

Table of Contents

Homogeneity Partition Test

Como testar se dois marcadores independentes são congruentes, i.e. eles contam a mesma história evolutiva. E portanto, podem ser combinados numa análise. Para executar este teste no PAUP você precisa de um arquivo NEXUS com as partições (marcadores) especificados.

- [Exemplo de arquivo NEXUS](#)

No arquivo do exemplo, a matriz de dados contém 3 marcadores: *its*, *rpl20-rps12* e *rps16*. Os dois últimos são do chloroplasto. Assim, as seguintes partições foram definidas no arquivo. Os alinhamentos estão concatenados e as posições dos marcadores são indicadas pelo Bloco SETS do arquivo Nexus. Note que além dos marcadores individuais, há também uma definição que une os dois marcadores de cloroplasto.

```
BEGIN SETS;  
  charset its = 1-639;  
  charset rpl20 = 640-3335;  
  charset rps16 = 3336-4521;  
  charset cpdna = 640-4521;  
END;
```

Para testar se o **its** é congruente (conta a mesma história) que os marcadores de cloroplasto (que a priori podemos assumir são congruentes, porque é um genoma haploide que é herdado uniparentalmente e não sofre recombinação), então o bloco PAUP para o HPT é o seguinte:

```
BEGIN PAUP;  
  set increase;  
  [para salvar os resultados do teste]  
  log file=logodoHomoTest.log append;  
  [define as particoes que serao testadas]  
  charpartition P1 = its:its, cpdna:cpdna;  
  [exclui invariantes e autapomorficos, pois aumenta a probabilidade de  
falsos negativos em testes ILD]  
  exclude uninf ;  
  [faz um teste ILD com 1000 réplicas, 3 adicoes aleatórias por réplica,  
usa TBR e move para a próxima réplica que está demorando mais do que 10  
minutos]  
  hompart partition=P1 nreps=1000 / start=stepwise addseq=random nreps=3  
savereps=no randomize=addseq rstatus=no hold=1 swap=tbr multrees=yes  
timelimit=600;  
  include all;  
  log stop;  
END;
```

O resultado obtido da análise do arquivo acima sugere que os marcadores são incongruentes (o número de passos nos dados combinados é sempre maior do que a soma do número de passos dos dados individuais).

P A U P *

Version 4.0a151 for Unix/Linux (built on Jan 2 2017 at 07:31:46)
Thu May 4 03:24:08 2017

-----NOTICE-----
This is an alpha-test version that is still changing rapidly.
It will expire on 1 Jul 2017.

Please report bugs to david.swofford@duke.edu

Character-exclusion status changed:

4207 characters excluded
Total number of characters now excluded = 4207
Number of included characters = 314

Partition-homogeneity test with heuristic search:

Character partition = P1
Starting seed = generated automatically
Number of replicates = 1000
Optimality criterion = parsimony
Character-status summary:
4207 characters are excluded
Of the remaining 314 included characters:
All characters are of type 'unord'
All characters have equal weight
All characters are parsimony-informative
Gaps are treated as "missing"
Starting tree(s) obtained via stepwise addition
Addition sequence: random
Number of replicates = 3
Starting seed = generated automatically
Number of trees held at each step = 1
Branch-swapping algorithm: tree-bisection-reconnection (TBR) with
reconnection limit = 8
Steepest descent option not in effect
Time limit of 600 seconds imposed for each partition-subset replicate
Initial 'Maxtrees' setting = 100
Branches collapsed (creating polytomies) if maximum branch length is zero
'MulTrees' option in effect
No topological constraints in effect
Trees are unrooted

Warning: Partition 'P1' is defined for characters that are currently excluded:

534 characters in subset its
3673 characters in subset cpdna

The limit of 100 trees (= 'Maxtrees') has been reached. Do you want to increase Maxtrees?

Do you want to increase 'Maxtrees'? (y/N)n

Best trees rep	Elapsed time overall	AddSeq Rep	Taxa added	Rearr. tried	Number of trees saved	Number of trees to swap	----- this
606	0:01:00	38b 606	1	-	97841	44	35
292	0:02:00	74a 292	1	-	587528	100	84
283	0:03:00	111a 283	1	-	547794	100	42
576	0:04:00	150b 576	1	-	661939	100	16
294	0:05:00	189a 294	1	-	29535	0	1
575	0:06:00	227b 575	1	-	79150	58	51
261	0:07:00	267a 261	1	-	65776	38	31
566	0:08:00	304b 566	1	-	511602	50	37
271	0:09:00	342a 271	1	-	815055	100	15
276	0:10:00	377a 276	1	-	274294	100	70
293	0:11:00	413a 293	1	-	615738	17	16
619	0:12:00	448b 609	2	-	561897	100	49
288	0:13:00	484a 288	1	-	901329	100	7
567	0:14:00	523b 567	1	-	245524	100	68
591	0:15:00	560b 591	1	-	145086	35	19
273	0:16:00	600a 273	1	-	493788	100	46
590	0:17:00	637b 590	1	-	147856	88	79
549	0:18:00	675b 549	1	-	308978	100	72
292	0:19:00	714a 292	1	-	937422	100	43
295	0:20:00	751a 295	1	-	360881	100	69
	0:21:00	787a	1	-	223304	100	87

273	273					
0:22:00	822a	1	-	849334	100	37
280	280					
0:23:00	858b	1	-	750981	100	17
599	599					
0:24:00	896b	1	-	196536	100	76
588	588					
0:25:00	937b	1	-	733554	100	26
568	568					
0:26:00	975a	1	-	512281	100	52
271	271					
0:26:40	1000b	1	-	831986	0	-
592	592					

1000 partition-homogeneity test replicates completed

Note: Effectiveness of search may have been diminished due to tree-buffer overflow.

Time used = 00:26:39 (CPU time = 00:26:37.4)

Results of partition-homogeneity test:

Sum of tree lengths	Number of replicates
769*	1
846	1
848	5
849	3
850	3
852	9
853	10
854	10
855	21
856	21
857	32
858	43
859	46
860	51
861	72
862	71
863	76
864	70
865	67
866	82
867	87
868	54
869	47
870	48
871	15

872	16
873	12
874	6
875	6
876	6
877	3
878	1
879	1
880	3
881	1

* = sum of lengths for original partition

P value = $1 - (999/1000) = 0.001000$

Character-exclusion status changed:

4207 characters re-included

Total number of characters now excluded = 0

Number of included characters = 4521

From:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/> - **Ecologia e Evolução de Plantas Amazônicas**

Permanent link:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/doku.php?id=cursos:bot99:aulas:praticas:hompart>

Last update: **04/57/2017 07:57**