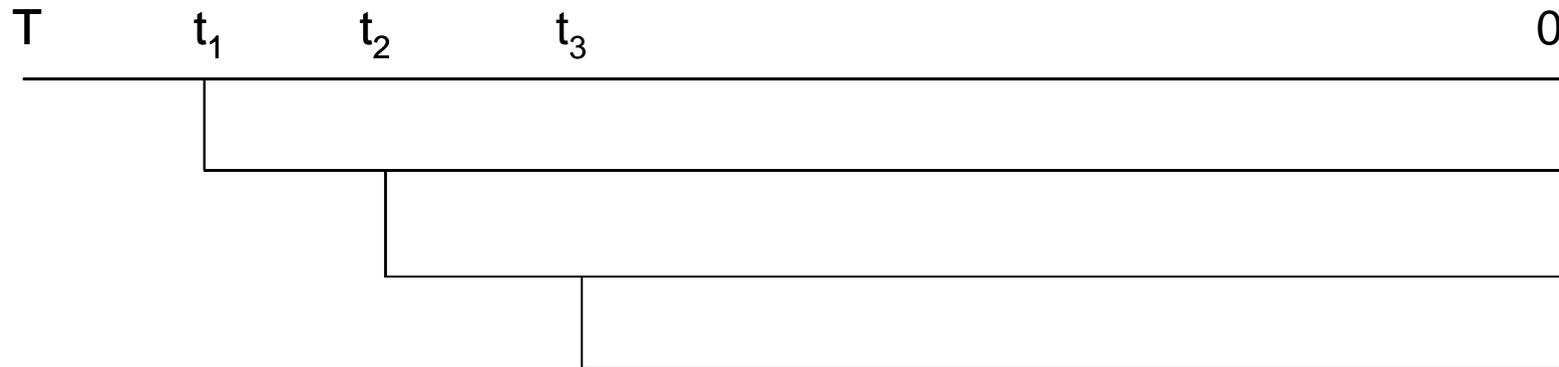


- On peut développer cela de la façon suivante :

$$P_1(T) * \beta * \Delta t * P_1(t_1) * 1 * \beta * \Delta t * P_2(t_2) * 2 * \beta * \Delta t * P_3(t_3) * 3$$

= probabilité d'observer cet arbre aux temps t₁, t₂ et t₃

Mise en pratique



- On peut développer cela de la façon suivante :

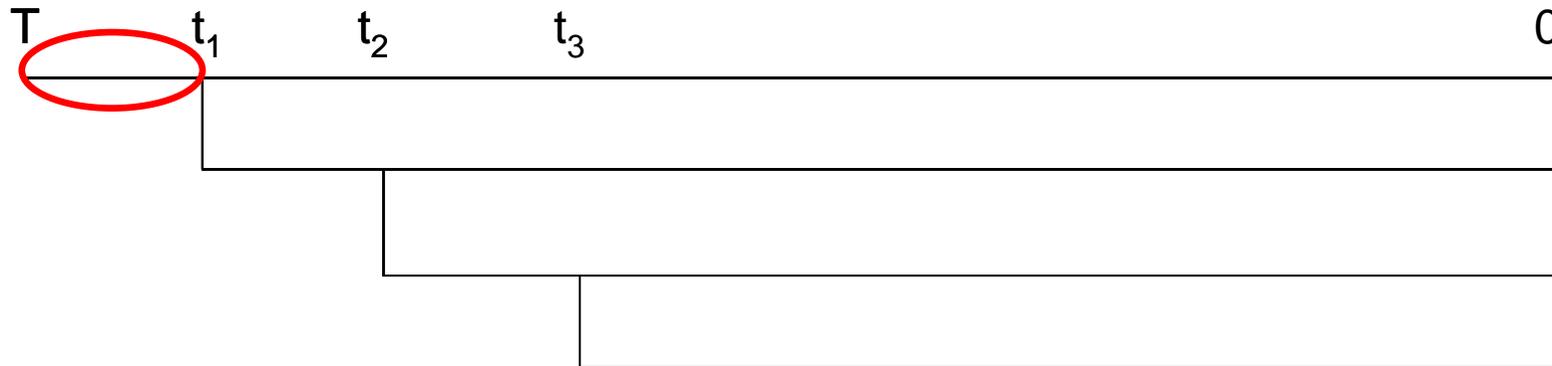
$$P_1(T) * \beta * \Delta t * P_1(t_1) * 1 * \beta * \Delta t * P_2(t_2) * 2 * \beta * \Delta t * P_3(t_3) * 3$$

= probabilité d'observer cet arbre aux temps t1, t2 et t3

- Généralisation (**formule 1**):

$$P_1(T) * (n-1)! * \beta^{n-1} * \prod P_1(t_i)$$

Mise en pratique



- On peut développer cela de la façon suivante :

$$P_1(T) * \beta * \Delta t * P_1(t_1) * 1 * \beta * \Delta t * P_2(t_2) * 2 * \beta * \Delta t * P_3(t_3) * 3$$

= probabilité d'observer cet arbre aux temps t1, t2 et t3

- Généralisation (**formule 1**):

$$P_1(T) * (n-1)! * \beta^{n-1} * \prod P_1(t_i)$$

Mise en pratique

- Dans une seconde méthode, parmi tous les arbres on va en quelque sorte enlever ceux qui n'ont pas n espèces. (auparavant on a travaillé avec tous les arbres mais maintenant on n'utilise que ceux qui ont n branches) → **Formule 2.1** :
- En faisant tendre T vers l'infini, on peut se débarrasser du problème du T → **Formule 2.2**

$$P(\{t_i\}) = \frac{(e^{(\beta-\mu)*t_i} * (\beta-\mu)^2)}{(\beta * e^{(\beta-\mu)*t_i} - \mu)^2} * \frac{(\beta * e^{(\beta-\mu)*T} - \mu)}{(e^{(\beta-\mu)*T} - 1)}$$

En résumé :

- **Formule 1** : Chance d'observer un arbre avec les paramètres β et μ .

$$\text{Prob}(n, t_1, t_2, \dots, t_{n-1} \mid \beta, \mu, T) = p_1(T) \beta^{n-1} (n-1)! \prod_{i=1}^{n-1} p_1(t_i)$$

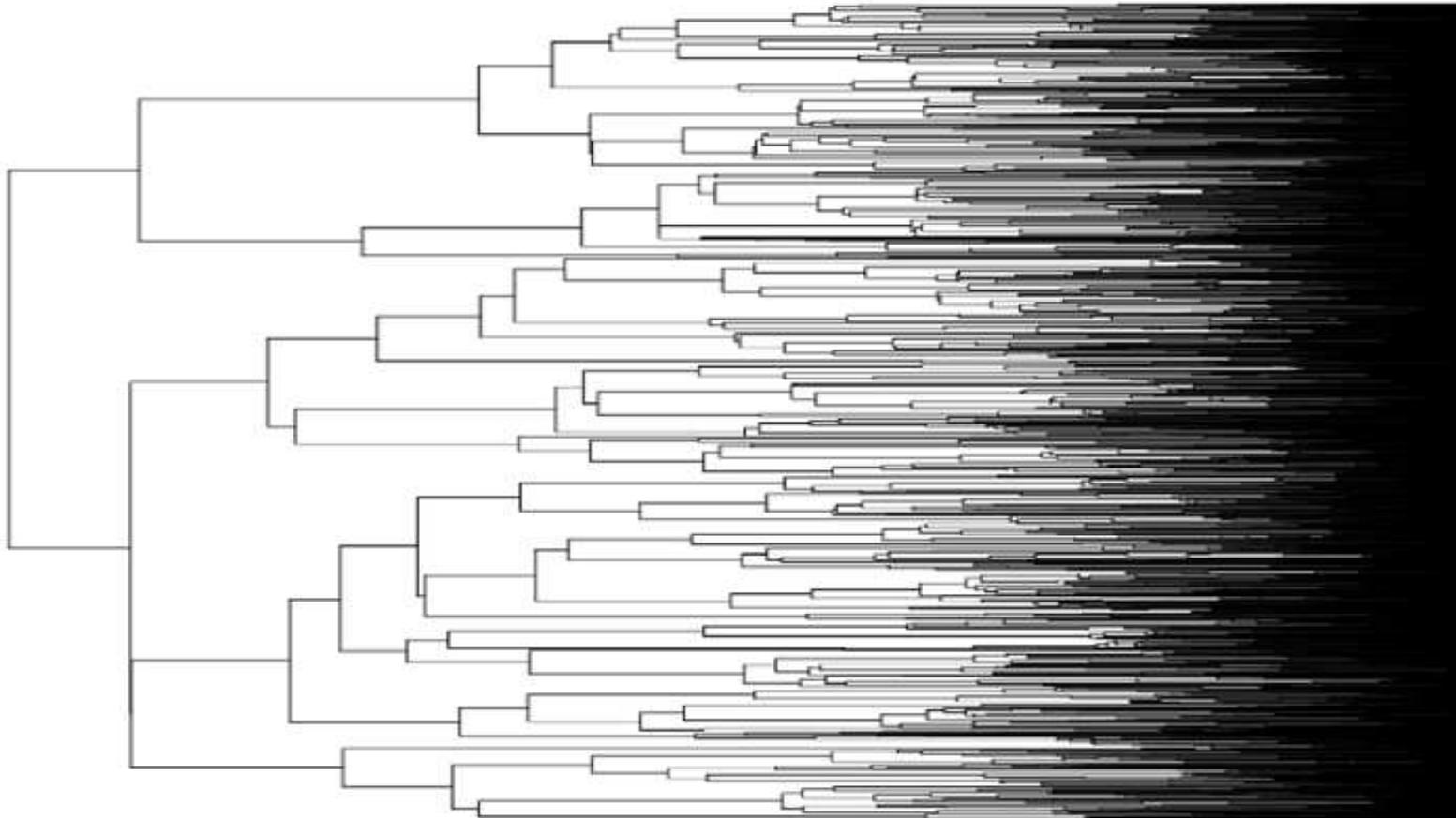
- **Formule 2.1** : Chance d'observer un arbre en sachant à l'avance qu'on va observer un arbre à n branches avec β et μ (on réduit le nombre de possibilité).

$$\text{Prob}(t_1, t_2, \dots, t_n \mid n, \beta, \mu, T) = \prod_{i=1}^{n-1} \left[\frac{p_1(t_i) dt_i}{\int_0^T p_1(u) du} \right]$$

- **Formule 2.2** : Formule 2.1 en faisant tendre T vers l'infini.

Simulations :

- Nous avons testé la capacité des 3 différentes formules d'estimer les taux de spéciation et d'extinction sur la base d'arbres générés avec des paramètres définis.



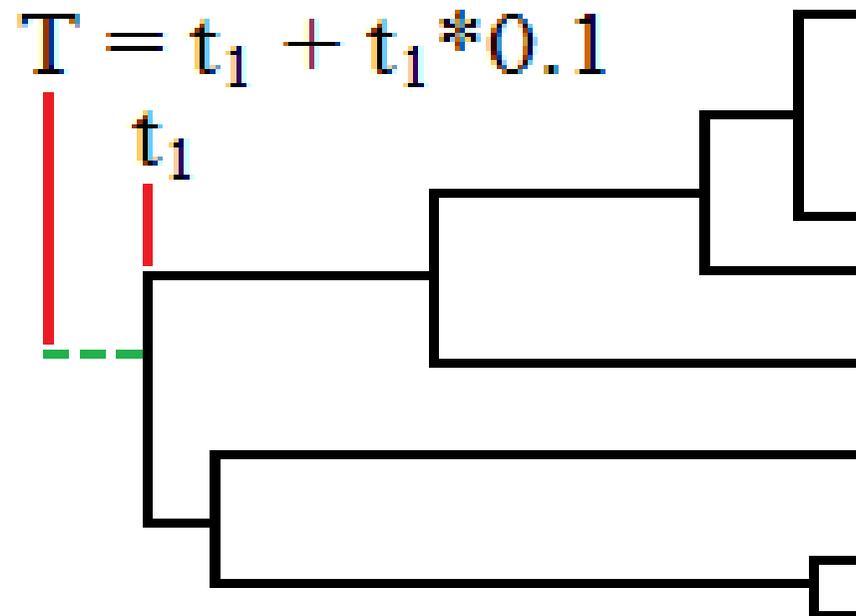
Résultats

- Les premiers tests ont montré qu'il est difficile d'estimer les taux sur la base de petits arbres, nous avons donc fait de nouveaux tests sur de plus grands arbres.

Résultats

- Paramètres pour la génération 500 arbres :
 - Taux de spéciation (β): 4
 - Taux d'extinction (μ): 1
- De cette manière, nous avons obtenu des arbres ayant entre 135 et 29749 espèces (plus de 7000 en moyenne).

- Nous avons fait les 3 tests avec un T 10% supérieur au 1er nœud de l'arbre.

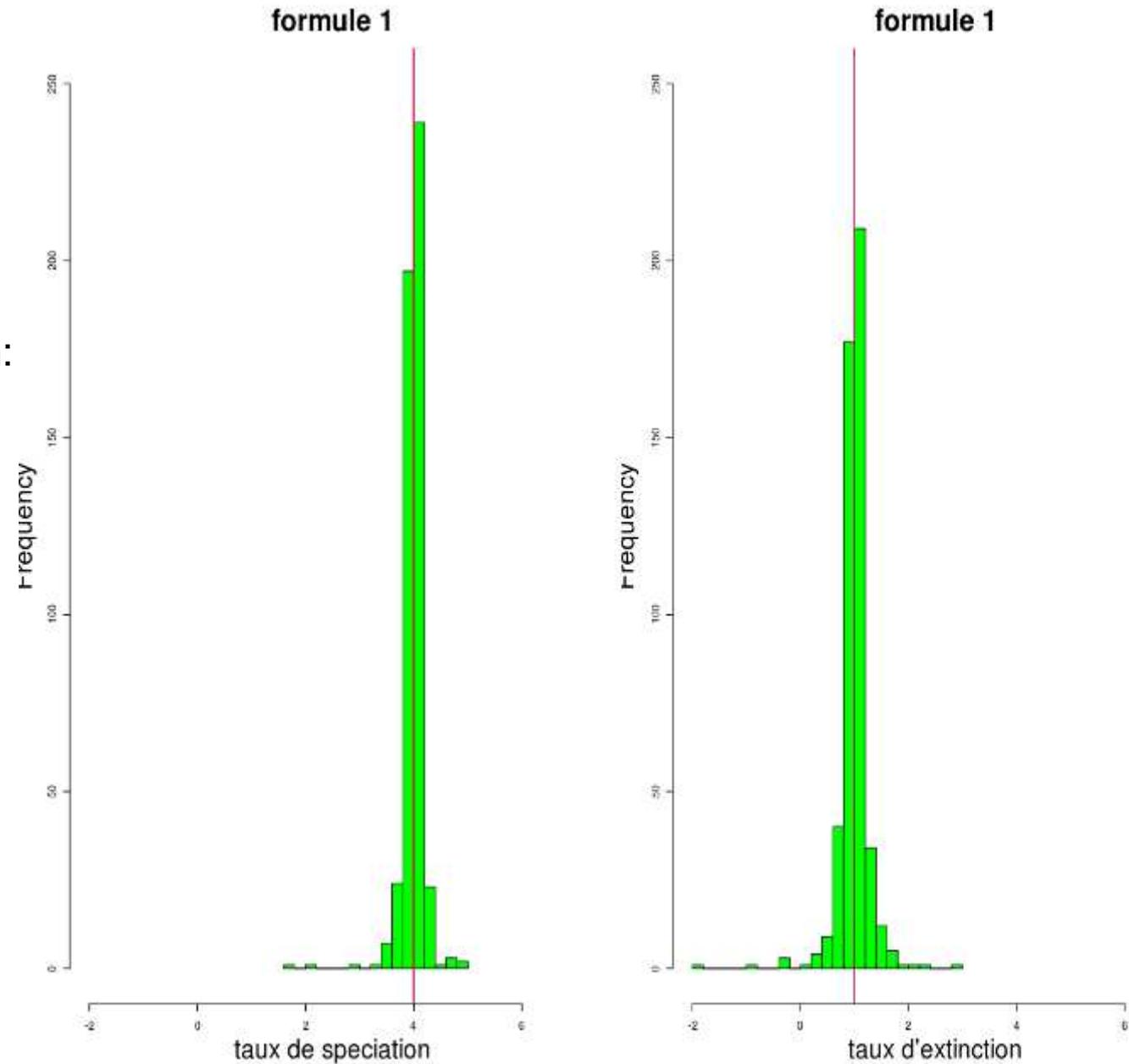


- **Formule 1**

- SD :

- Taux de spéciation:
0.216207

- Taux d'extinction:
0.2979145

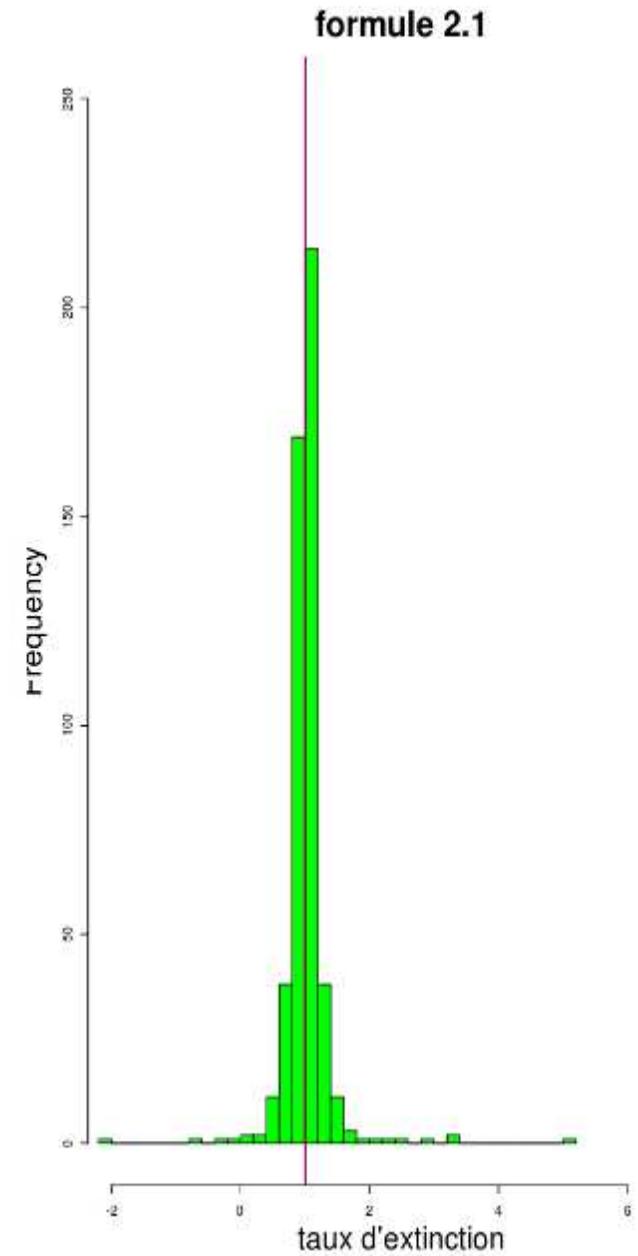
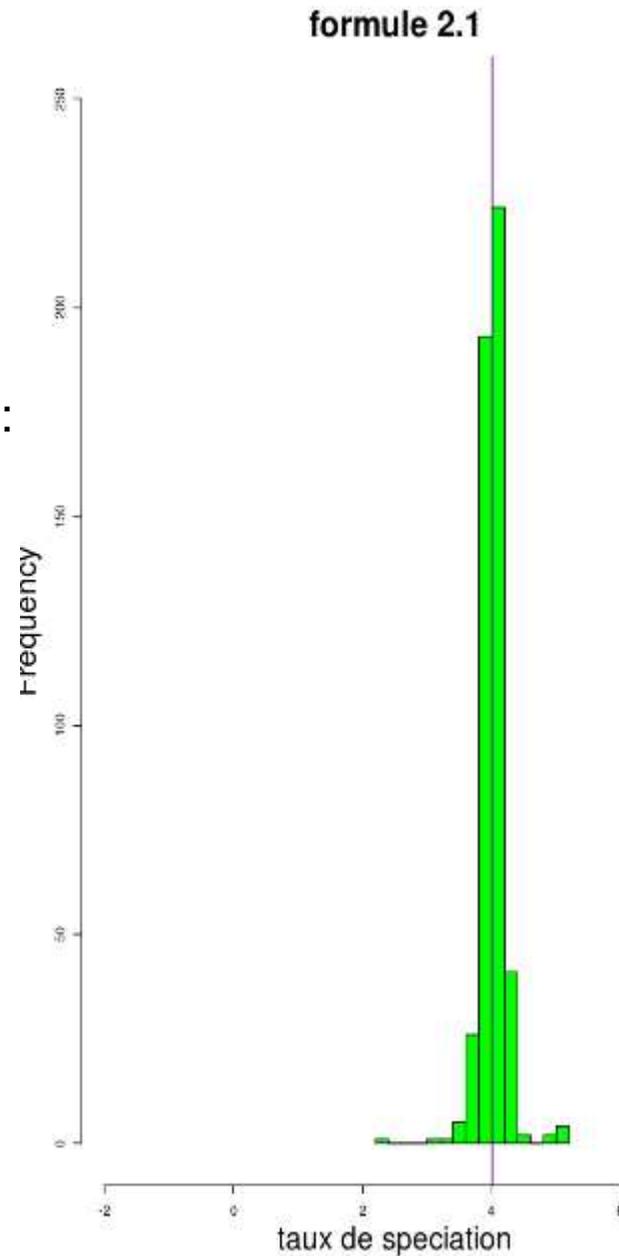


- **Formule 2.1**

- SD :

- Taux de spéciation:
0.2033684

- Taux d'extinction:
0.3755941

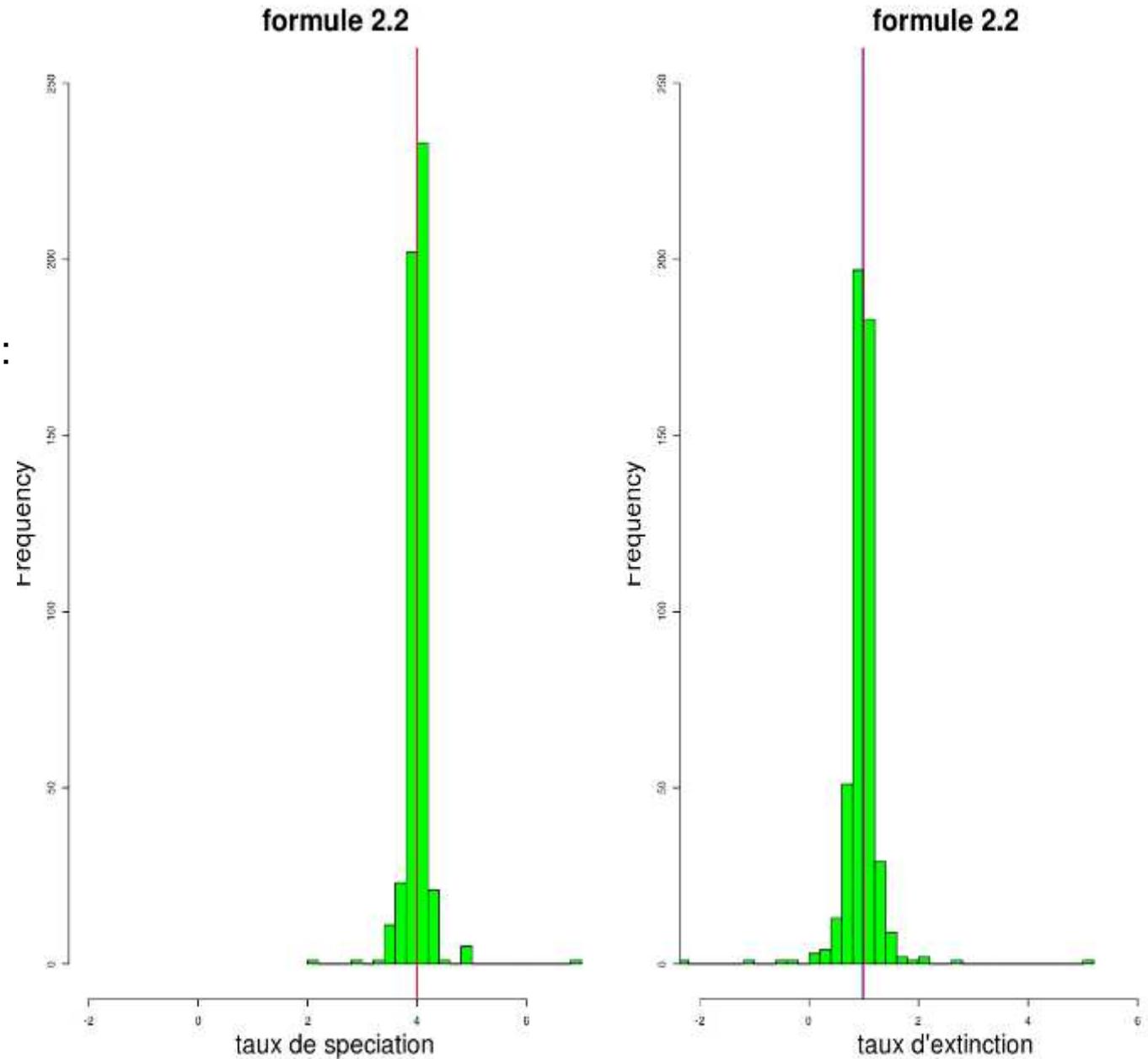


- **Formule 2.2**

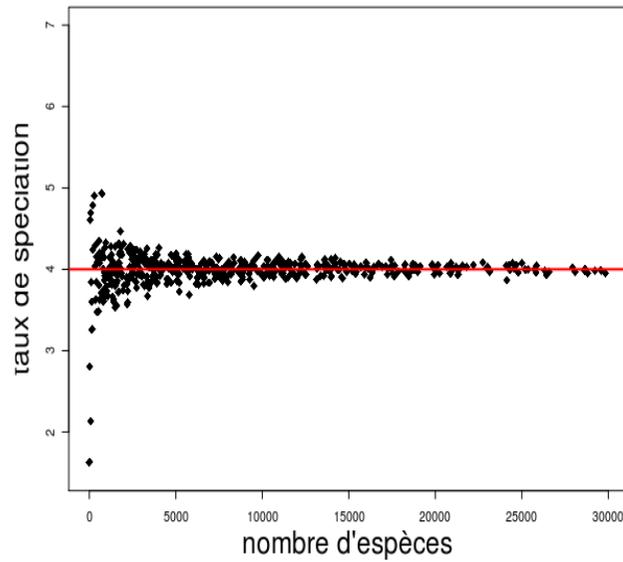
- SD :

- Taux de spéciation:
0.2322773

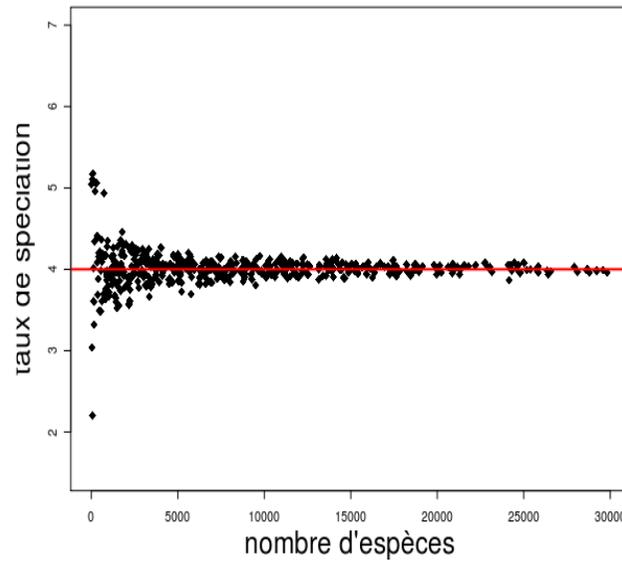
- Taux d'extinction:
0.3537552



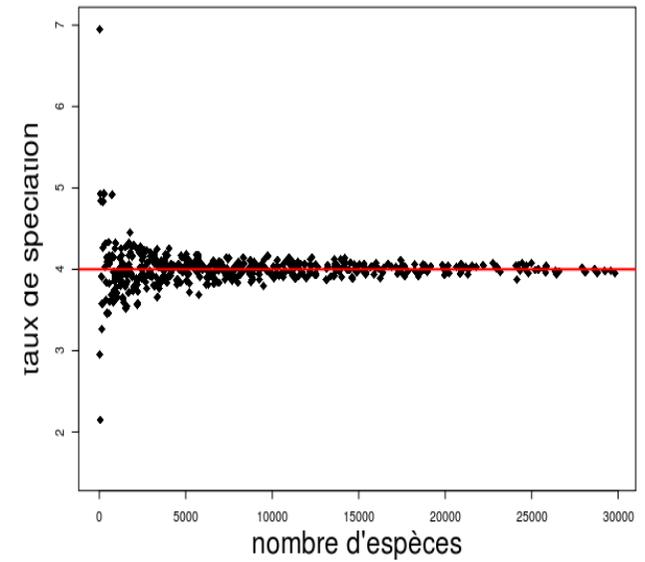
formule 1



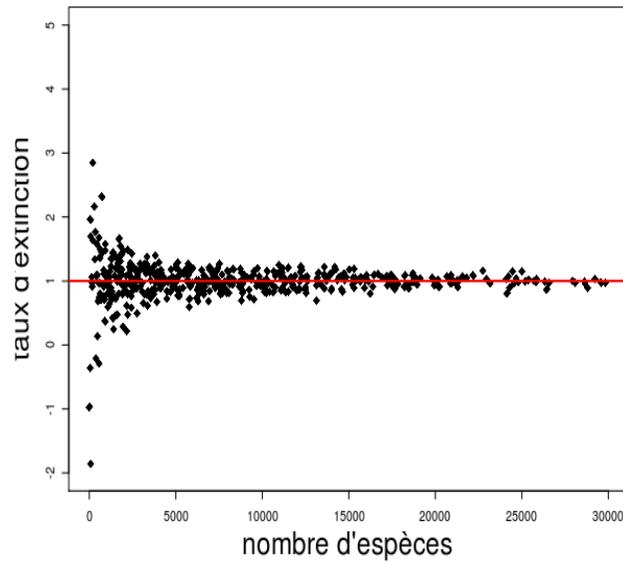
formule 2.1



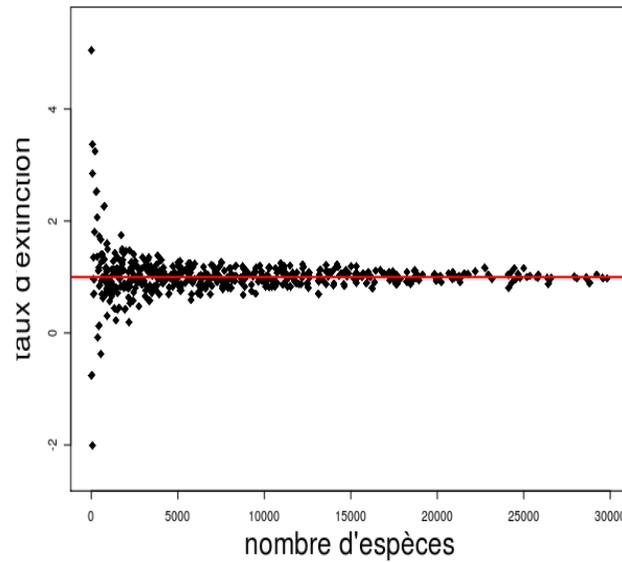
formule 2.2



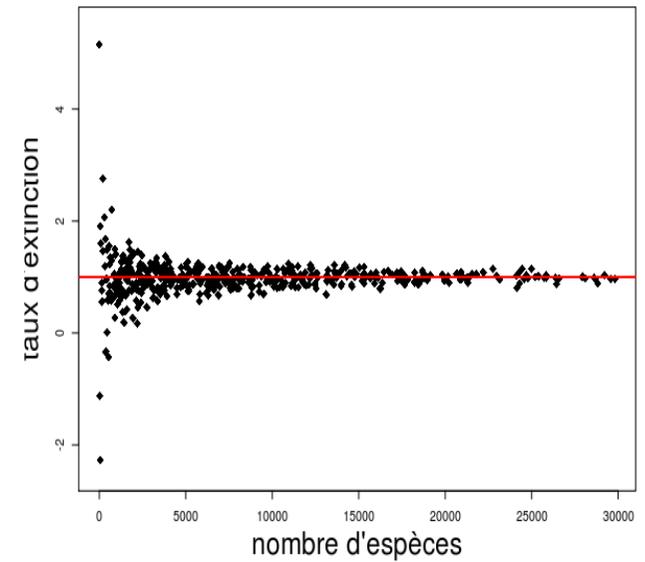
formule 1



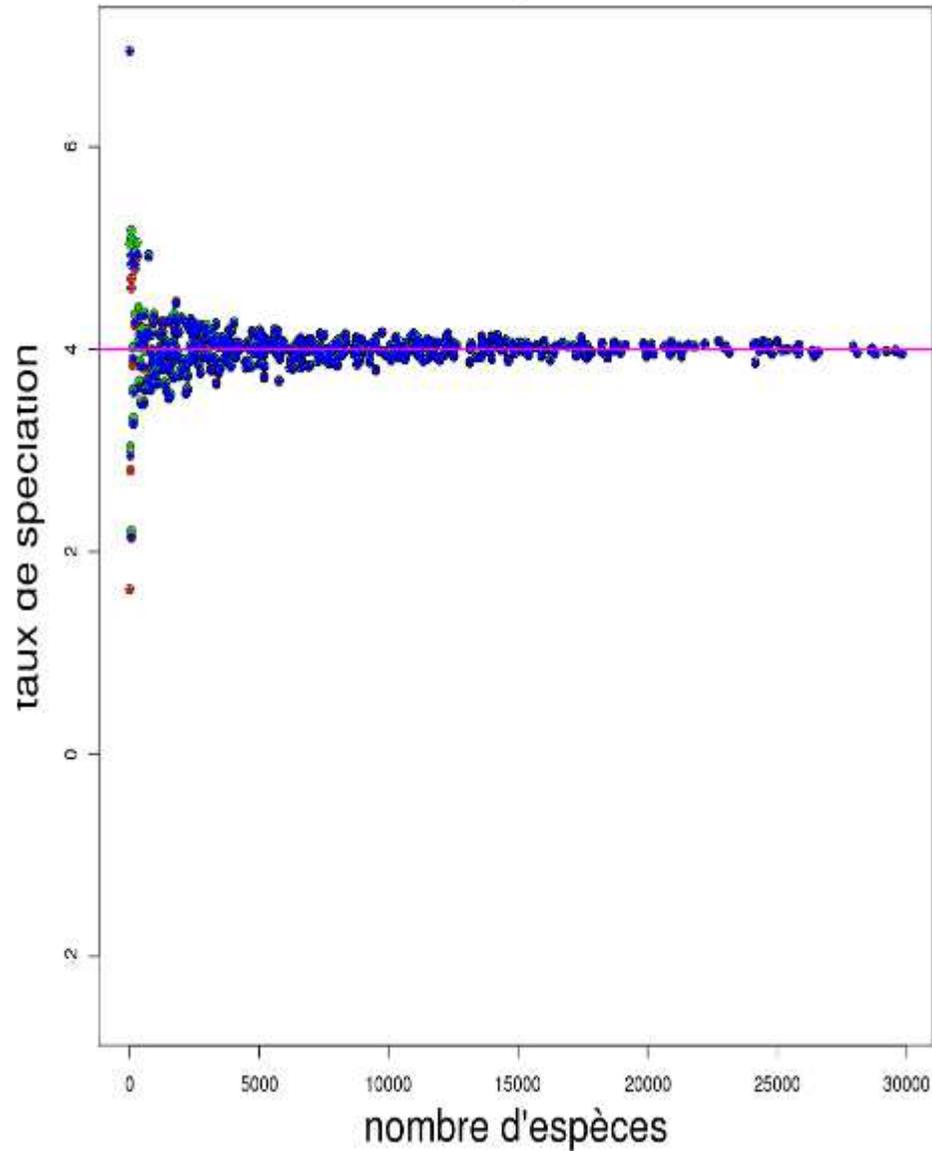
formule 2.1



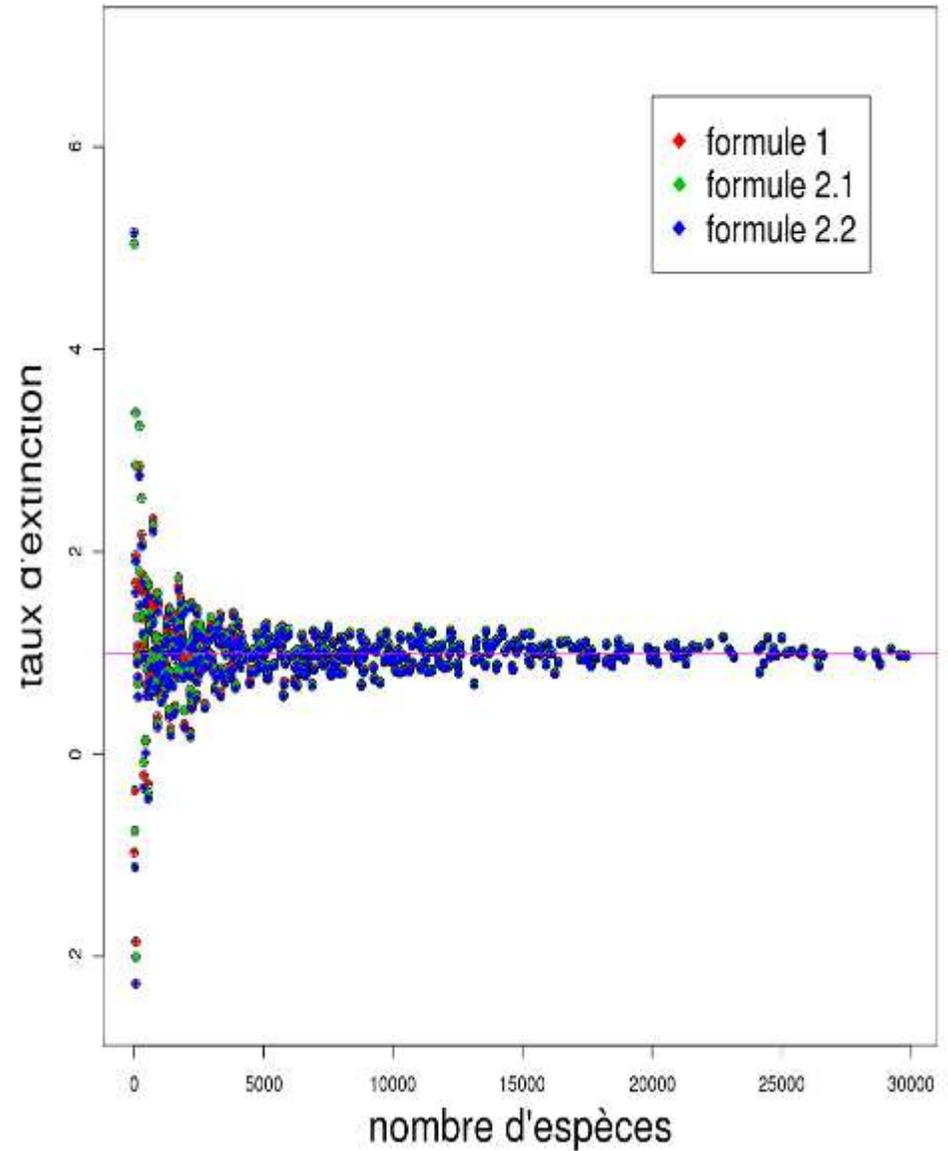
formule 2.2



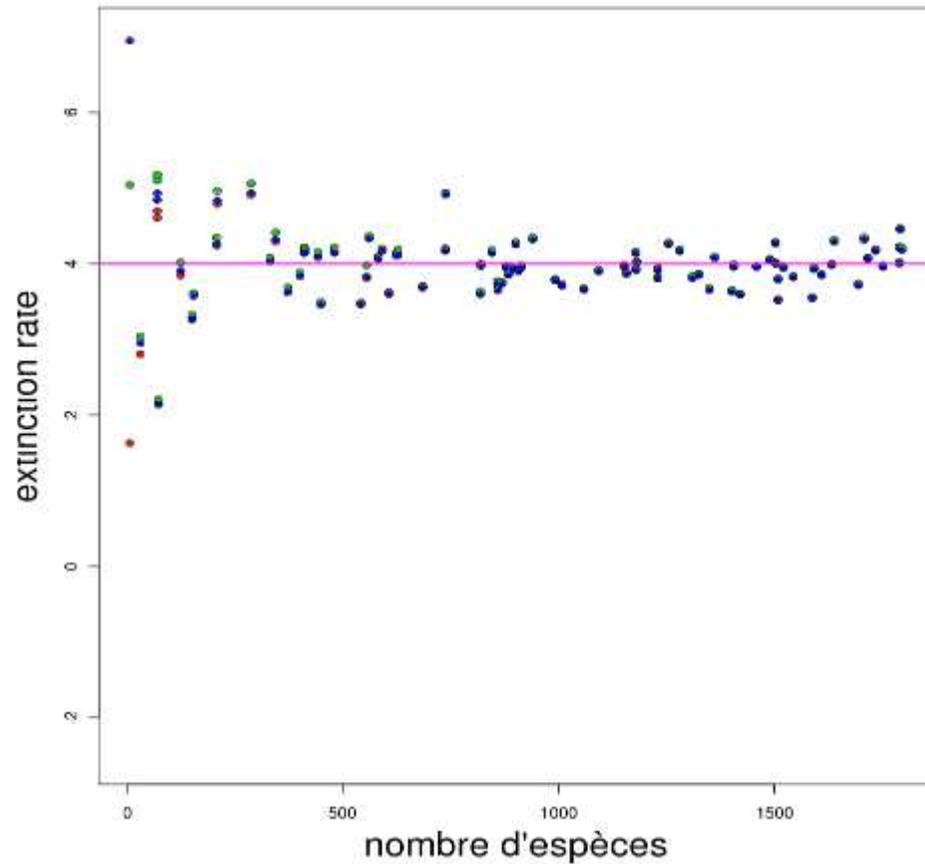
taux de spéciation



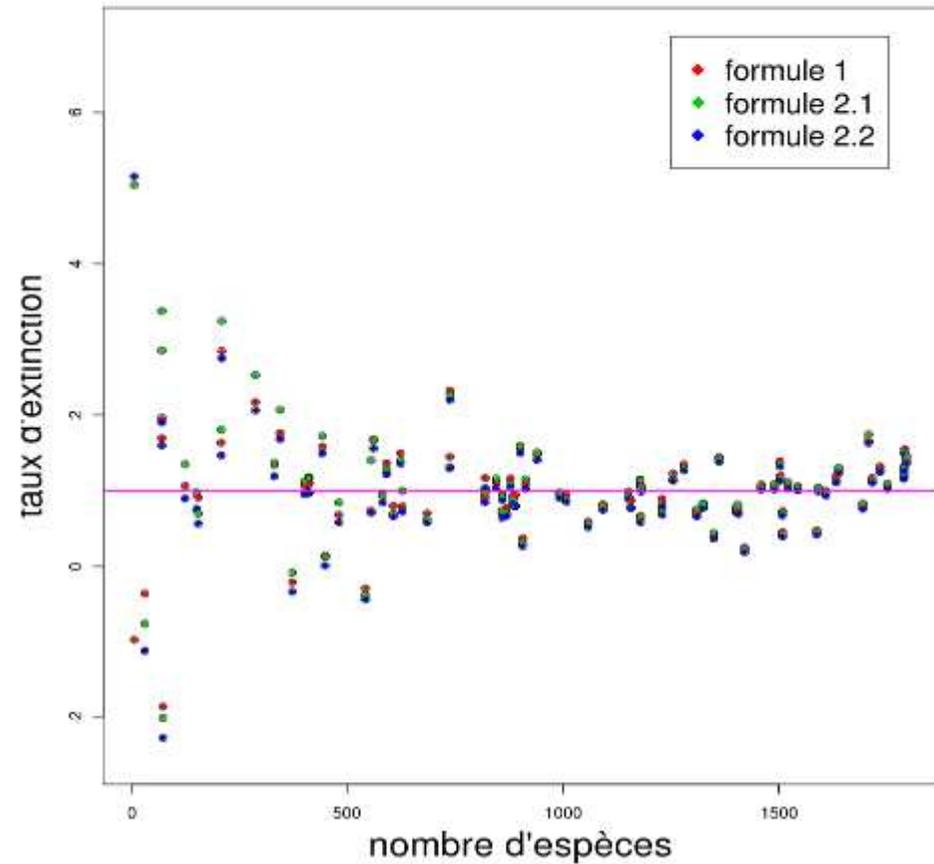
taux d'extinction



taux de speciation, 300 plus petits arbres

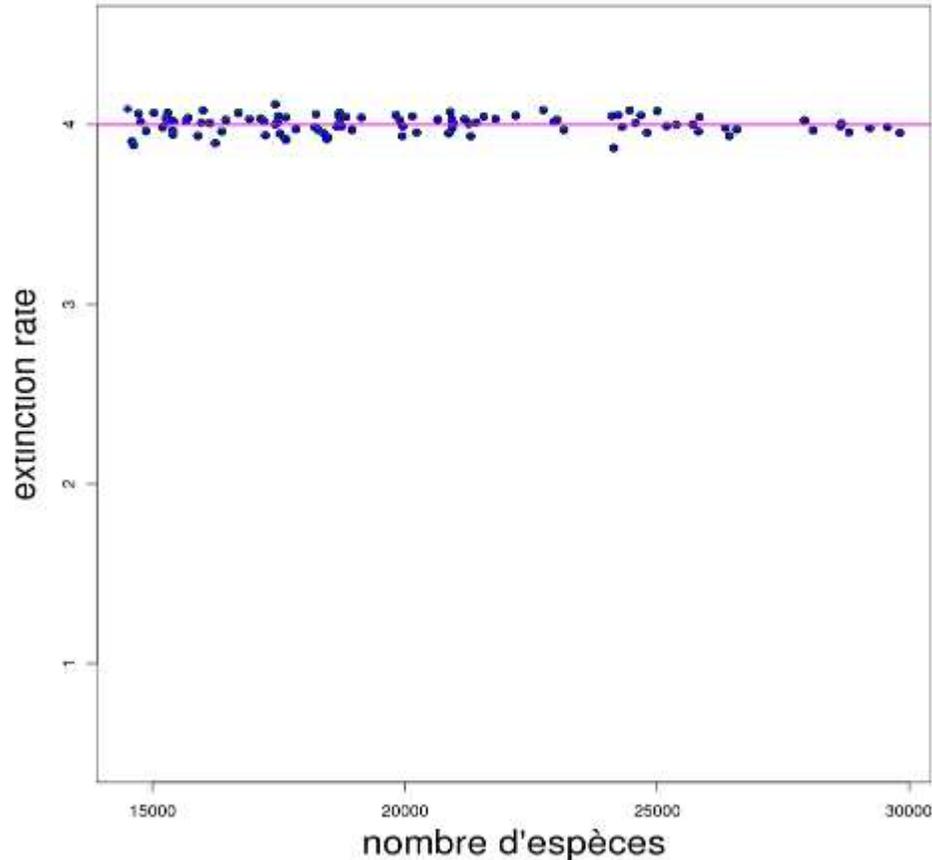


taux d'extinction, 300 plus petits arbres

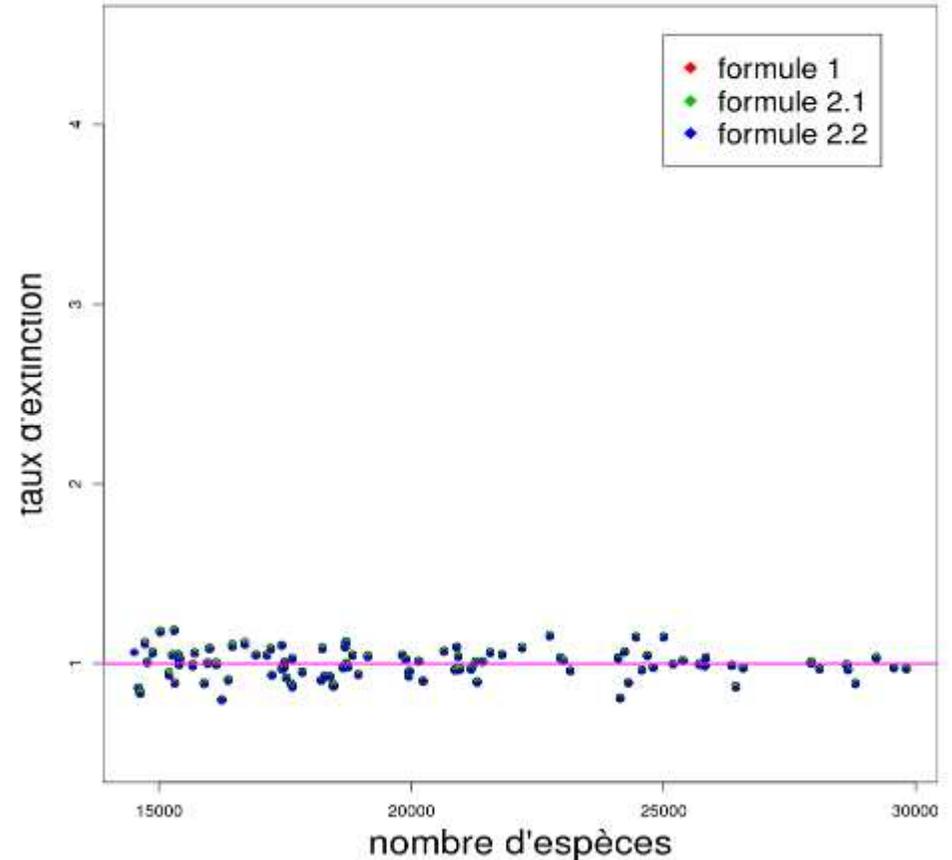


	Formule 1	Formule 2.1	Formule 2.2
SD spéciation	0.4357404	0.4038708	0.4765981
SD extinction	0.5858463	0.7716354	0.7251895

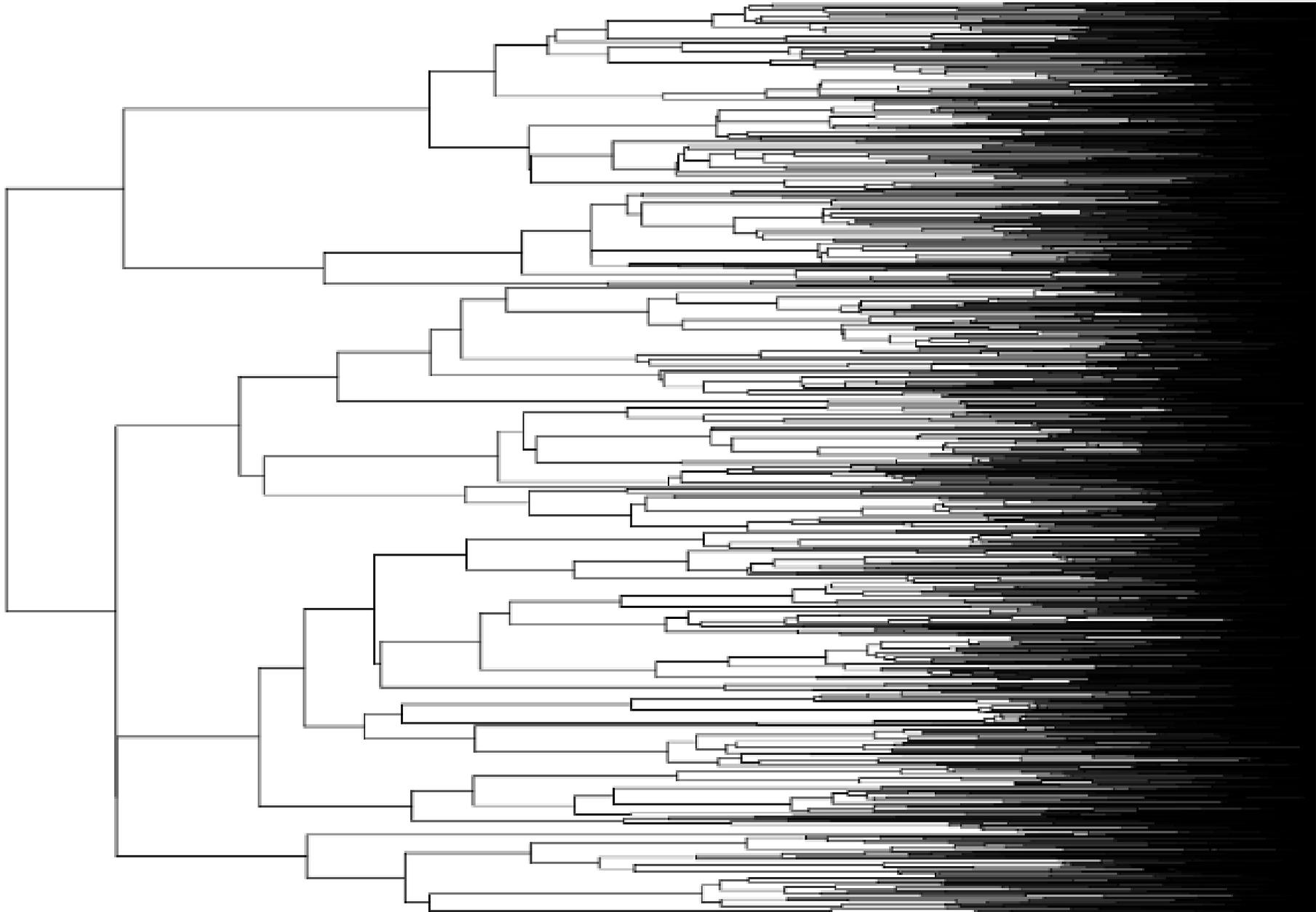
taux de speciation, 300 plus grands arbres

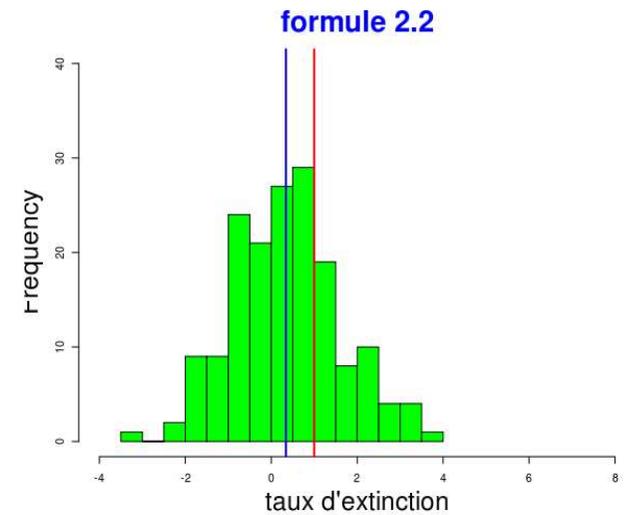
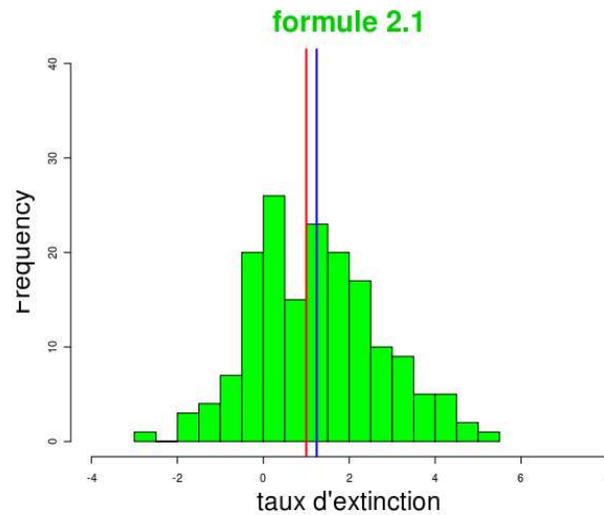
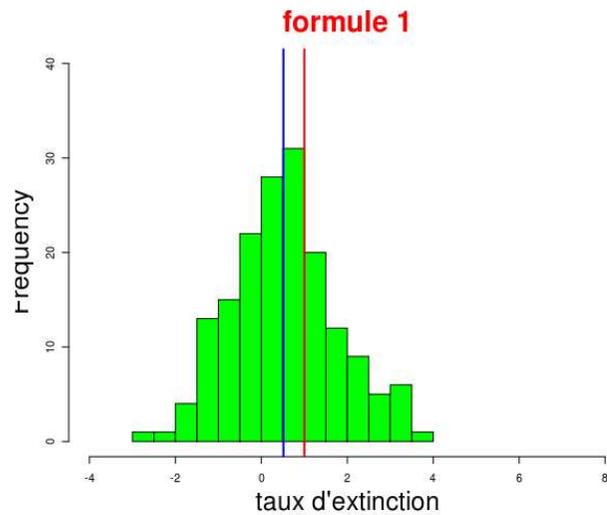
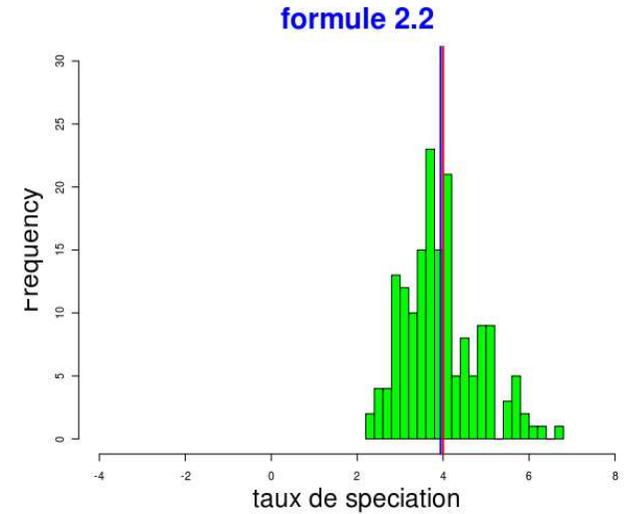
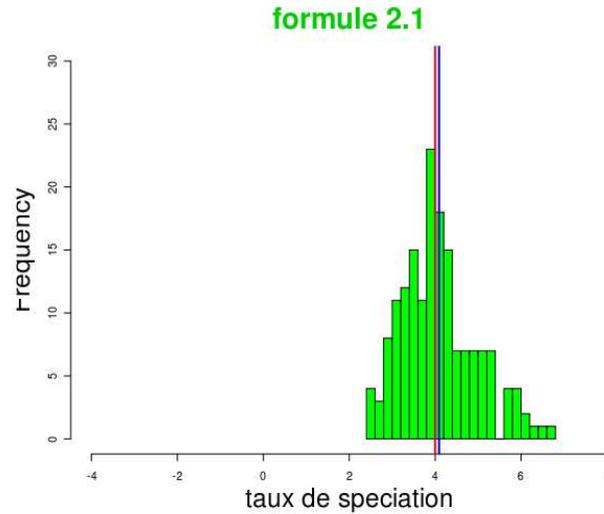
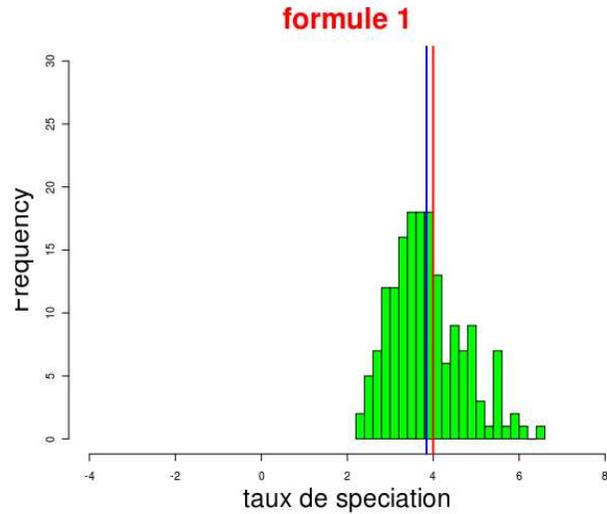


taux d'extinction, 300 plus grands arbres



	Formule 1	Formule 2.1	Formule 2.2
SD spéciation	0.0486401	0.04864382	0.0491386
SD extinction	0.07917239	0.07966314	0.0790816





	Formule 1	Formule 2.1	Formule 2.2
SD spéciation	0.845547	0.8787054	0.867201
SD extinction	1.225961	1.474013	1.251919

Synthèse :

- Apparemment les trois méthodes semblent efficaces pour traiter des grands arbres mais la variance de l'estimation est beaucoup plus forte pour les arbres plus petits (limite → 2500 espèces).
- La **formule 1** semble tout de même supérieure
- Le taux de spéciation est toujours mieux estimé

- Il serait intéressant de refaire les simulations avec d'autres taux de spéciation et d'extinction → ordinateur puissant recommandé!
- Il serait intéressant de voir si certaines études s'étant basées sur les formules de vraisemblance que nous avons testées ont utilisé des arbres trop petits ce qui a très bien pu les mener à des conclusions erronées.
- Chercher une formule de vraisemblance fonctionnant bien pour des arbres phylogénétiques de taille normale

Merci de votre attention
et
Merci à Micha

Questions ?

trestan.pillonel@unil.ch et herve.cachin@unil.ch