

Tabla 1.

| Método | Fundamento y asunciones | Ventajas | Inconvenientes | Software |
|----------------------|---|--|---|--|
| MÁXIMA PARSIMONIA | <p>Busca y selecciona los árboles con menor cantidad de cambios evolutivos</p> <p>Congruencias entre los caracteres son el resultado de relaciones filogenéticas</p> <ul style="list-style-type: none"> - tipo de problema: no polinomial - método de búsqueda de árboles basado en el criterio de optimización - criterio de optimización: máxima parsimonia - tipo de búsqueda: exhaustiva (<i>branch and bound</i>) o heurística - algoritmo de construcción y búsqueda: <i>star decomposition</i> o <i>stepwise addition</i> | <ul style="list-style-type: none"> - minimiza las hipótesis <i>ad hoc</i> (reversiones, paralelismos, etc.) - relativamente rápido con grandes matrices de datos - robusto si las longitudes de rama son cortas (amplio muestreo o baja divergencia) - se pueden inferir estados ancestrales | <ul style="list-style-type: none"> - sensible al orden de entrada de los datos - descarta información potencialmente relevante (autoapomorfías) - posible subestimación del número de sustituciones - altamente afectada por atracción de ramas largas y “zona Felsenstein” (Huelsenbeck 1998, aunque véase Hillis et al. 1996) - ausencia de un modelo evolutivo explícito (Platnick 1985) - alto riesgo de caer en mínimos locales - no asume la superposición de cambios (<i>multiple hits</i>) que son tratados como fuente de falsa homología (aunque puede compensarse vía pesado) - múltiples árboles debido al tratamiento de pasos discretos | TNT PAUP MEGA PHYLIP |
| MÁXIMA VEROSIMILITUD | <p>Selecciona el árbol con mayor probabilidad de explicar los datos dado el árbol y el modelo evolutivo</p> <ul style="list-style-type: none"> - tipo de problema: no polinomial - método de búsqueda de árboles basado en criterio de optimización - criterio de optimización: máxima verosimilitud - tipo de búsqueda: exhaustiva (<i>branch and bound</i>) o heurística - tipo de algoritmo de construcción y búsqueda: <i>star decomposition</i> o <i>stepwise addition</i> | <ul style="list-style-type: none"> - los modelos de sustitución nucleotídica se incluyen en el proceso de estima - poco sensible a atracción de ramas largas (Gaut & Lewis 1995) - robusto y poco sensible a la violación de sus asunciones (Huelsenbeck 1995) - método menos afectado por el error de muestreo ya que proporciona las estimas con menor varianza (Hillis et al. 1996) - permite la superposición de múltiples cambios en una misma posición (<i>multiple hits</i>) | <ul style="list-style-type: none"> - fuerte demanda de memoria - fallos cuando hay muchas secuencias y pocos nucleótidos (Piontkivska 2004) - riesgo de caer en mínimos locales (Salter & Pearl 2001) - sensible al modelo de sustitución seleccionado | RAXML GARLI PAUP MEGA PHYLIP |

Tabla 1. [continuación]

| Método | Fundamento y asunciones | Ventajas | Inconvenientes | Software |
|----------------------|--|--|--|---------------------------|
| INFERENCIA BAYESIANA | <p>Selecciona los árboles con mayor probabilidad a posteriori de explicar los árboles, dados los datos y el modelo</p> <p>La distribución <i>a priori</i> de los parámetros especificadas</p> <ul style="list-style-type: none"> - tipo de problema: no polinomial - método de búsqueda de árboles basado en criterio de optimización - criterio de optimización: máxima probabilidad a posteriori - tipo de búsqueda: estocástica - tipo de algoritmo de búsqueda: Metropolis-coupled Markov Chain Monte Carlo | <ul style="list-style-type: none"> - los modelos de sustitución nucleotídica se incluyen en el proceso de estima - permite la implementación de modelos evolutivos complejos - relativamente rápido con grandes matrices de datos - poco sensible a atracción de ramas largas - permite la superposición de múltiples cambios en una misma posición (<i>multiple hits</i>) - proporciona valores de apoyo a las ramas - exploran más espacio al usar MCMC - menor riesgo de caer en mínimos locales al usar la variante Metropolis-coupled de MCMC | <ul style="list-style-type: none"> - fuerte demanda de memoria - posible sobreestimación de los valores de apoyo de las ramas - sensible al modelo de sustitución seleccionado | MrBayes BAMBE BEAST |
| NEIGHBOUR-JOINING | <p>Calcula distancias entre pares de especies y devuelve el árbol con menor longitud entre pares de especies y nodos</p> <p>Asume modelo evolutivo</p> <ul style="list-style-type: none"> - tipo de problema: polinomial - método algorítmico basado en coeficientes de distancias - algoritmo de construcción: star decomposition | <ul style="list-style-type: none"> - rapidez - permite la superposición de múltiples cambios en una misma posición (<i>multiple hits</i>) | <ul style="list-style-type: none"> - sensible al orden de entrada de los datos (Farris et al. 1996) - diferencias entre las secuencias no reflejan fielmente la distancia evolutiva - no se pueden identificar los caracteres que apoyan las ramas - pobre para conjuntos grandes de datos - pérdida de información al convertir las secuencias en distancias (Steel et al. 1988) - poco fiables las distancias calculadas cuando las secuencias son altamente divergentes | PHYLIP PAUP MEGA |