

# JOURNÉE R

VENDREDI 24 MAI 2013  
MUSEUM NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE

## Package 'diversitree'

February 15, 2013

**Title** diversitree: comparative phylogenetic analyses of diversification

**Version** 0.9-3

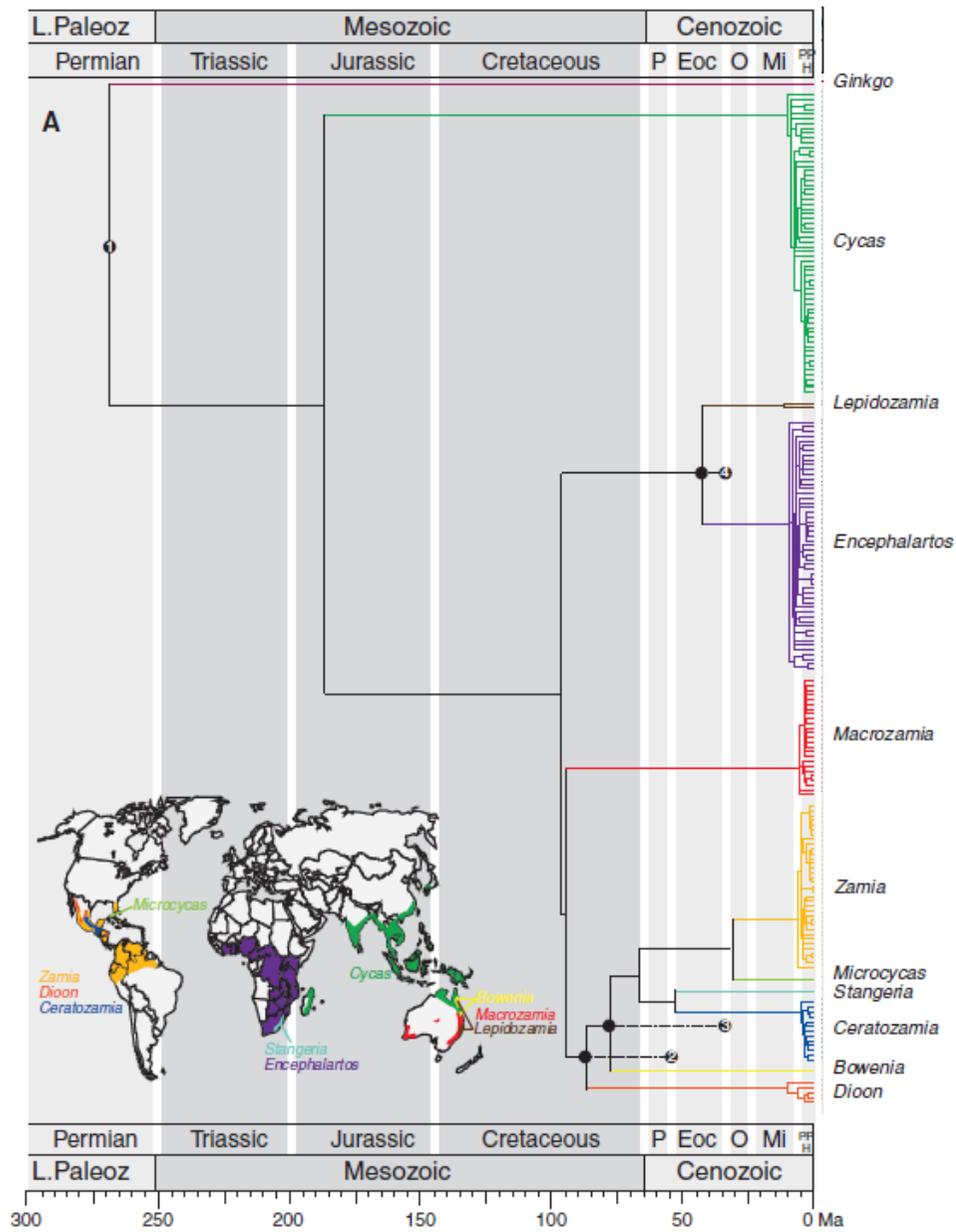
**Date** 2012-05-07

**Author** Richard G. FitzJohn <fitzjohn@zoology.ubc.ca>, with GeoSSE and ClaSSE by Emma E. Goldberg <eeg@uic.edu>, and BiSSE-ness by Karen Magnuson-Ford.

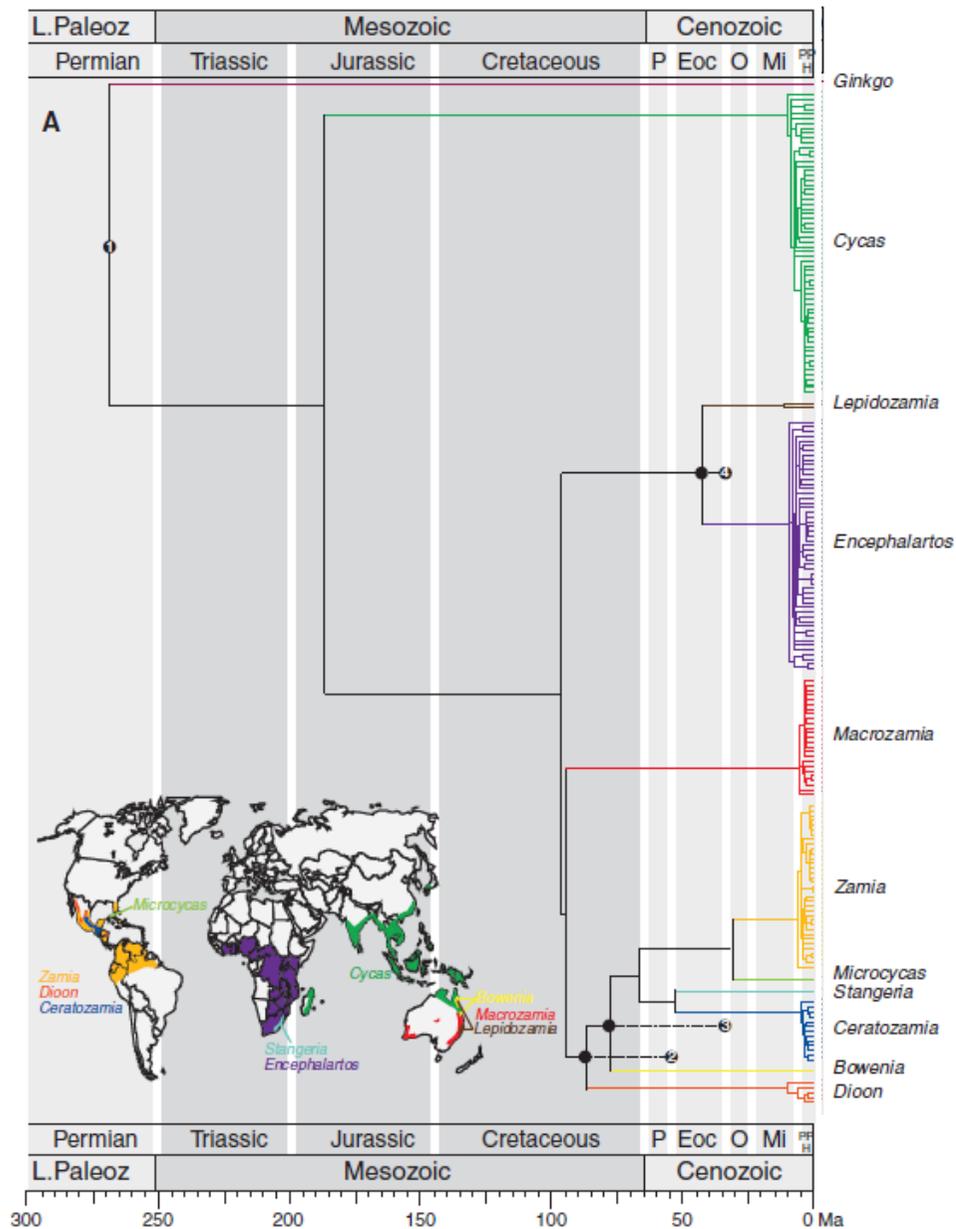
**Maintainer** Richard G. FitzJohn <fitzjohn@zoology.ubc.ca>

**Depends** R (>= 2.10), deSolve (>= 1.7), ape, subplex

# Problématique de Diversitree



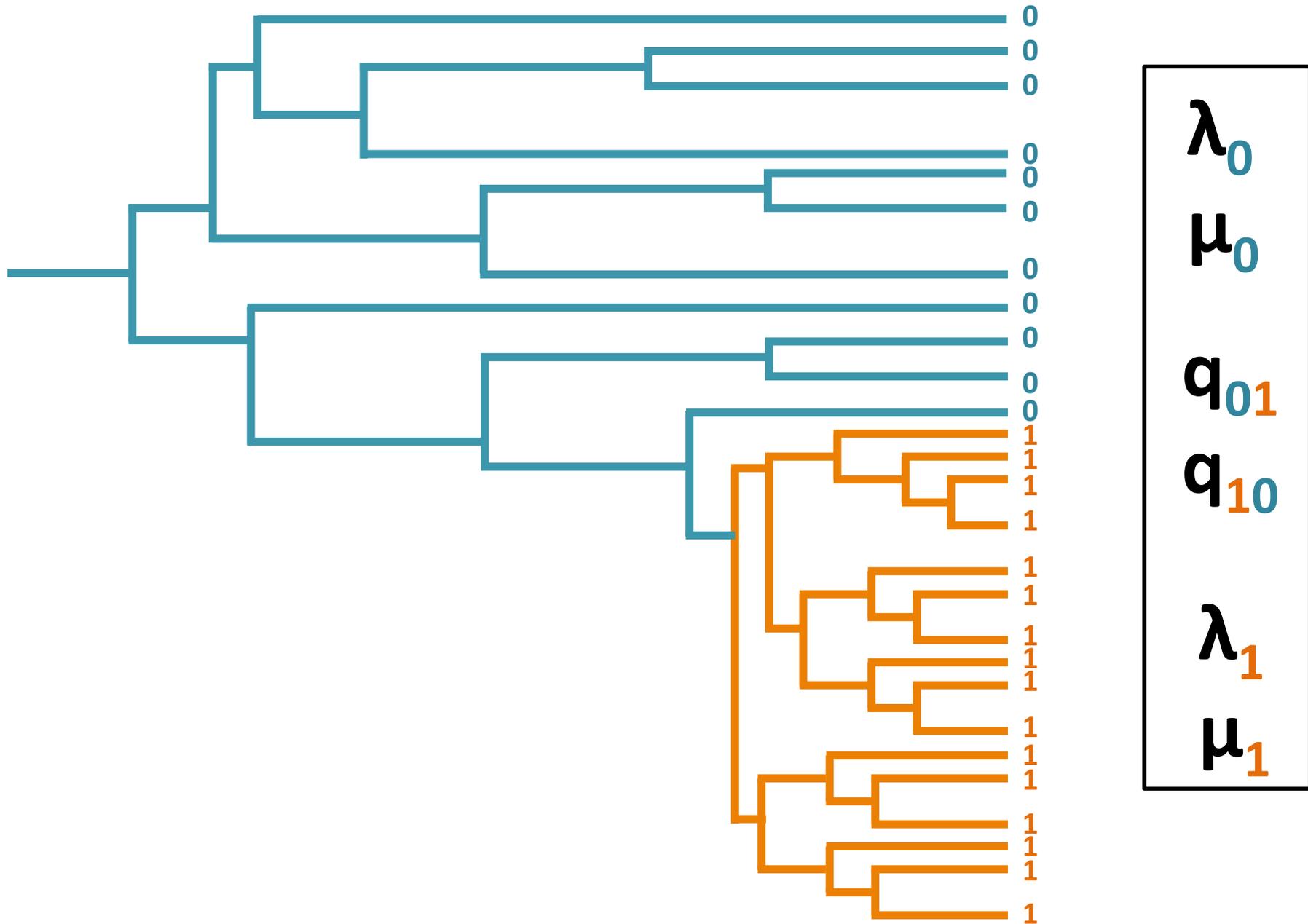
# Problématique de Diversitree



- Diversification dépend de **spéciation** et **extinction**
- Varient dans le temps et dans l'espace

**DIVERSITREE** => les taux de spéciation ou extinction dépendent-ils de l'état de certains caractères ?

# BiSSE : cas d'un caractère à deux états



# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Sur des données importées:

- charger un arbre et une table d'états de caractère :

```
>phy<-read.tree(phylogenie)
```

```
>states<-read.table("caractères.txt")
```

# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Sur des données importées:

- créer une fonction de vraisemblance :

```
> lik<-make.bisse(phy, states)
```

- créer des paramètres de départs :

```
> p<-starting.point.bisse(phy)
```

```
> p
```

| lambda0    | lambda1    | mu0        | mu1        | q01        | q10        |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| 0.12151858 | 0.12151858 | 0.04158195 | 0.04158195 | 0.01598733 | 0.01598733 |

# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Sur des données importées:

- chercher le maximum de vraisemblance:

```
> fit <- find.mle(lik, p)
```

```
> fit$lnLik
```

```
[1] -100.5233
```

```
> round(coef(fit), 3)
```

| lambda0 | lambda1 | mu0   | mu1   | q01   | q10   |
|---------|---------|-------|-------|-------|-------|
| 0.077   | 0.153   | 0.000 | 0.000 | 0.007 | 0.021 |

# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Sur des données importées:

- test  $\lambda_0 = \lambda_1$  :

```
>lik.l <- constrain(lik, lambda1 ~ lambda0)
```

```
>fit.l <- find.mle(lik.l, p[argnames(lik.l)])
```

```
>fit.l$lnLik  
[1] -100.7216
```

```
> round(rbind(full=coef(fit), equal.l=coef(fit.l, TRUE)), 3)
```

|         | lambda0 | lambda1 | mu0   | mu1 | q01   | q10   |
|---------|---------|---------|-------|-----|-------|-------|
| full    | 0.077   | 0.153   | 0.000 | 0   | 0.007 | 0.021 |
| equal.l | 0.123   | 0.123   | 0.067 | 0   | 0.000 | 0.054 |

```
> anova(fit, equal.l=fit.l)
```

|         | Df | lnLik   | AIC    | ChiSq   | Pr(> Chi ) |
|---------|----|---------|--------|---------|------------|
| full    | 6  | -100.52 | 213.05 |         |            |
| equal.l | 5  | -100.72 | 211.44 | 0.39656 | 0.5289     |

# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Sur des données importées:

- avec une chaîne de Markov

```
>prior <- make.prior.exponential(1 / (2 * (p[1] - p[3])))
```

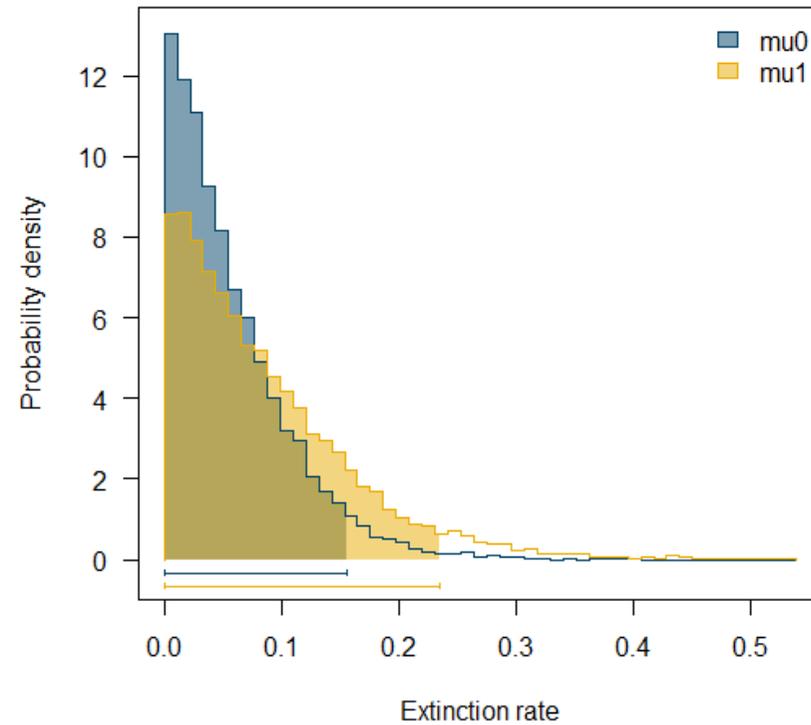
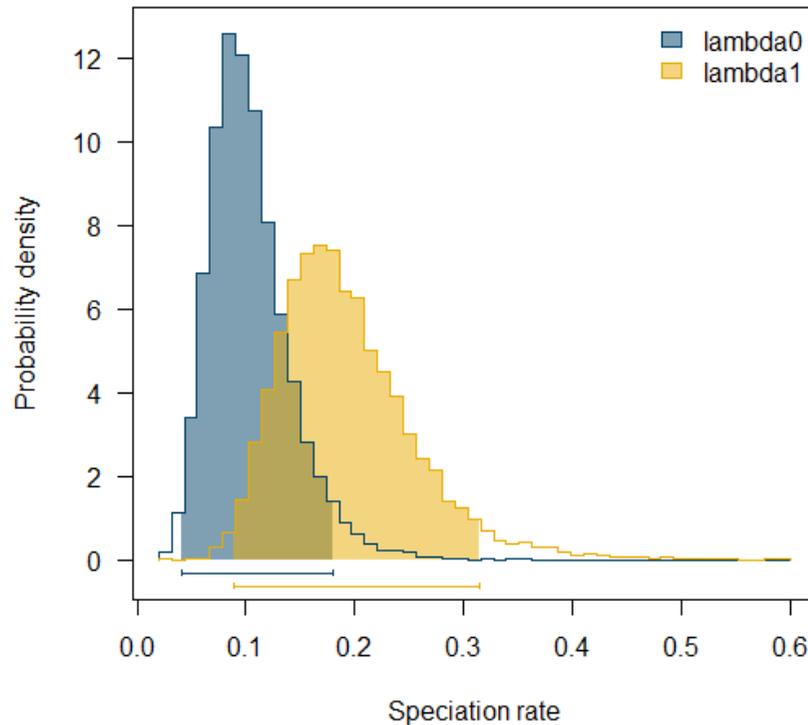
```
>samples <- mcmc(lik, fit$par, nsteps=10000, w=w, lower=0, prior=prior,  
print.every=0)
```

# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Sur des données importées:

- avec une chaîne de Markov

```
>profiles.plot(samples[c("lambda0", "lambda1")], col.line=col, las=1,  
xlab="Speciation rate", legend="topright")
```



# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

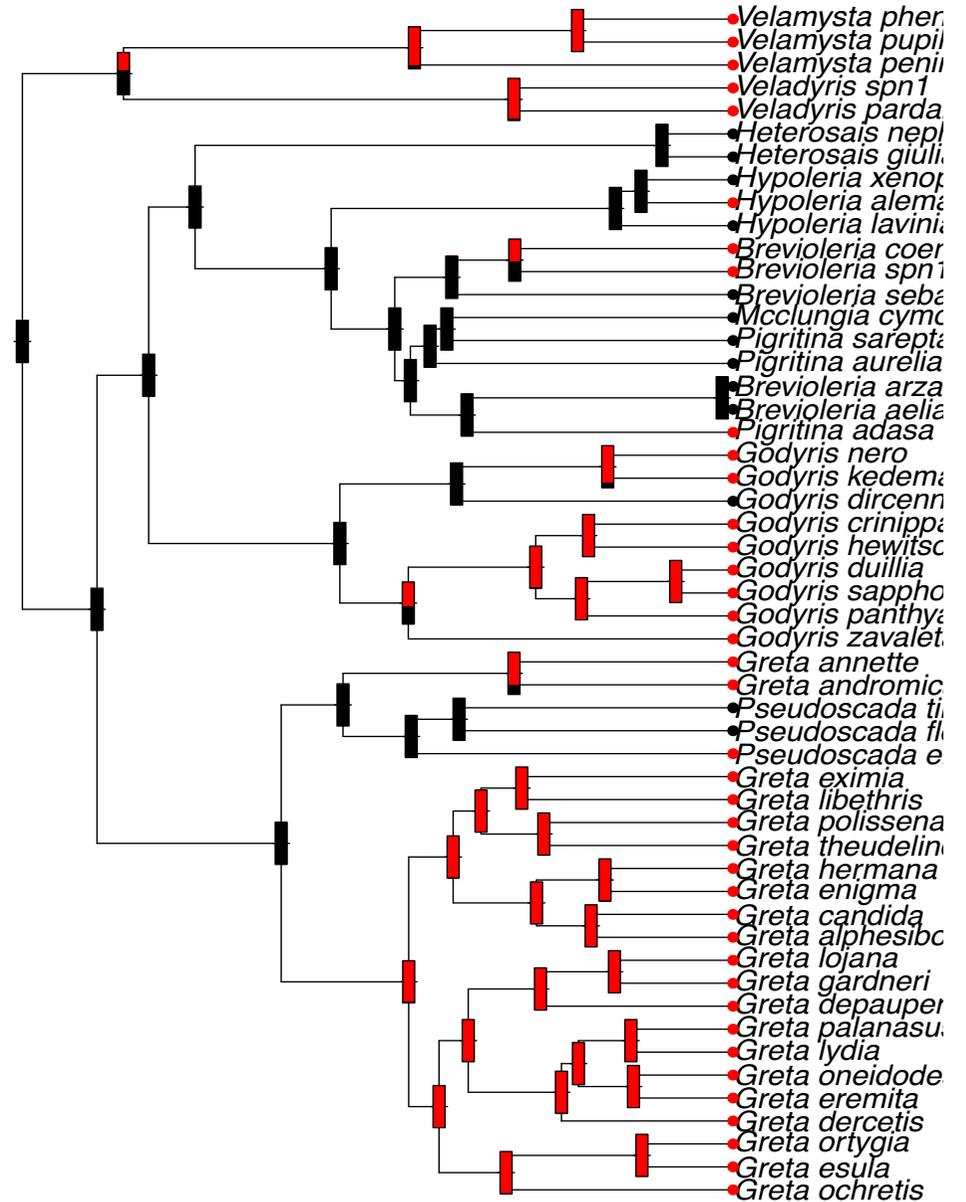
## Sur des données importées:

- reconstruction ancestrale de caractère :

```
>plot(tree.1)
```

```
>st <- asr.marginal(lik, coef(fit))
```

```
>nodelabels(thermo=t(st), piecol=1:2)
```



# BiSSE : cas d'un caractère à deux états

## Simuler un arbre :

- créer un vecteur de paramètres :  $\lambda_0 \lambda_1 \mu_0 \mu_1 q_{01} q_{10}$

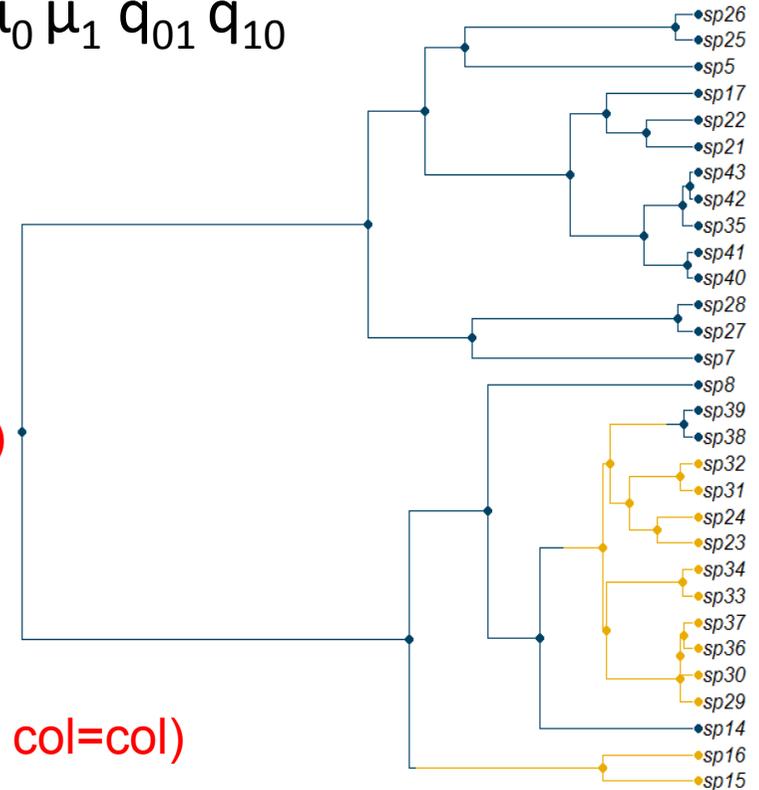
```
> pars <- c(0.1, 0.2, 0.03, 0.03, 0.01, 0.01)
```

- simuler la phylogénie :

```
> phy <- tree.bisse (pars, max.taxa=30, x0=0)
```

- représenter l'arbre simulé :

```
> plot(history.from.sim.discrete(phy, 0:1), phy, col=col)
```



# D'autres modèles

- **BISSE**: 1 caractère discret, 2 états, changements anagénétiques, taux constants dans le temps, taux homogènes dans la phylogénie, polytomies
  - BISSE.t et td: taux variables dans le temps (continus et discrets)
  - BISSEness: changements anagénétiques et cladogénétiques
  - BISSE.split: subdivise la phylogénie en régions à taux différents
  
- **GEOSSE**: 1 caractère, 2 états (0, 1, 01).
  - GEOSSE.split
  
- **MUSSE**: n caractères discrets, n états
  - MUSSE.t et td
  - MUSSE.split
  
- **QUASSE**: 1 caractère continu
  - QUASSE.split