

Estimating rate of speciation and extinction in tropical plants

Anna Lisa Mascitti@unil.ch,
Linda Mueller@unil.ch, Vincent Sonnay@unil.ch
Travail supervisé par Nicolas Salamin



Plan

- Buts principaux
- Intérêt et pertinence du projet
- Rappel concernant la phylogénie
- Travail accompli jusqu'à maintenant
- Travail restant à accomplir
- Difficultés rencontrées



Buts principaux

1. Mécanismes d'évolution
Facteurs influençant les taux d'extinction et de spéciation
Utilisation et interprétation de données phylogénétiques
2. Estimer les taux d'extinction et de spéciation à partir d'un arbre phylogénétique



Intérêts et pertinence du projet

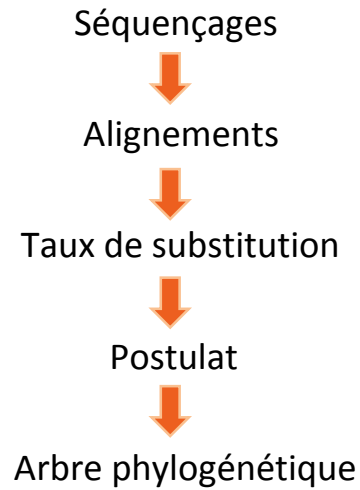
1. Interdisciplinarité
2. Méthodologie de recherche
3. Biologie évolutive + phylogénétique



Compréhension de la biodiversité et de sa conservation



Rappel concernant la phylogénie



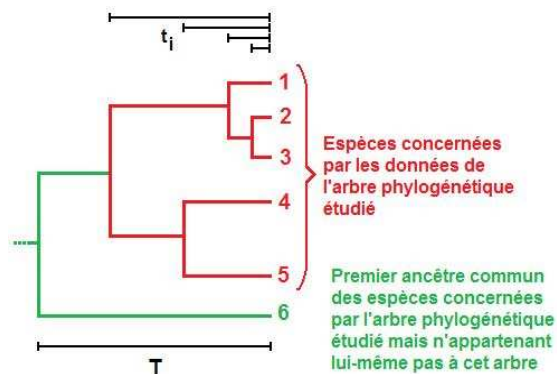
Rappel concernant la phylogénie

Les arbres phylogénétiques sont des **modèles**
Les méthodes de calculs utilisées sont des **approximations**

→ Les résultats obtenus sont des **estimations** et comprennent donc une certaine marge d'erreur



Travail accompli jusqu'à maintenant



→ `t <- branching.times`
→ `T <- temps écoulé depuis le nœud racinaire ancestrale`



Travail accompli jusqu'à maintenant

Utilisation du logiciel R:

1. Télécharger le package Ape:

`library(ape)`

2. Charger le fichier arbre:

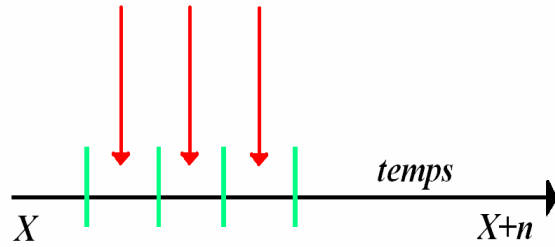
`arbre <- read.tree("treefile")`



Travail accompli jusqu'à maintenant

3. Birth and death: modèle stochastique

Cas possibles : $+1(\lambda)$, $-1(\mu)$, 0



$$p_1(t) = \frac{(\lambda - \mu)^2 e^{(\lambda - \mu)t}}{(\lambda e^{(\lambda - \mu)t} - \mu)^2}$$

avec λ = taux de spéciation, μ = taux d'extinction



Travail accompli jusqu'à maintenant

Création de la fonction avec les exceptions

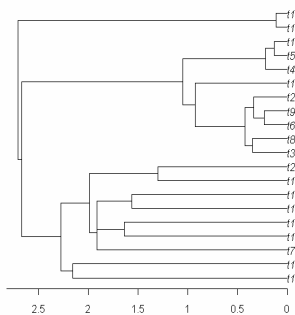
```
p<-function(l,m,t) {
  num<- (l-m)^2*exp((l-m)*t)
  den<- (l*exp((l-m)*t)-m)^2
  return(num/den)
}
```

```
prob<-function(l,m,t) {
  if(m==l) {
    like<-log(1/((1+t)^2))
  } else { like<-log(p(l,m,t)) }
  if(is.nan(like) | is.infinite(like)) {
    return(-1000000000)
  } else { return(like) }
}
```

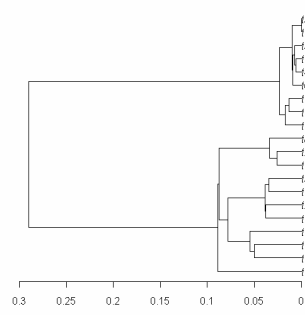


Travail accompli jusqu'à maintenant

$l=1$, $m=1$, $spp=20$

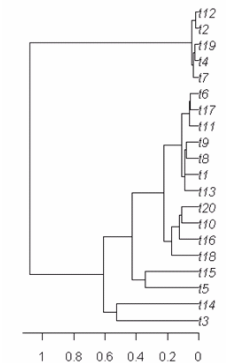


$l=20$, $m=0.1$, $spp=20$



Travail accompli jusqu'à maintenant

Processus stochastique: $l = 5$, $m = 2$



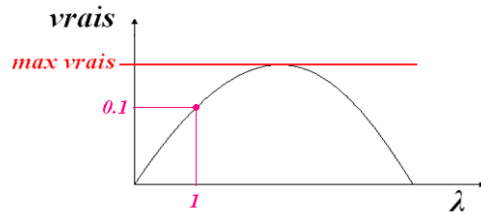


Travail accompli jusqu'à maintenant

4. Vraisemblance: $L(\lambda, \mu | t, T)$

$$Prob(n, t_1, \dots, t_n | T, \mu, \lambda) = p_1(T) \lambda^{n-1} (n-1)! \prod_{i=1}^{n-1} p_1(t_i) dt_i$$

```
vrais<- fonction(l,m,t,T) {
a<- prob(l,m,T) + sum(sapply(t, prob, l=l, m=m)) +
length(t)*log(l)
return(a)}
```



Travail accompli jusqu'à maintenant

5. Matrice de stockage

- Définir des valeurs pour λ et μ
- appliquer vrais à la matrice

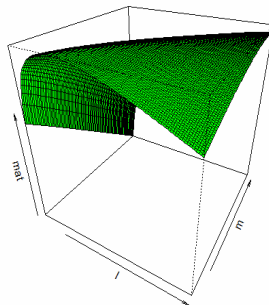
	Tx. spéciation l [i]				
Tx. extinction m [j]	0.0	0.1	0.2	...	9.9
0.0	x	x	x	...	x
0.1	x				x
0.2	x				x
.	.				.
.	.				.
.	.				.
9.9	x	x	x	...	x



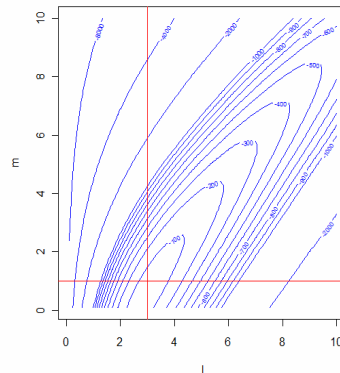
Travail accompli jusqu'à maintenant

6. Génération des graphiques:

Représentation tridimensionnelle de la vraisemblance des valeurs de l et m concernant arbre



Représentation en relief de la vraisemblance des valeurs de l et m concernant arbre



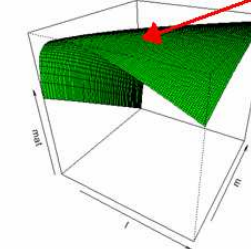
Travail à accomplir

Recherche de probabilité maximale



μ et λ les plus vraisemblables

Représentation tridimensionnelle de la vraisemblance des valeurs de l et m concernant arbre





Travail restant à accomplir

Méthodes

1. Derivées :

trop complexes dans notre cas

2. Méthodes itératives :

alternative non-algébrique,
approximation des résultats

↳ méthode de Newton et
algorithme du simplexe



Difficultés rencontrées

1. Utilisation du logiciel R

2. Première approche de la phylogénie

3. Méthodes itératives compliquées

Annalisa.Mascitti@unil.ch, Linda.Mueller@unil.ch, Vincent.Sonnay@unil.ch