

UN APERÇU DES MÉTHODES D'ANALYSE COMPARATIVE

...OU COMMENT ÊTRE PHYLOGÉNÉTIQUEMENT CORRECT
LORS D'UNE ÉTUDE CORRÉLATIVE EN CONTEXTE ÉVOLUTIF

Yves Desdevises

Université Pierre et Marie Curie
Observatoire Océanologique de Banyuls/Mer

L'ANALYSE COMPARATIVE

- Etude de l'évolution corrélée de caractères (quantitatifs ou qualitatifs), généralement entre espèces
- Lien trait/trait ou trait/environnement (adaptation)
 - Taille / longévité
 - Métabolisme / température
 - Coloration / grégarité
 - ...

PHYLOGENIES AND THE COMPARATIVE METHOD

JOSEPH FELSENSTEIN

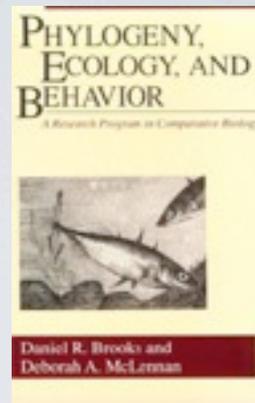
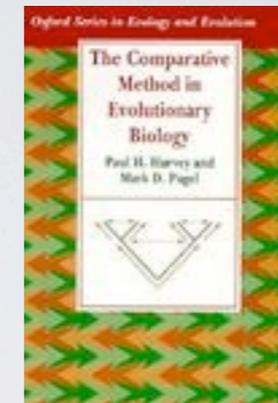
Department of Genetics SK-50, University of Washington, Seattle, Washington 98195

Submitted November 30, 1983; Accepted May 23, 1984

- Quelques dates clés

- 1985 : Felsenstein

- 1991 : Harvey & Pagel ; Brooks & McLennan



- Les espèces proches ont tendance à se ressembler et ne sont pas des observations indépendantes (pseudoréplication)
- Contraintes phylogénétiques (morphologie, physiologie, génétique, développement, ...) : inertie, signal, structure, ...
- Phylogénie = variable confondante

EXEMPLE

Hypothèse : la taille est une adaptation à l'altitude

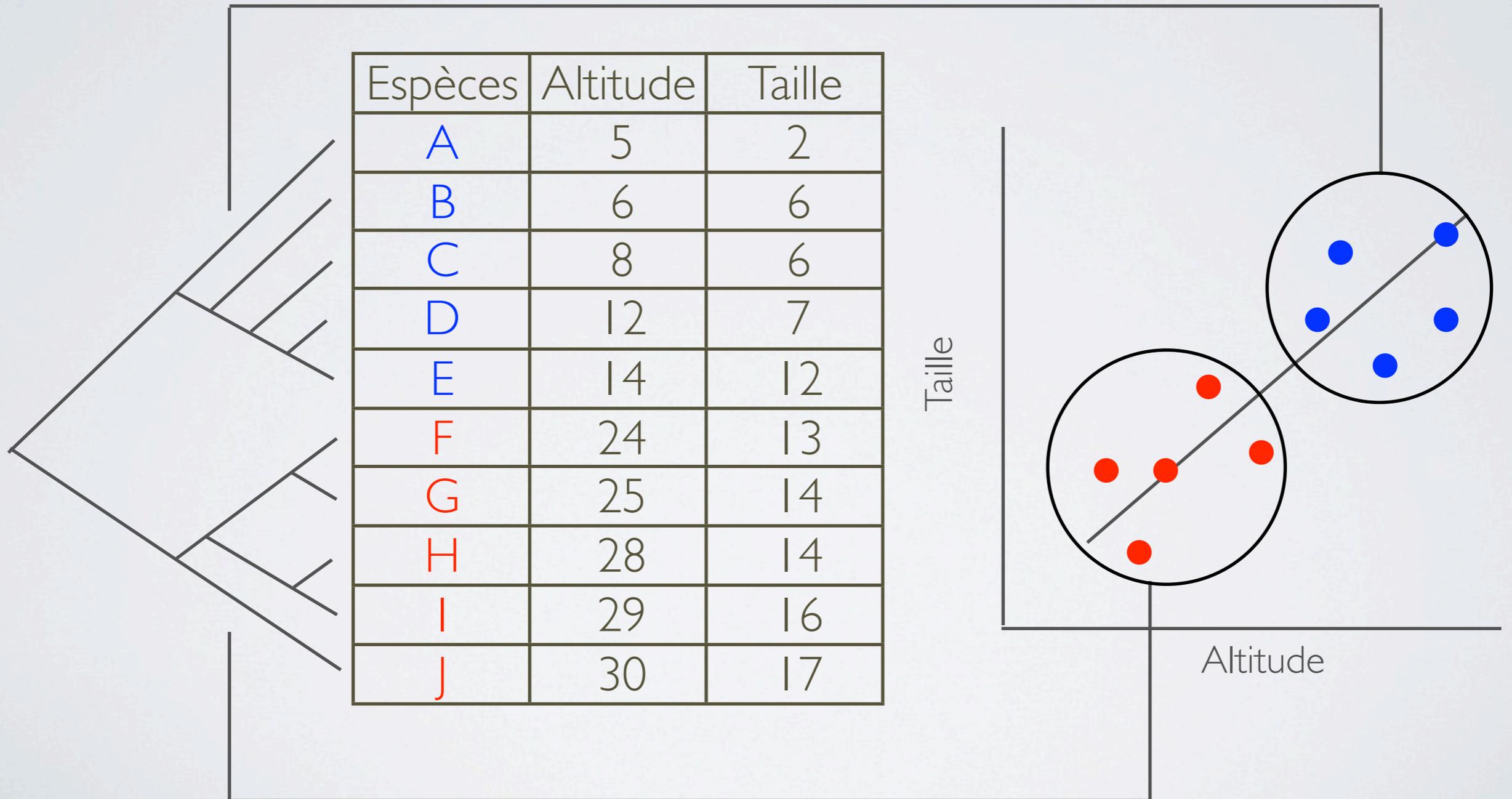
Espèces	Altitude	Taille
A	5	2
B	6	6
C	8	6
D	12	7
E	14	12
F	24	13
G	25	14
H	28	14
I	29	16
J	30	17



➔ corrélation : adaptation ?

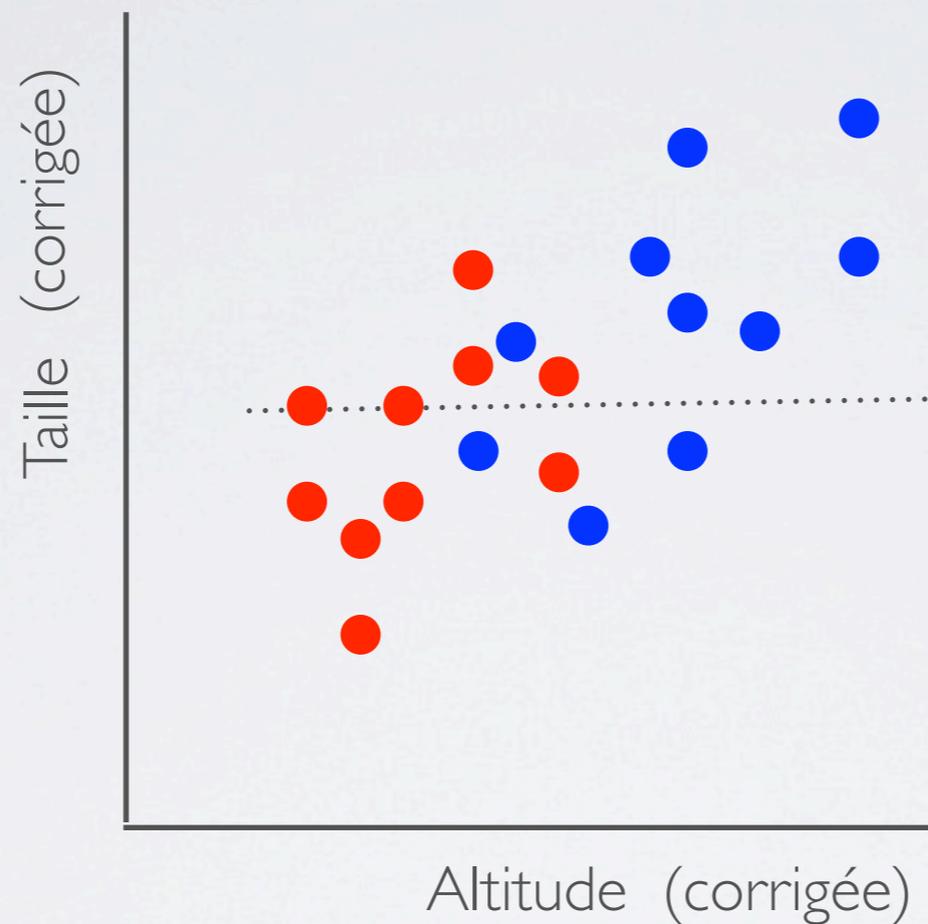
PROBLÈME

- La phylogénie rend les données non indépendantes



Solution

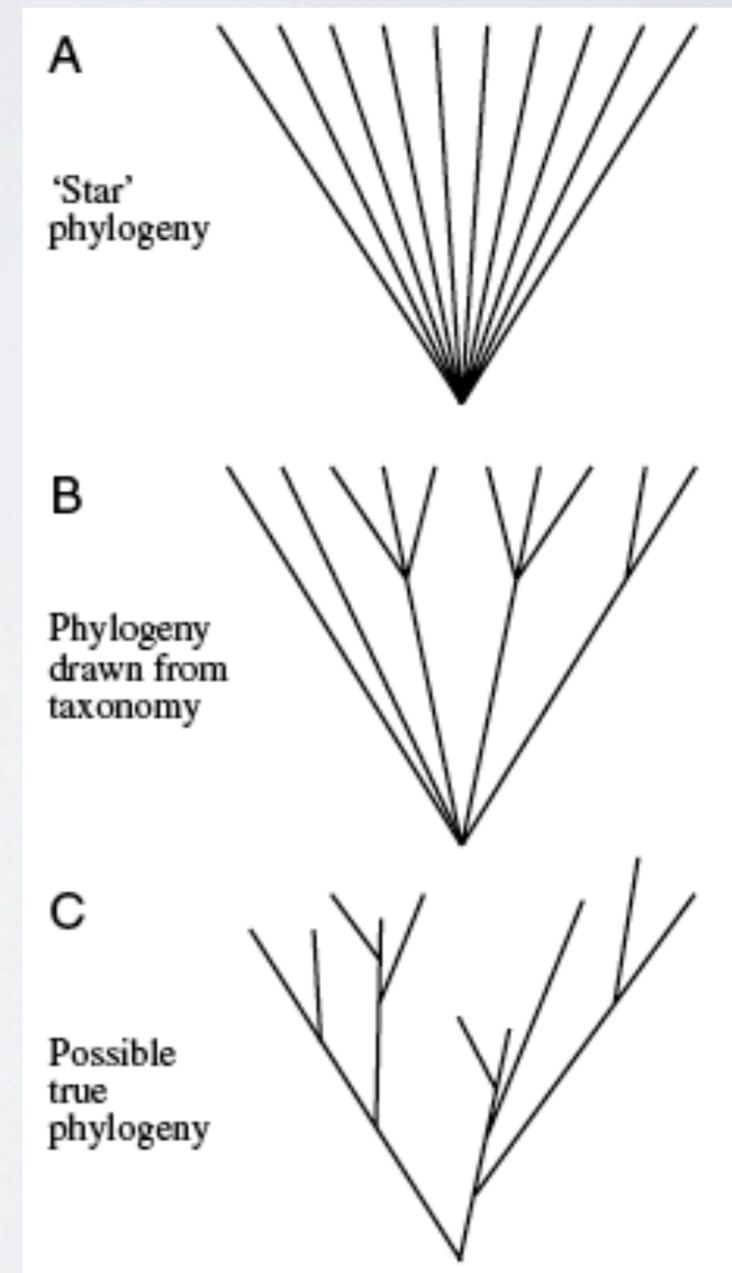
- Contrôle des contraintes phylogénétiques



pas de corrélation

➔ *Analyse comparative*

- L'utilisation de statistiques classiques nécessite l'indépendance des observations, équivalente à une phylogénie "en étoile", ce qui est en général faux
- Il faut prendre la phylogénie en compte (au moins la taxonomie)



Commentary

Phylogenetic approaches in comparative physiology

Theodore Garland, Jr¹, Albert F. Bennett^{2,*} and Enrico L. Rezende¹

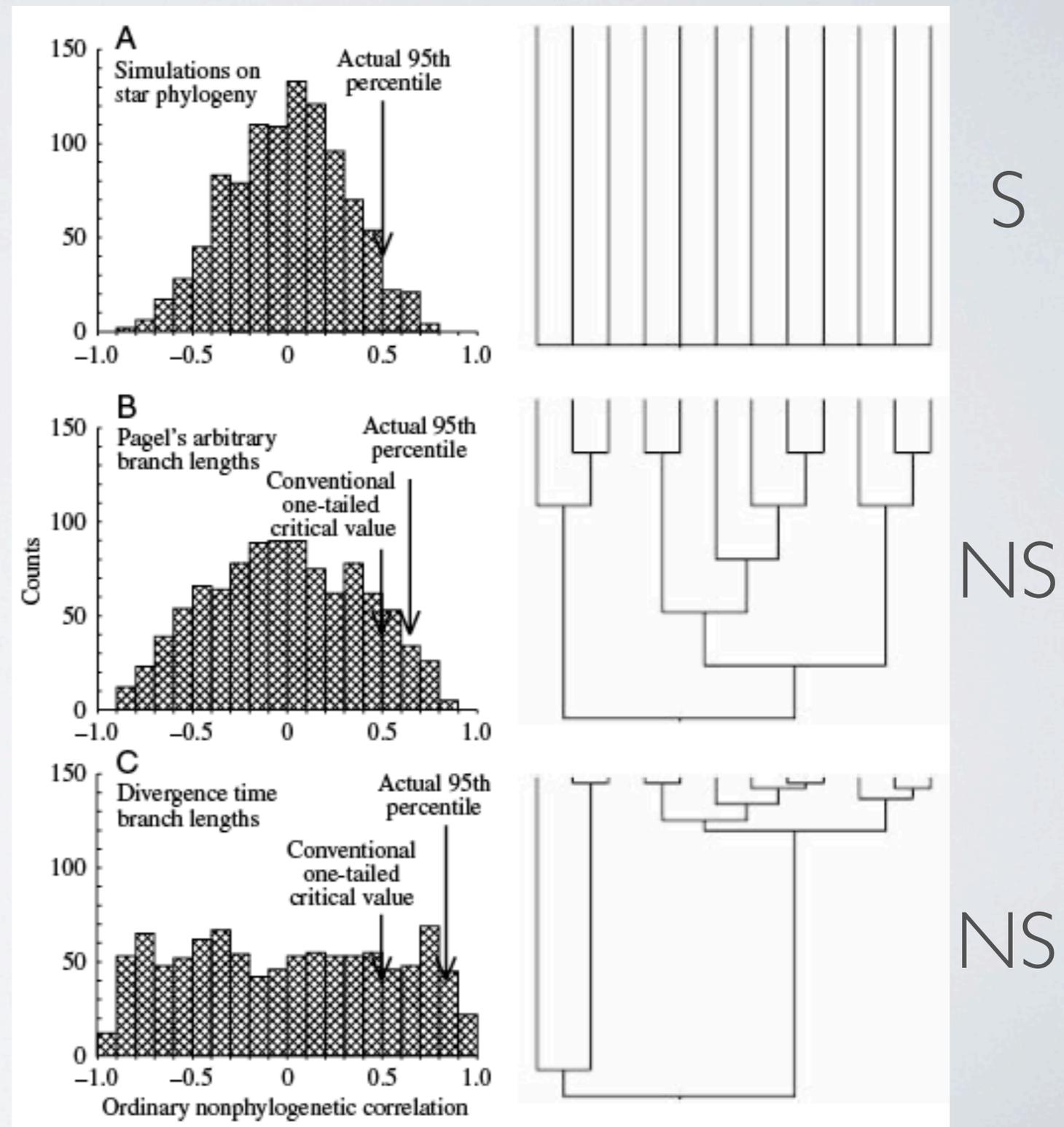
¹Department of Biology, University of California, Riverside, CA 92521, USA and ²Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of California, Irvine, CA 92697, USA

*Author for correspondence (e-mail: abennett@uci.edu)

- Exemple : corrélation température corporelle - température optimale en course chez 12 espèces de lézards ?

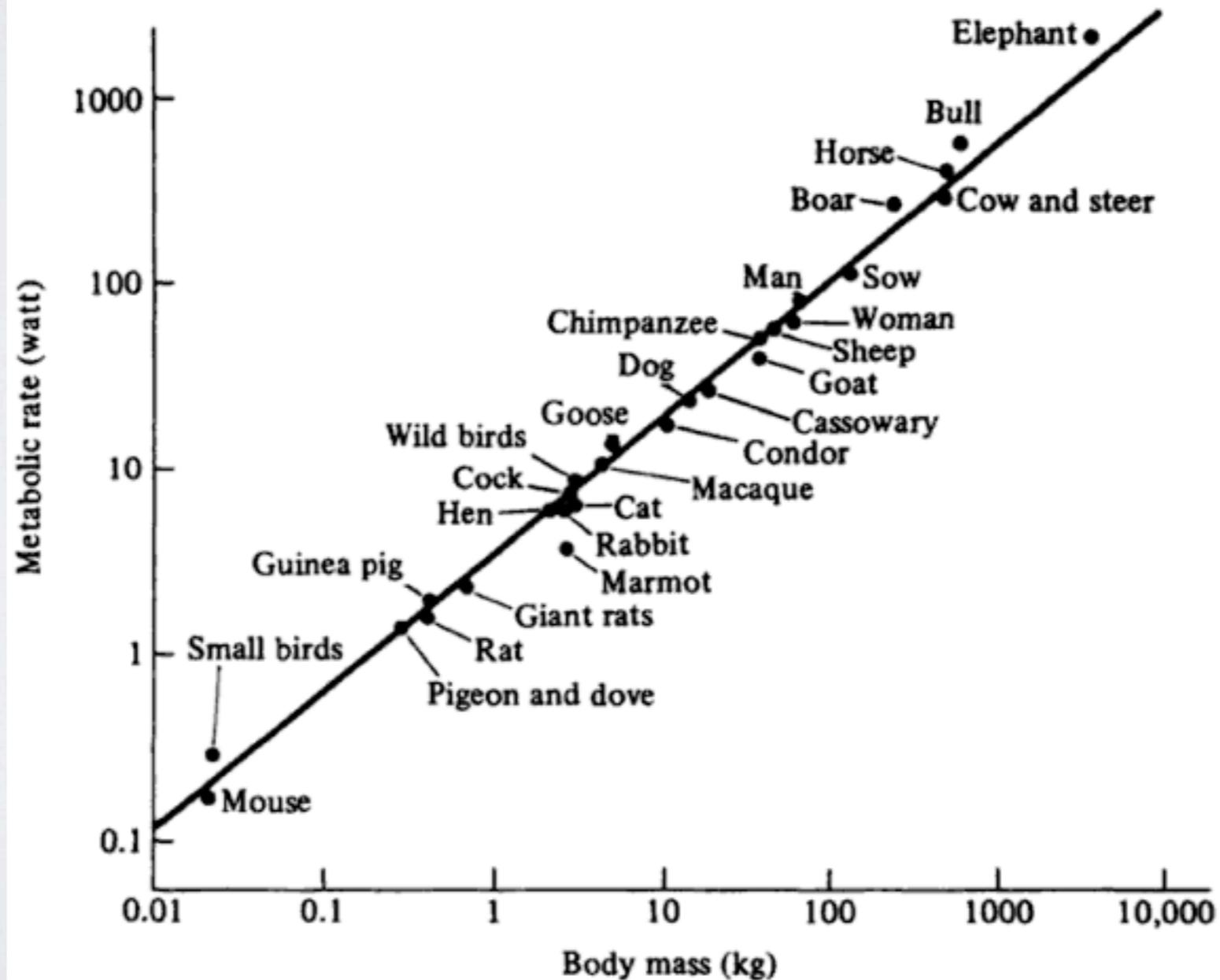
- Corrélation observée vs simulée

Valeur observée :
 $r = 0.585$



- Exemple classique : taux métabolique de base vs taille
- Pente de la relation log-log constante chez les animaux (valeur controversée 0,66-0,75)

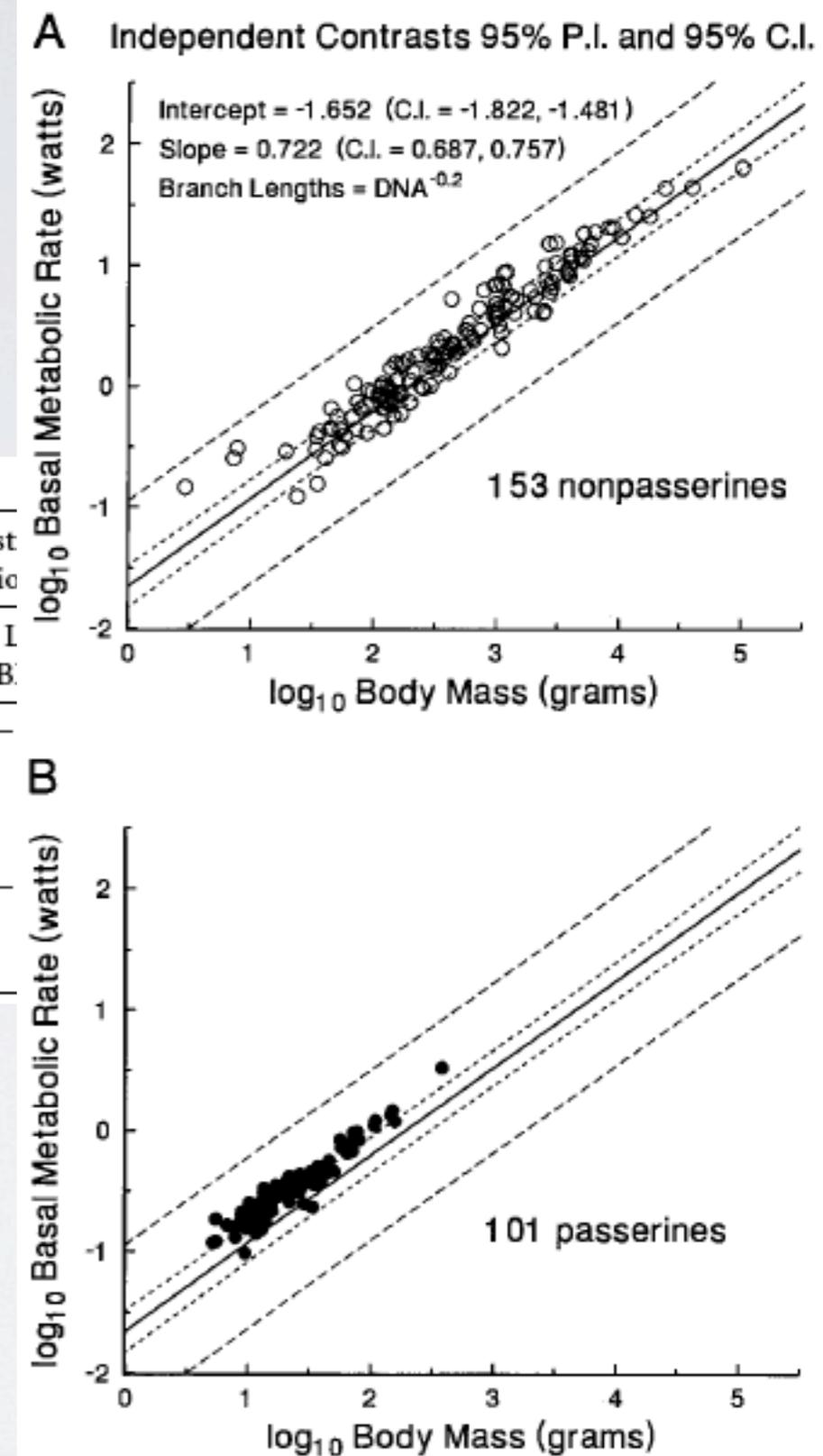
Figure 6.1. Metabolic rates for mammals and birds, when plotted against body mass on logarithmic coordinates, tend to fall along a single straight line. Adapted from Benedict (1938).



- Test chez des oiseaux

Table 1: Allometric equations for avian basal metabolic rate (\log_{10} watts; body mass in \log_{10} grams) of all 254 species

	Intercept			Slope			Log mass	Diagnost. correlatic
	Lower 95% CI	Intercept	Upper 95% CI	Lower 95% CI	Slope	Upper 95% CI		
Conventional	-1.452	-1.411	-1.371	.652	.670	.687	-.500	-
Independent contrasts:								
Branch lengths = DNA hybridization	-1.884	-1.694	-1.504	.717	.759	.801	-.053	-
Branch lengths = 1	-1.815	-1.647	-1.478	.688	.724	.759	.165	-
Branch lengths = DNA^{-2}	-1.822	-1.652	-1.481	.687	.722	.757	.004	-
Branch lengths = DNA^{-2} , passerine clade rescaled to height of 4.0	-1.827	-1.620	-1.413	.671	.709	.748	.049	-



VOL. 155, NO. 3 THE AMERICAN NATURALIST MARCH 2000

Using the Past to Predict the Present: Confidence Intervals for Regression Equations in Phylogenetic Comparative Methods

• Environnement et métabolisme chez les rongeurs

TABLE 4. Results of conventional multiple regression analyses. First line for each dependent variable is for model that contains only body mass, whereas following lines are for models that contain mass and one additional independent variable (or two dummy variables for diet).

Dependent variable	Model	Sign of partial regression coefficient	multiple R^2	Standard error of the estimate	F change	df for F change	2-tailed P for F change	
log BMR	log Body Mass (<i>M</i>)	-	0.711	0.0971	135.32	1, 55	<0.0001	
	<i>M</i> + <i>Tmax</i>	-	0.757	0.0883	12.61	1, 54	0.001	
	<i>M</i> + <i>Tmin</i>	-	0.761	0.0891	11.28	1, 54	0.001	
	<i>M</i> + Diet	herbivore + omnivore +	0.729	0.0932	3.37	2, 53	0.042	
	<i>M</i> + Latitude	+	0.758	0.0897	10.55	1, 54	0.002	
	<i>M</i> + Altitude	+	0.711	0.0980	0.06	1, 54	0.813	
	<i>M</i> + Precipitation	+	0.711	0.0980	0.04	1, 54	0.849	
	<i>M</i> + BMR_RMR	-	0.718	0.0968	1.38	1, 54	0.244	
	log MMR	log Body Mass (<i>M</i>)	-	0.667	0.1073	110.35	1, 55	<0.0001
		<i>M</i> + <i>Tmax</i>	-	0.734	0.0968	13.47	1, 54	0.001
<i>M</i> + <i>Tmin</i>		-	0.776	0.0889	26.04	1, 54	<0.0001	
<i>M</i> + Diet		herbivore + omnivore +	0.676	0.1078	0.72	2, 53	0.489	
<i>M</i> + Latitude		+	0.686	0.1052	3.23	1, 54	0.078	
<i>M</i> + Altitude		+	0.731	0.0973	12.80	1, 54	0.001	
<i>M</i> + Precipitation		-	0.668	0.1081	0.12	1, 54	0.727	

TABLE 5. Results of multiple regressions (through the origin) obtained with phylogenetically independent contrasts. First line for each dependent variable is for model that contains only body mass, whereas following lines are for models that contain mass and one additional independent variable (or two dummy variables for diet). Branch lengths set equal to unity (constant) for all traits, except BMR_RMR (star phylogeny) and precipitation (Pagel's [1992] arbitrary).

Dependent variable	Model	Sign of partial regression coefficient	multiple R^2	Standard error of the estimate	F change	df for F change	2-tailed P for F change	
log BMR	log Body Mass (<i>M</i>)	-	0.589	0.0613	78.85	1, 55	<0.0001	
	<i>M</i> + <i>Tmax</i>	-	0.597	0.0613	1.10	1, 54	0.299	
	<i>M</i> + <i>Tmin</i>	-	0.605	0.0606	2.21	1, 54	0.143	
	<i>M</i> + Diet	herbivore + omnivore +	0.591	0.0623	0.14	2, 53	0.871	
	<i>M</i> + Latitude	+	0.610	0.0603	2.92	1, 54	0.093	
	<i>M</i> + Altitude	+	0.590	0.0618	0.14	1, 54	0.710	
	<i>M</i> + Precipitation	+	0.590	0.0618	0.17	1, 54	0.683	
	<i>M</i> + BMR_RMR	-	0.596	0.0614	0.91	1, 54	0.344	
	log MMR	log Body Mass (<i>M</i>)	-	0.429	0.0806	41.24	1, 55	<0.0001
		<i>M</i> + <i>Tmax</i>	-	0.542	0.0729	13.33	1, 54	0.001
<i>M</i> + <i>Tmin</i>		-	0.611	0.0671	25.41	1, 54	<0.0001	
<i>M</i> + Diet		herbivore + omnivore +	0.452	0.0804	1.13	2, 53	0.331	
<i>M</i> + Latitude		+	0.454	0.0796	2.48	1, 54	0.121	
<i>M</i> + Altitude		+	0.518	0.0748	9.96	1, 54	0.003	
<i>M</i> + Precipitation		-	0.430	0.0812	0.18	1, 54	0.677	

Evolution, 58(6), 2004, pp. 1361-1374

CLIMATIC ADAPTATION AND THE EVOLUTION OF BA OF METABOLISM IN RODEN

ENRICO L. REZENDE,^{1,2} FRANCISCO BOZENOVIC,³ AND THEODORE GARLAND, JR.^{1,4}

¹Department of Biology, University of California, Riverside, California 92521

²E-mail: erezende@email.ucr.edu

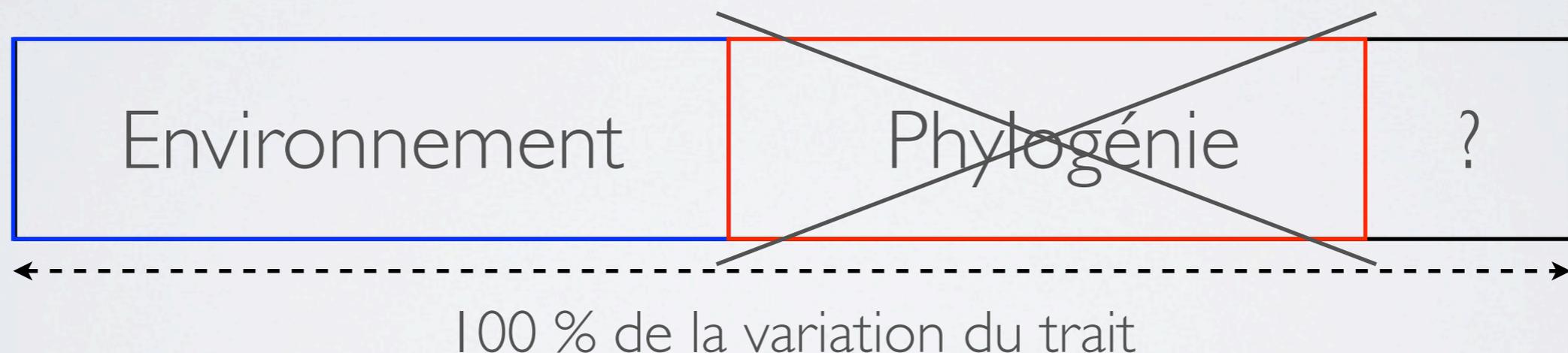
³Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity and Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago 6513677, Chile

E-mail: fbozinov@bio.puc.cl

⁴E-mail: tgariand@ucr.edu

ANALYSE COMPARATIVE

- Plusieurs méthodes existent pour prendre en compte la phylogénie dans les analyses corrélatives
- La plus connue : contrastes indépendants (Felsenstein, 1985)
- Partitionnent la variation du trait de la façon suivante :



QUAND L'UTILISER ?

- Recherche de lien de causalité : hypothèse
 - *X a-t-il une influence sur Y ?*
- Pas dans un cadre prédictif
 - *Quelle est la valeur de Y pour un X donné ?*
- Pas avec n'importe quel type de caractère : suppose a priori un lien avec la phylogénie, le caractère doit pouvoir se transmettre

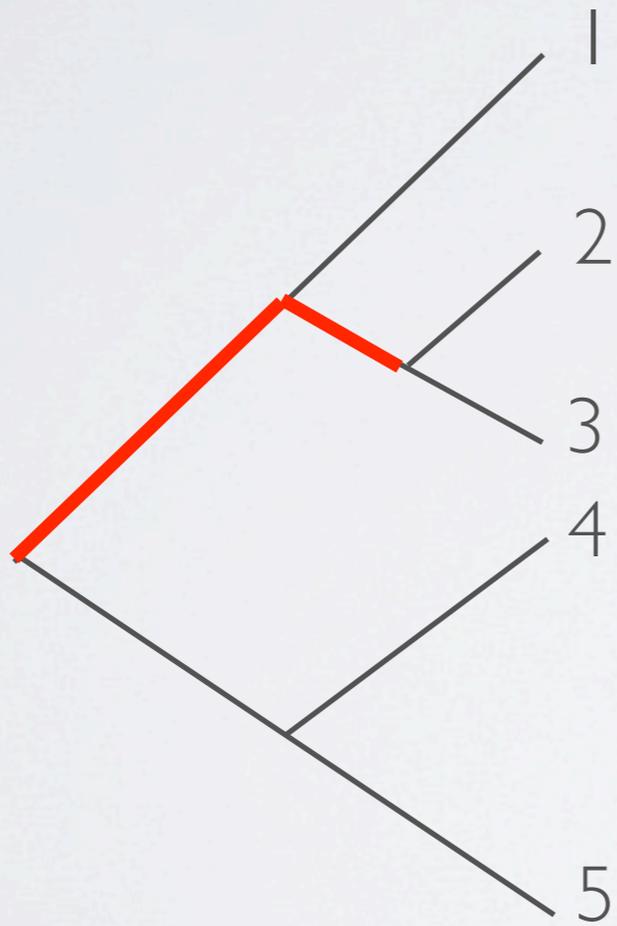
CARACTÈRES QUANTITATIFS

- Nombreuses méthodes
- Aussi pour variables semi-quantitatives
- Variables qualitatives parfois utilisables avec ces méthodes en les recodant

MATRICES D'ASSOCIATION PHYLOGÉNÉTIQUES

- Mesurent la dépendance phylogénétique (structure) des données
- Deux types
 - Matrice de variance-covariance
 - Matrice de distance

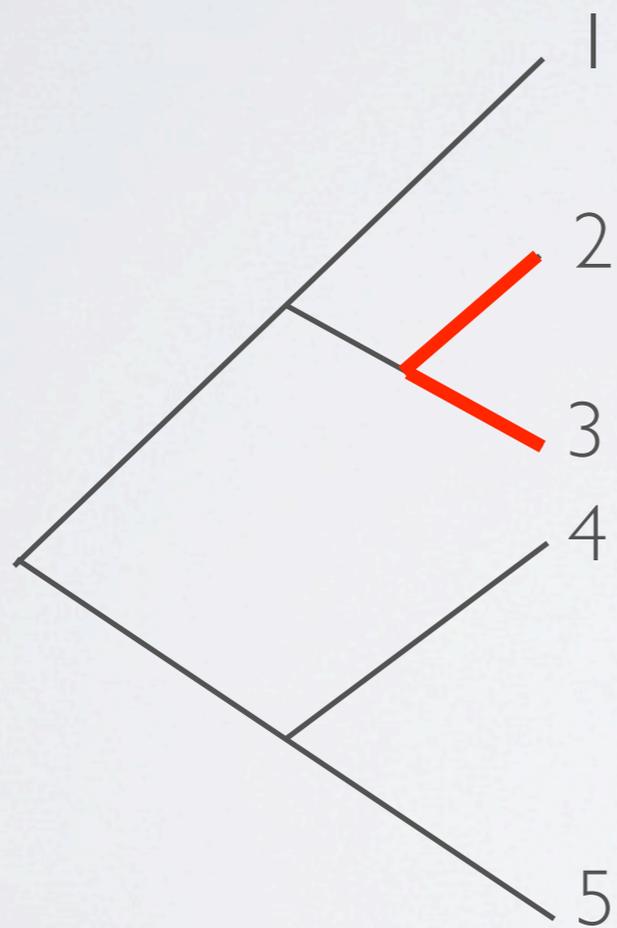
MATRICE DE VARIANCE-COVARIANCE



Espèces

	Espèces				
	s^2	$s_{1,2}$	$s_{1,3}$	0	0
		s^2	$s_{2,3}$	0	0
			s^2	0	0
				s^2	$s_{4,5}$
					s^2

MATRICE DE DISTANCES PATRISTIQUES



Espèces

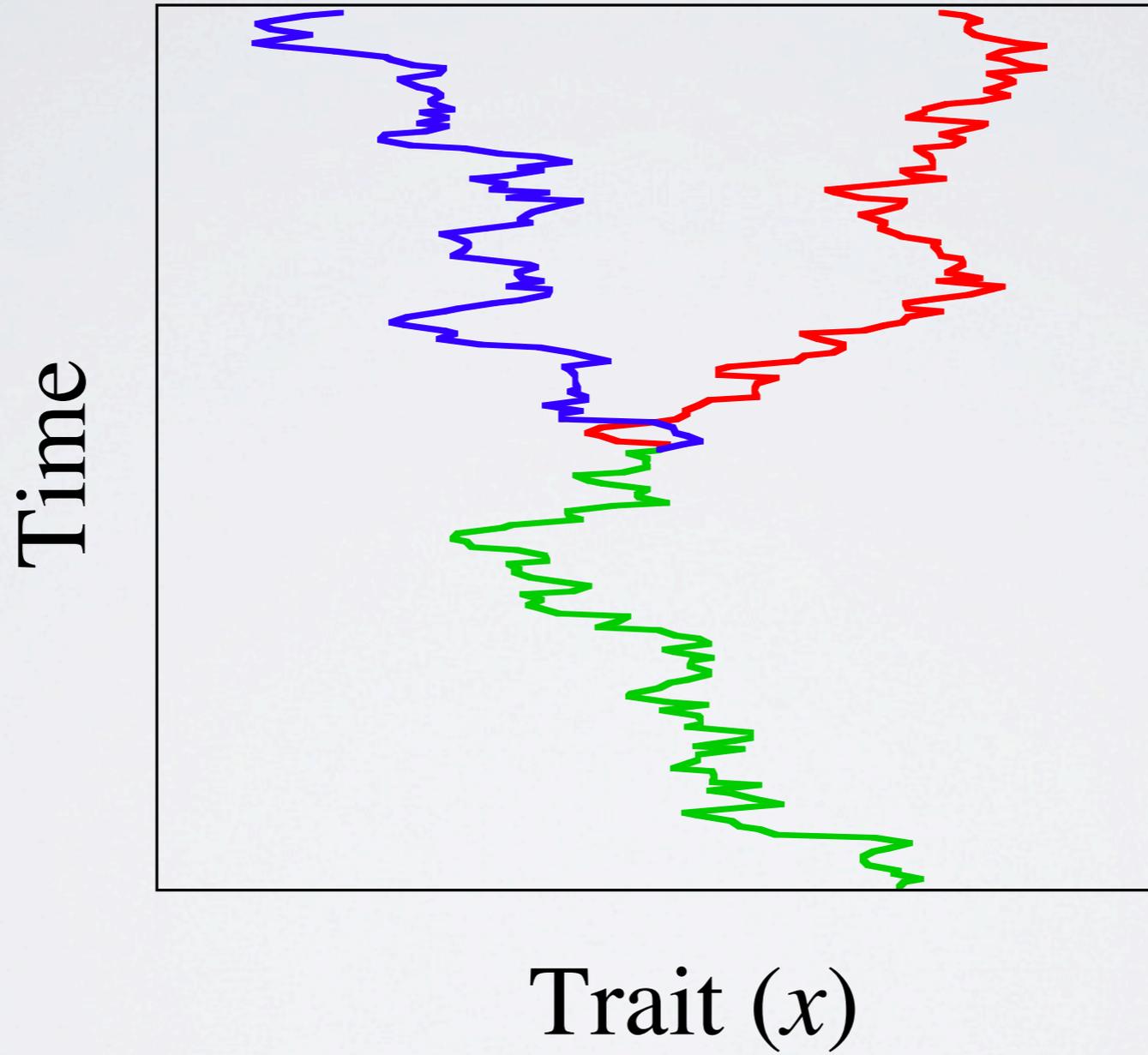
	0				$D_{5,1}$
		0	$D_{3,2}$		
			0		$D_{5,3}$
				0	
					0

Espèces

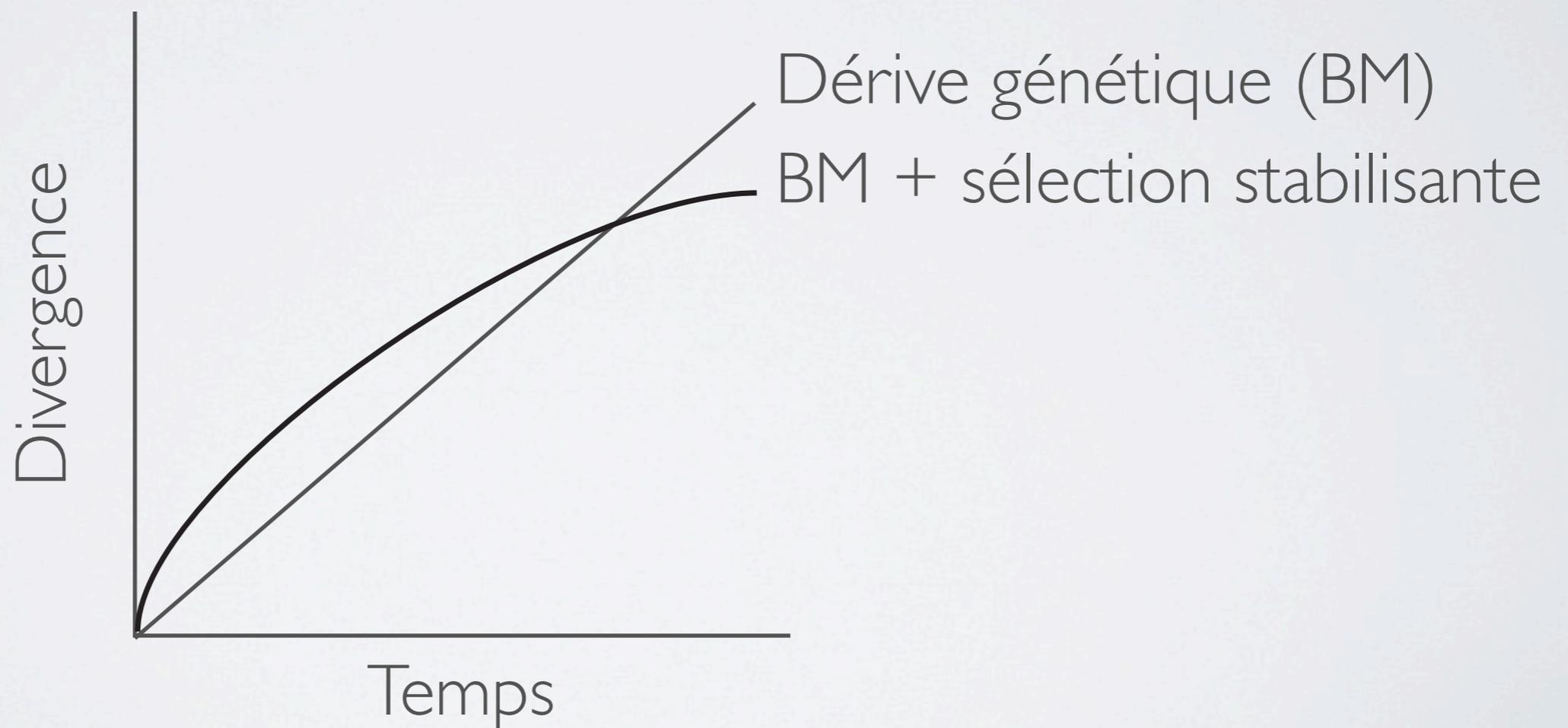
MODÈLES D'ÉVOLUTION DES CARACTÈRES

- Deux modèles basiques
 - Mouvement Brownien (BM) : variance linéairement liée au temps = longueurs de branches sur l'arbre

- Mouvement Brownien



- Ajout de contraintes (adaptatives, ...) et estimation de paramètres correspondants : différentes relations entre longueurs de branches et variance des caractères (e.g. modèle Ornstein-Uhlenbeck : OU)



MÉTHODES

- Méthodes basées sur des modèles évolutifs
 - Contrastes indépendants (FIC ; Felsenstein 1985)
 - Régression phylogénétique des moindres carrés généralisés (PGLS ; Grafen 1989, Pagel 1994, Martins 1994)
 - Modèle phylogénétique mixte (PMM ; Lynch et al. 2004)

- Méthodes à bases statistiques
 - Méthode autorégressive (ARM ; Cheverud et al. 1985)
 - Régression sur les vecteurs propres phylogénétiques (PVR ; Diniz-Filho et al. 1998)

- Présupposés différents
- Résultats souvent plus ou moins différents
- Méthodes pas toujours directement comparables
- Utiliser plusieurs méthodes et comparer les résultats

REVIEW

The seven deadly sins of comparative analysis

R. P. FRECKLETON

Department of Animal & Plant Sciences, University of Sheffield, Sheffield, UK

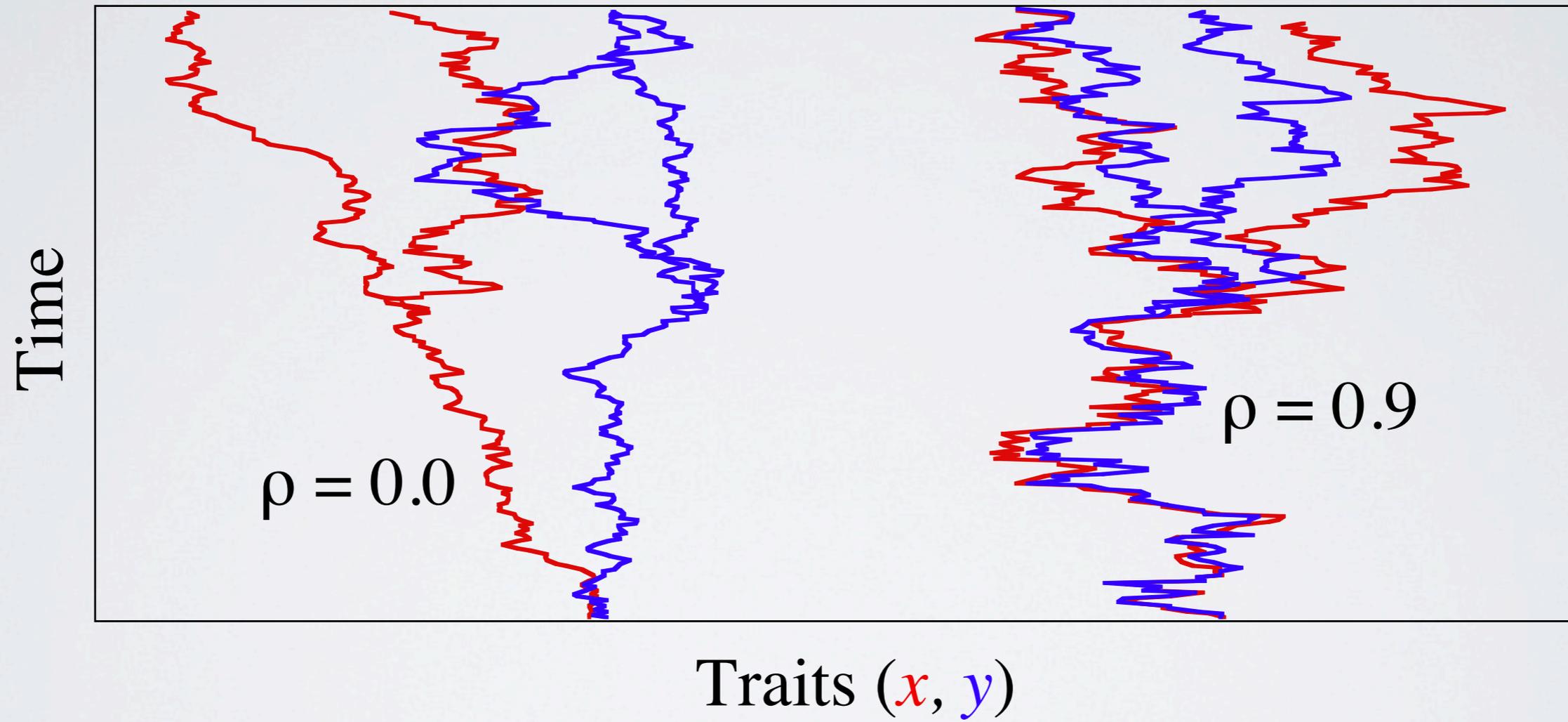
© 2009 THE AUTHOR. *J. EVOL. BIOL.*

JOURNAL COMPILATION © 2009 EUROPEAN SOCIETY FOR EVOLUTIONARY BIOLOGY

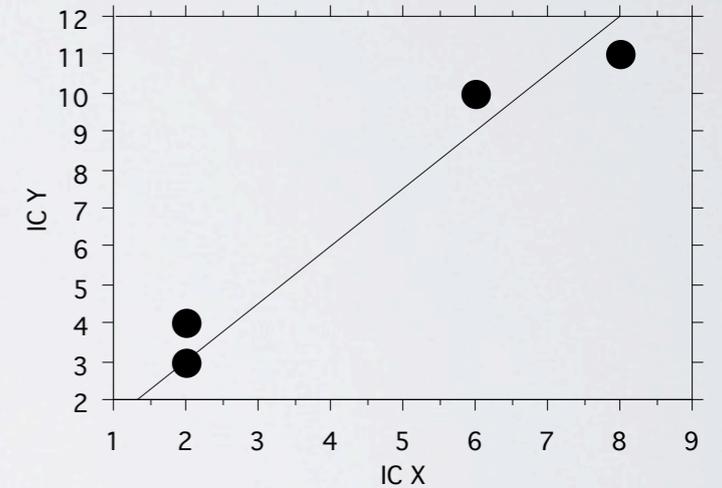
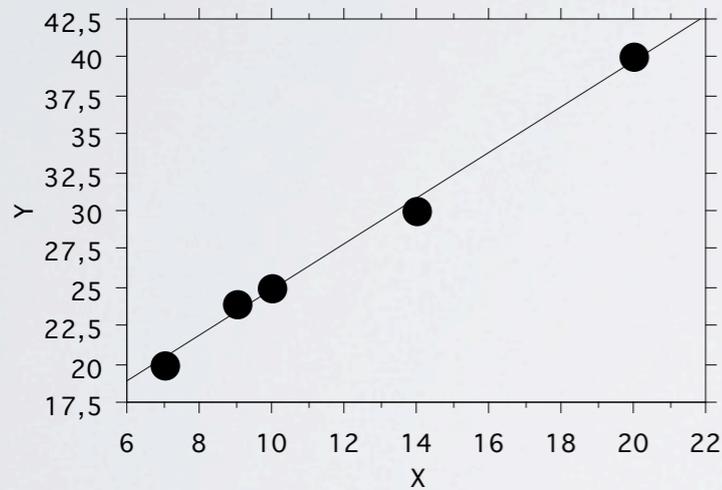
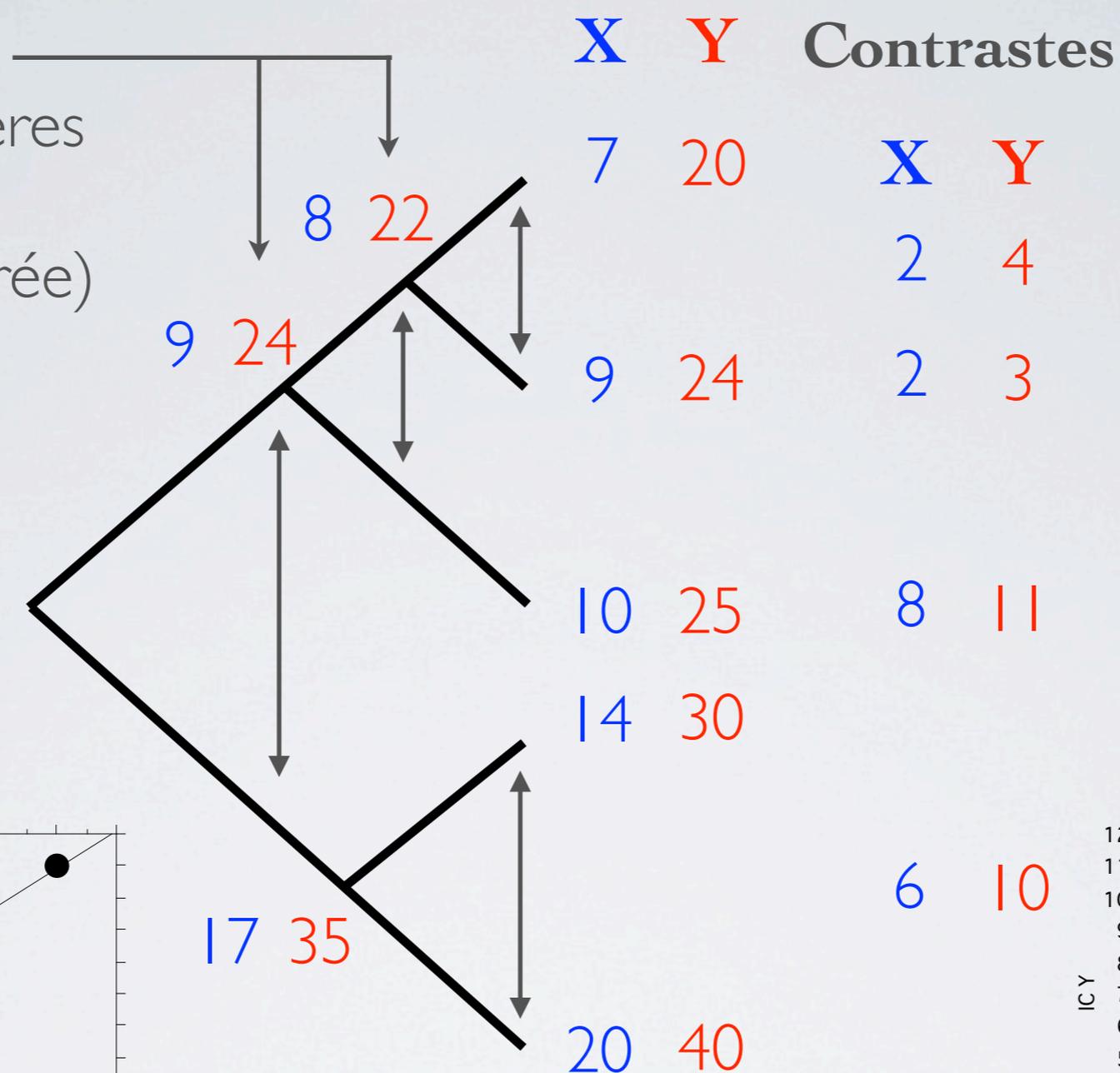
CONTRASTES INDÉPENDANTS (FIC ; PIC)

- Méthode la plus utilisée
- Basée sur une matrice de variance-covariance
- Modèle d'évolution = mouvement Brownien : dérive génétique, certains modèles de sélection
- Temps = longueur de branches = variance
- Suppose phylogénie bien connue
- Idéalement pour variables quantitatives mais une variable peut-être qualitative

- Corrélation entre traits



Estimation de la
valeur des caractères
ancestraux
(moyenne pondérée)



- Les contrastes doivent être standardisés : divisés par leur écart-type ($\sqrt{\text{variance}}$)

- Les contrastes peuvent ensuite être utilisés dans toutes sortes d'analyses (Régression, ANOVA, ANCOVA, PCA, ...)
 - Régressions (par l'origine, car le calcul des contrastes élimine le terme constant)
 - Analyses multivariées
- Puissant car peu de paramètres à estimer
- Test du modèle : contrastes vs écart-types
 - Pente = 0 si BM
 - Sinon : transformation des longueurs ou introduction d'un modèle différent (PGLS, ...)

- Certaines améliorations permettent de prendre en compte les polytomies
- Pas de prise en compte de la variabilité des mesures (écart-types)... jusqu'à récemment (Felsenstein 2008)
- “Retire la phylogénie” (sans la quantifier explicitement) dans la corrélation entre traits
- Paradoxe pour étude de l'adaptation car hypothèse de sélection (\neq BM)

VOL. 171, NO. 6 THE AMERICAN NATURALIST JUNE 2008

**Comparative Methods with Sampling Error and Within-Species
Variation: Contrasts Revisited and Revised**

Joseph Felsenstein*

- Développement récent d'un test des contrastes par permutations

Journal of Theoretical Biology 259 (2009) 727–743

Contents lists available at [ScienceDirect](#)



Journal of Theoretical Biology

journal homepage: www.elsevier.com/locate/yjtbi



Independent contrasts and regression through the origin

Pierre Legendre^a, Yves Desdevises^{b,c,*}

^a *Département de Sciences Biologiques, Université de Montréal, C.P. 6128, succursale Centre-ville, Montréal, Québec, Canada H3C 3J7*
^b *UPMC Univ Paris 06, UMR 7628, Modèles en Biologie Cellulaire et Évolutive, Observatoire Océanologique, F-66651, Banyuls/Mer, France*
^c *CNRS, UMR 7628, Modèles en Biologie Cellulaire et Évolutive, Observatoire Océanologique, F-66651, Banyuls/Mer, France*

DESIGN EXPÉRIMENTAUX

- Utiliser l'information phylogénétique dans le choix des espèces
- Idéalement : paires d'espèces proches différant par le trait étudié
- Éviter la comparaison entre clades très contrastées

RÉGRESSION PHYLOGÉNÉTIQUE DES MOINDRES CARRÉS GÉNÉRALISÉS (PGLS)

Phil. Trans. R. Soc. Lond. B 326, 119–157 (1989) [119]
Printed in Great Britain

THE PHYLOGENETIC REGRESSION

By A. GRAFEN†

*Animal Behaviour Research Group, Department of Zoology, University of Oxford, South Parks Road,
Oxford OX1 3PS, U.K.*

Detecting correlated evolution on phylogenies: a
general method for the comparative analysis of discrete
characters

Proc. R. Soc. Lond. B (1994) 255, 37–45
Printed in Great Britain

MARK PAGEL

School of Mathematical Sciences, Queen Mary and Westfield College, University of London, London E1 4NS, U.K.

Vol. 144, No. 2

The American Naturalist

August 1994

ESTIMATING THE RATE OF PHENOTYPIC EVOLUTION FROM
COMPARATIVE DATA

EMÍLIA P. MARTINS

Department of Biology, University of Oregon, Eugene, Oregon 97403

- Généralisation de FIC à d'autres modèles
- Considère la structure phylogénétique du terme d'erreur (observations non indépendantes, hétéroscédasticité) à travers la matrice de variance-covariance
- Estimation d'un paramètre de contraintes (adaptation, sélection stabilisante...) s'ajoutant au BM

- Prise en compte de la variance (écart-types) des mesures
- Le nombre de paramètres à estimer fait baisser la puissance
- Permet également la reconstruction de caractères ancestraux

MODÈLE MIXTE PHYLOGÉNÉTIQUE (PMM)

VOL. 163, NO. 1 THE AMERICAN NATURALIST JANUARY 2004

The Phylogenetic Mixed Model

Elizabeth A. Housworth,^{1,2,*} Emília P. Martins,^{2,†} and Michael Lynch^{2,‡}

- La variation phénotypique est partitionnée en composantes héritable (phylogénétique) et non historique
 - Composante historique = inertie phylogénétique
 - La composante non historique peut être la variation environnementale
- Calculs difficiles, besoin de beaucoup de données

MODÈLE AUTORÉGRESSIF (ARM)

Evolution, 39(6), 1985, pp. 1335-1351

THE QUANTITATIVE ASSESSMENT OF PHYLOGENETIC CONSTRAINTS IN COMPARATIVE ANALYSES: SEXUAL DIMORPHISM IN BODY WEIGHT AMONG PRIMATES

JAMES M. CHEVERUD

*Departments of Anthropology, Cell Biology & Anatomy, and Ecology & Evolutionary Biology,
Northwestern University, Evanston, IL 60201*

MALCOLM M. DOW

*Department of Anthropology and Program in Mathematical Methods in the Social Sciences,
Northwestern University, Evanston, IL 60201*

AND

WALTER LEUTENEGER

Department of Anthropology, University of Wisconsin, Madison, WI 53706

- = autocorrelation phylogénétique
- Approche similaire à la quantification de la structure spatiale (calcul d'un autocorrélogramme)
- Partitionne la variation du trait en composantes phylogénétique et spécifique
- Retire la phylogénie et analyse l'effet spécifique restant (résidus)

RÉGRESSION SUR LES VECTEURS PROPRES PHYLOGÉNÉTIQUES (PVR)

Evolution, 52(5), 1998, pp. 1247–1262

AN EIGENVECTOR METHOD FOR ESTIMATING PHYLOGENETIC INERTIA

JOSÉ ALEXANDRE FELIZOLA DINIZ-FILHO,^{1,2} CARLOS EDUARDO RAMOS DE SANT'ANA,^{3,4}
AND LUIS MAURICIO BINI^{1,5}

¹*Departamento de Biologia Geral, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás. Cx.P. 131,
74.001-970, Goiânia, GO, Brasil*

²*E-mail: diniz@icbl.ufg.br*

³*Escola Técnica Federal de Goiás, Coordenação de Química e Biologia. Rua 75, n. 46, 74.055-110, Goiânia, GO, Brasil*

⁴*E-mail: kadu@etfgo.br*

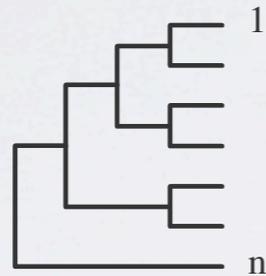
⁵*E-mail: bini@icbl.ufg.br*

- Base statistique (pas de modèle explicite)
- Transformation de la matrice de distances phylogénétiques en coordonnées principales (PC)

- Transformation des distances phylogénétiques en coordonnées principales

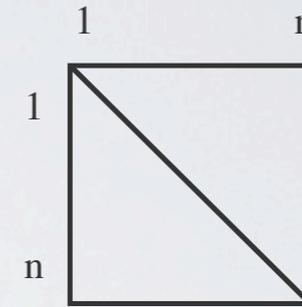
ACGTTCGGA	010010100
ACTGTCGGA	010110110
AGTGTCCGA	001110110

(↓)

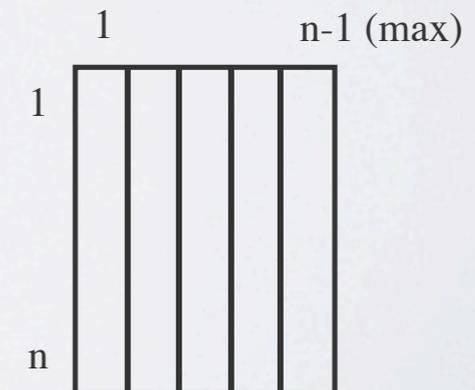


Distances brutes ou patristiques

Matrice de distance



Analyse en coordonnées principales

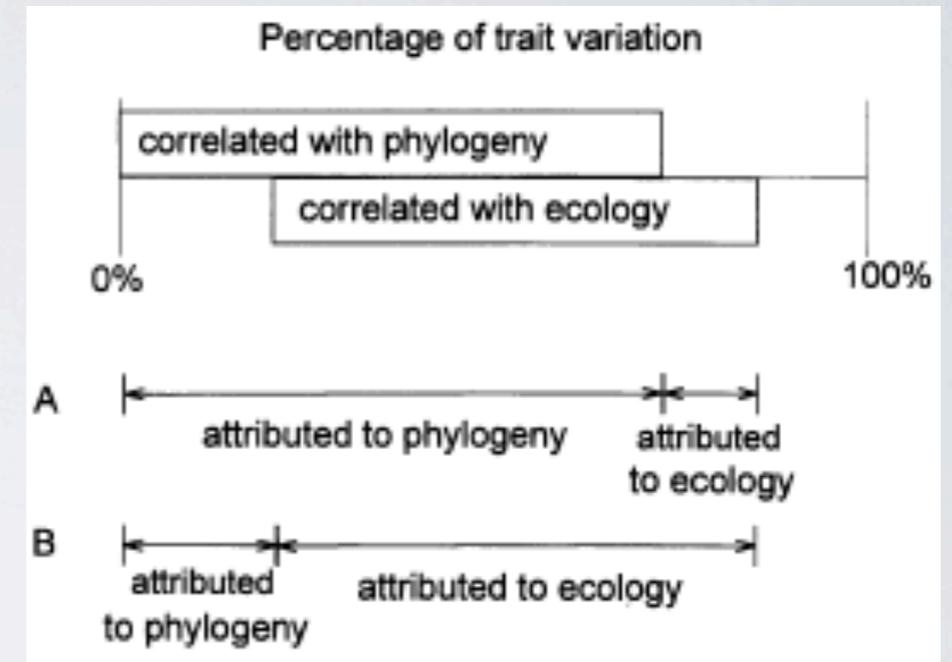


Obtention d'au maximum $n-1$ variables indépendantes (coordonnées principales) représentant les distances phylogénétiques

- Le découpage de la variance dépend de la taille et de la structure de la phylogénie
- Sélection des PC : Bâton brisé (*Broken stick*), Backward elimination, ...
- Méthode efficace avec peu de taxons
- Quantifie explicitement la fraction liée à la phylogénie
- Souplesse des matrices de distance : arbres, réticulogrammes (réseaux), distances brutes, ...
- Permet la partition de la variation et la quantification du *phylogenetic niche conservatism*

VARIATION ENVIRONNEMENTALE STRUCTURÉE PAR LA PHYLOGÉNIE

- Fraction “due à la phylogénie” (inertie)
- Fraction “non-historique”, spécifique (adaptation, ...)
- Fraction commune (*phylogenetic niche conservatism*)



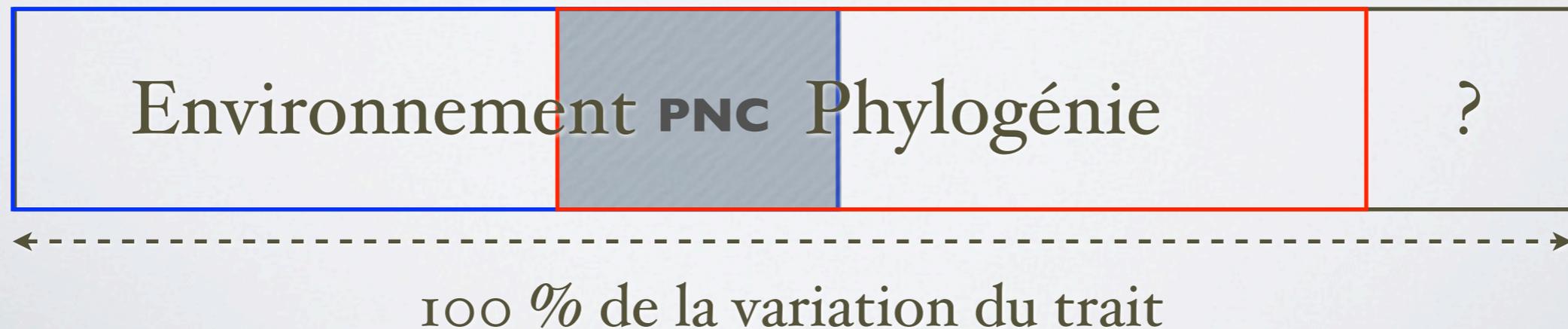
Journal of Ecology 1995,
83, 531–534

FORUM

On misinterpreting the ‘phylogenetic correction’

MARK WESTOBY, MICHELLE R. LEISHMAN and JANICE M. LORD

School of Biological Sciences, Macquarie University, NSW 2109 Australia

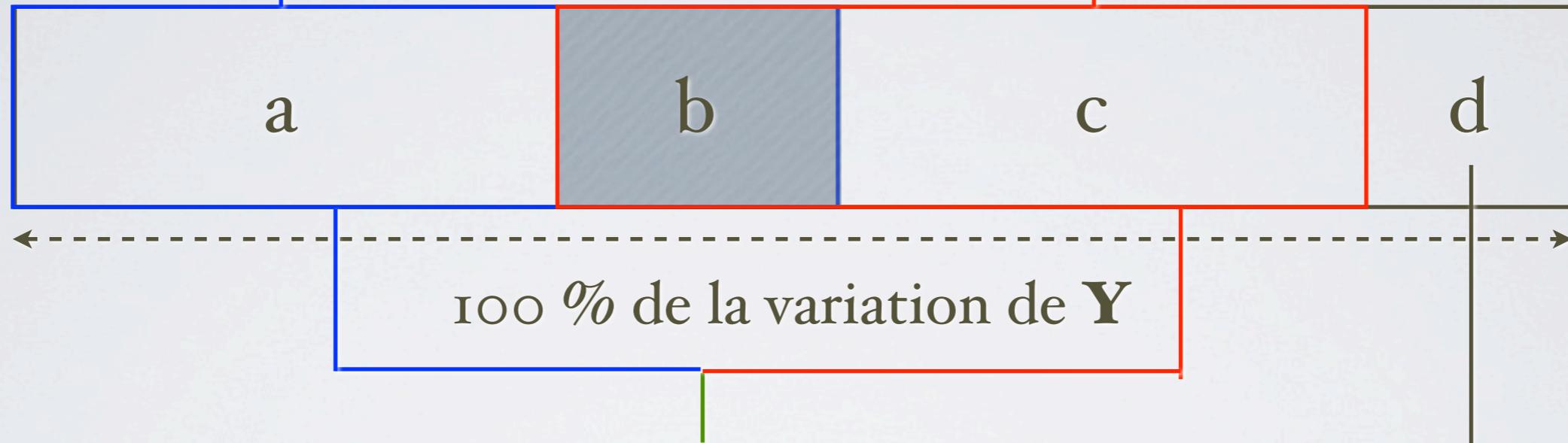


PARTITIONNEMENT DE LA VARIATION

- Effet de deux variables \mathbf{X}_1 et \mathbf{X}_2 sur une variable \mathbf{Y}
- Exemple : effet de la température (X_1) et de l'humidité (X_2) sur la croissance (Y)
- La température et l'humidité ont chacune une influence sur la croissance
- La température et l'humidité sont corrélées

Variation expliquée par $X_1 = R^2_1 = a+b$

Variation expliquée par $X_2 = R^2_2 = b+c$



Variation expliquée à la fois par X_1 et $X_2 = R^2_{1,2} = a+b+c$

Variation inexpliquée = d

Avec $a+b+c+d = 100 \%$

➔ a, b, c, et d sont déduits par soustraction

APPLICATION À UN CONTEXTE PHYLOGÉNÉTIQUE

- Y = variable dont on veut expliquer la variation : “trait” potentiellement contrôlé au moins en partie par la phylogénie
- X_1 = “environnement” : régression (e.g. linéaire)
- X_2 = “phylogénie” : le problème est de l’exprimer

MÉTHODE

- Effet de la phylogénie **P** : régression de la variable étudiée **Y** sur les coordonnées principales : **R^2_P**
- Effet de l'environnement **E** : régression de **Y** sur la (ou les) variable(s) environnementales (ou autres...) : **R^2_E**
- Phylogénie et environnement **P + E** : régression multiple de **Y** sur les variables : **R^2_{P+E}**
- Mieux avec R^2 ajustés

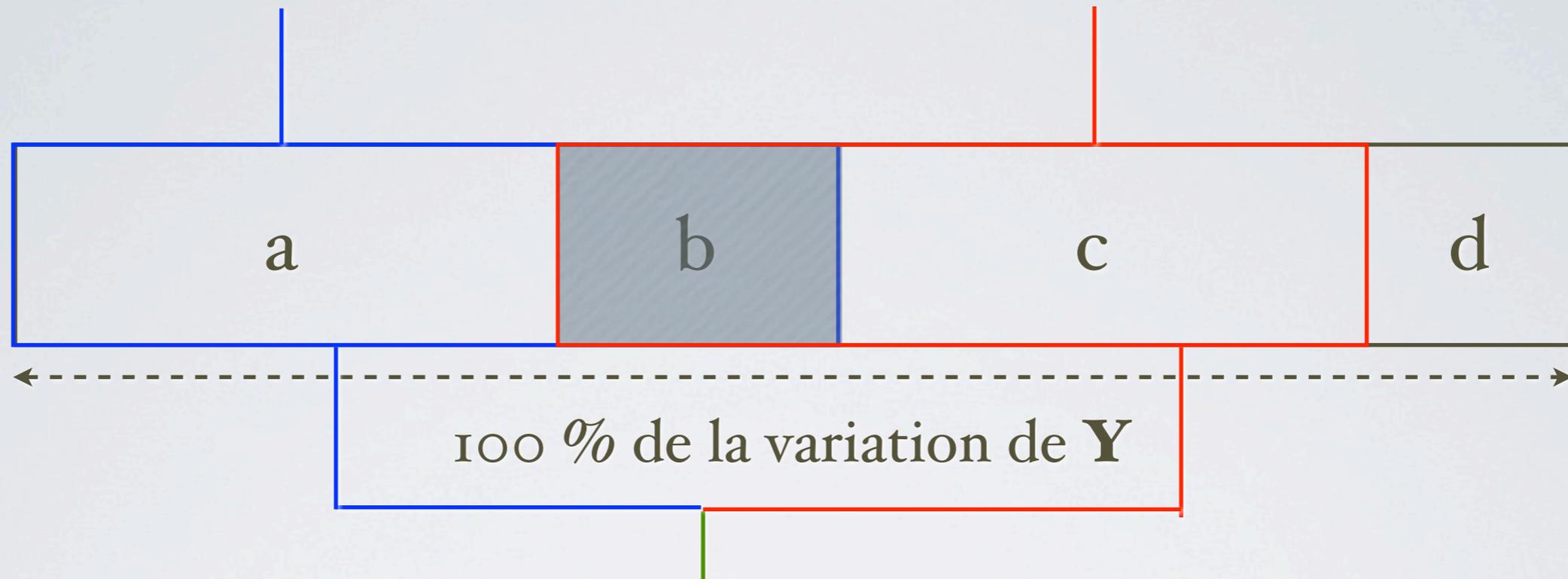
Ecology, 87(10), 2006, pp. 2614–2625
© 2006 by the Ecological Society of America

VARIATION PARTITIONING OF SPECIES DATA MATRICES:
ESTIMATION AND COMPARISON OF FRACTIONS

PEDRO R. PERES-NETO,¹ PIERRE LEGENDRE, STÉPHANE DRAY, AND DANIEL BORCARD

Phylogénie = R^2_P (= a+b)

Environnement = R^2_E (= b+c)



Phylogénie et environnement = R^2_{P+E} (= a+b+c)

➔ $b = \text{variation environnementale phylogénétiquement structurée}$

Evolution, 57(11), 2003, pp. 2647–2652

QUANTIFYING PHYLOGENETICALLY STRUCTURED ENVIRONMENTAL VARIATION

YVES DESDEVISES,^{1,2} PIERRE LEGENDRE,^{3,4} LAMIA AZOUZI,^{5,6} AND SERGE MORAND^{7,8}

¹Laboratoire Arago, Université Pierre et Marie Curie, UMR CNRS 7628, BP 44, 66651 Banyuls-sur-Mer Cedex, France

²E-mail: desdevises@obs-banyuls.fr

³Département de Sciences Biologiques, Université de Montréal, CP 6128, succursale Centre-ville, Montréal, Québec H3C 3J7, Canada

⁴E-mail: pierre.legendre@umontreal.ca

⁵Laboratoire de Théorie des Systèmes, Université de Perpignan, 52 Avenue de Villeneuve, 66860 Perpignan Cedex, France

⁶E-mail: azouzi@univ-perp.fr

⁷Centre de Biologie et de Gestion des Populations, Campus International Agropolis de Baillarguet, CS 30016, 34988,

Montferrier-sur-Lez Cedex, France

⁸E-mail: morand@ensam.inra.fr

- Exemple : variation du taux métabolique en fonction de la masse, la croissance osseuse, et la phylogénie

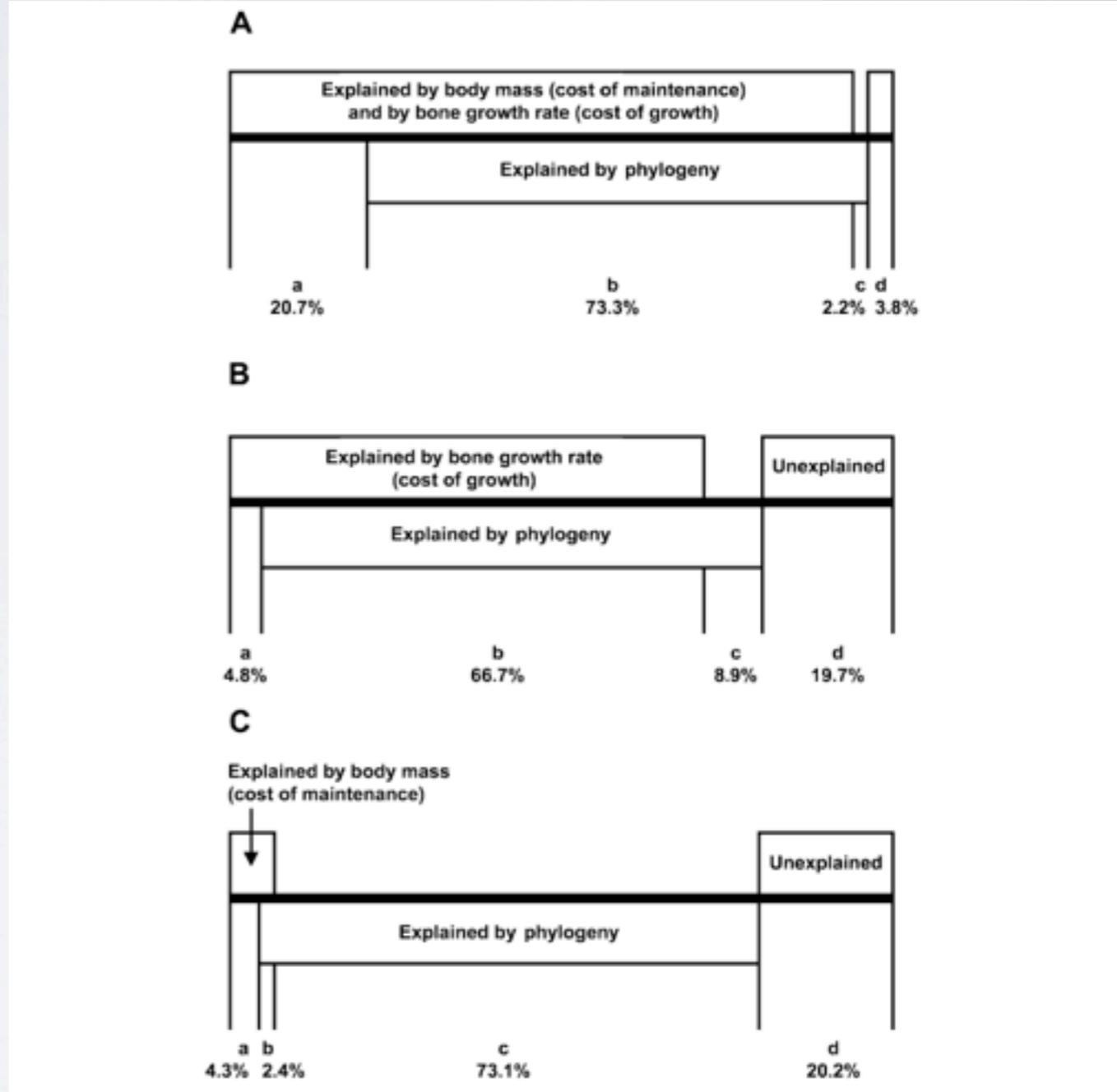


Figure 3. Components of the variation of \log_{10} mass-specific resting metabolic rate ($\text{mL O}_2 \text{ h}^{-1} \text{ g}^{-1}$) in the analysed sample of growing amniotes obtained by using a variation partitioning analysis (Desdevises *et al.*, 2003). These fractions are: functional (portions 'a + b'), phylogenetic (portions 'b + c'), phylogenetically structured functional variation (portion 'b') and unexplained (portion 'd'). Fraction 'a' is exclusively explained by the functional factors included in the analyses (cost of growth and cost of maintenance). Finally, fraction 'c' is exclusively explained by the phylogeny. The functional variables considered were both \log_{10} Body Mass (g) and \log_{10} BoneGR ($\mu\text{m day}^{-1}$) (A), only \log_{10} BoneGR (B) and only \log_{10} Body Mass (C).

Biological Journal of the Linnean Society, 2007, 92, 63–76. With 5 figures

Relationships between bone growth rate, body mass and resting metabolic rate in growing amniotes: a phylogenetic approach

LAËTITIA MONTES¹, NATHALIE LE ROY¹, MARTINE PERRET², VIVIAN DE BUFFRENIL¹, JACQUES CASTANET¹ and JORGE CUBO^{1*}

¹Ostéohistologie Comparée (UMR CNRS 7179), Université Pierre & Marie Curie, 2, place Jussieu, case 7077, F-75005 Paris, France

²Laboratoire d'Ecologie Générale (UMR CNRS 7179), Muséum National d'Histoire Naturelle, 4, avenue du Petit Château, F-91800 Brunoy, France

- Exemple : contraintes de morphologie et phylogénie sur la force de morsure chez des félins

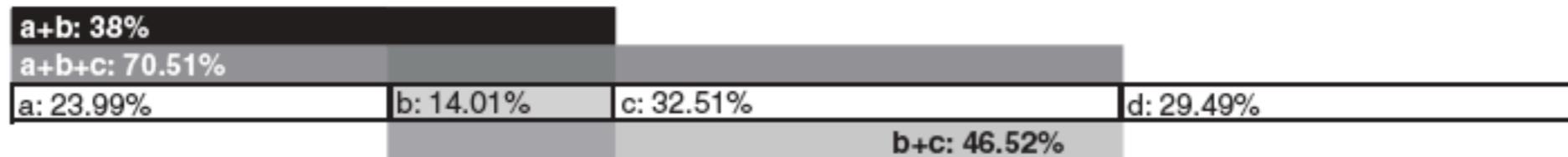


Fig. 3 Variance partitioning using PVR. Variance in absolute bite force or relative bite force (BFQ) can be partitioned between phenotypically and phylogenetically structured portions. Partition a is the proportion of variance explained by phenotype alone, whereas partition c is the proportion of variance explained by phylogeny alone. On the other hand, partition b represents the phylogenetically structured phenotypic variance (shaded). Lastly, partition d is the proportion of variance unexplained by the current model. The example here is the partitioning of variance in BFQ, with the total variance represented as the whole length of the open bar further compartmentalized into the above four partitions. The black bar represents the total amount of variance in BFQ explained by morphology (partitions a + b; R^2 from MVR results). The light grey bar represents the total amount of variance explained by phylogeny (partitions b + c; R^2 from PVR). The dark grey bar represents the total amount of BFQ variance explained by both morphology and phylogeny (partitions a + b + c) or the R^2 value of a multiple linear regression of BFQ against morphology and phylogeny combined.

© 2009 THE AUTHORS. *J. EVOL. BIOL.* 23 (2010) 463–478
 JOURNAL COMPILATION © 2009 EUROPEAN SOCIETY FOR EVOLUTIONARY BIOLOGY

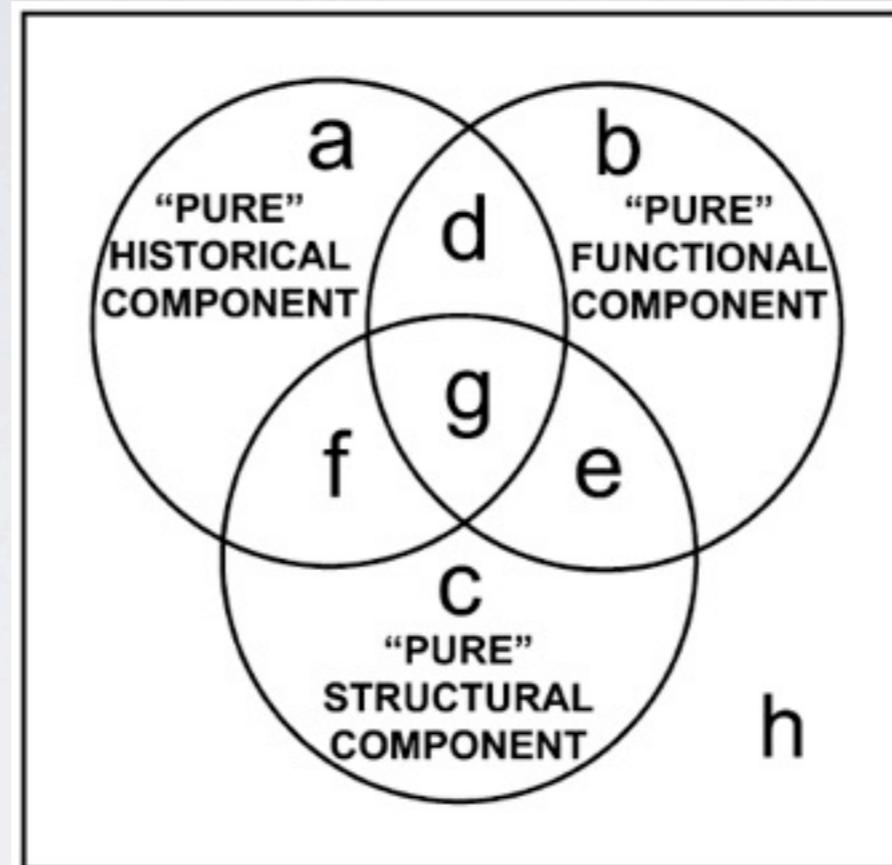
Phylogenetically structured variance in felid bite force: the role of phylogeny in the evolution of biting performance

M. SAKAMOTO*, G. T. LLOYD† & M. J. BENTON*

**Department of Earth Sciences, University of Bristol, Bristol, UK*

†*Department of Palaeontology, The Natural History Museum, Cromwell Road, London, UK*

- Développement récent du partitionnement à 3 composantes



EVOLUTION & DEVELOPMENT 10:2, 217–227 (2008)

Phylogenetic, functional, and structural components of variation in bone growth rate of amniotes

Jorge Cubo,^{a,*} Pierre Legendre,^b Armand de Ricqlès,^a Laëtitia Montes,^a Emmanuel de Margerie,^a Jacques Castanet,^a and Yves Desdevises^c

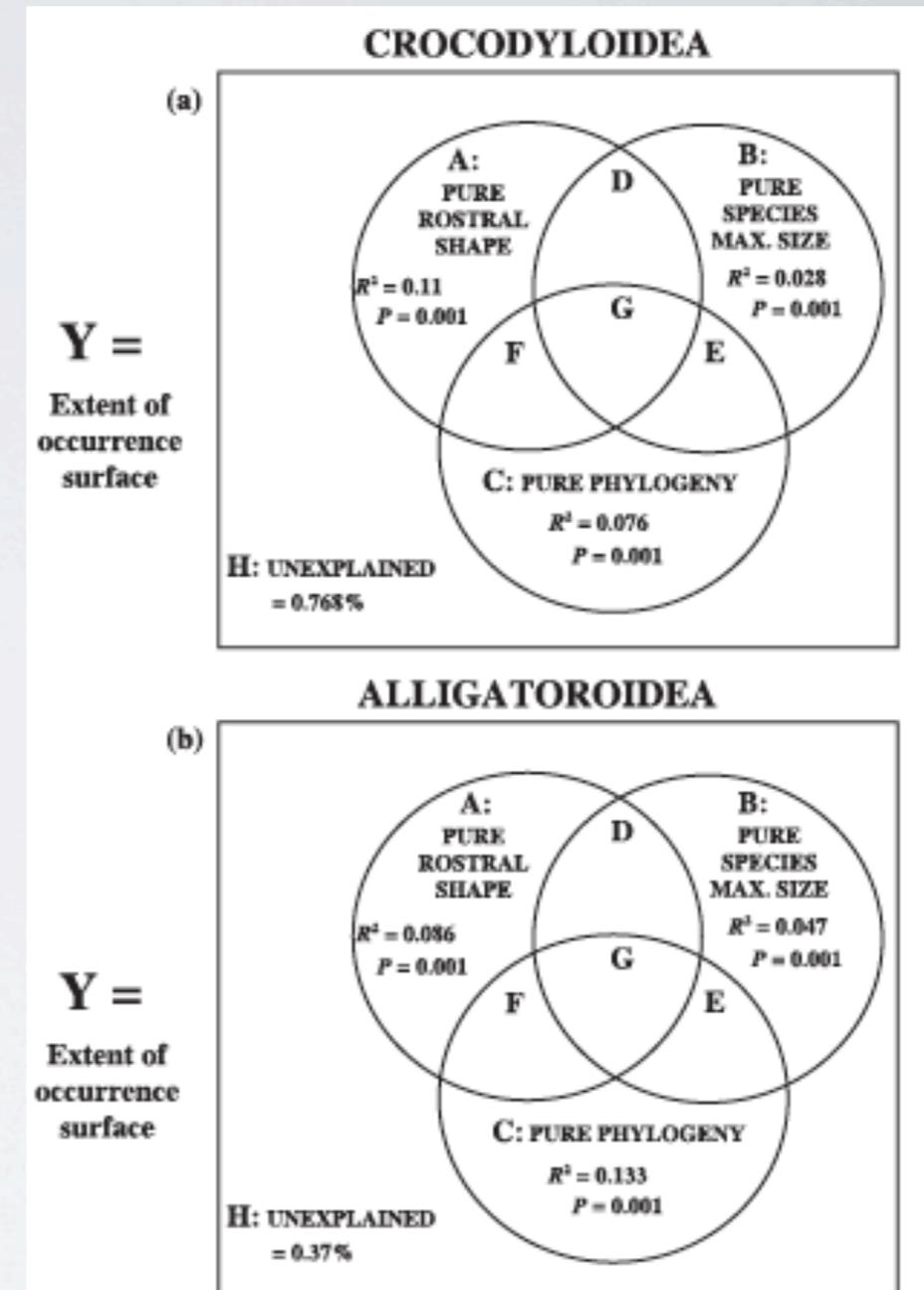
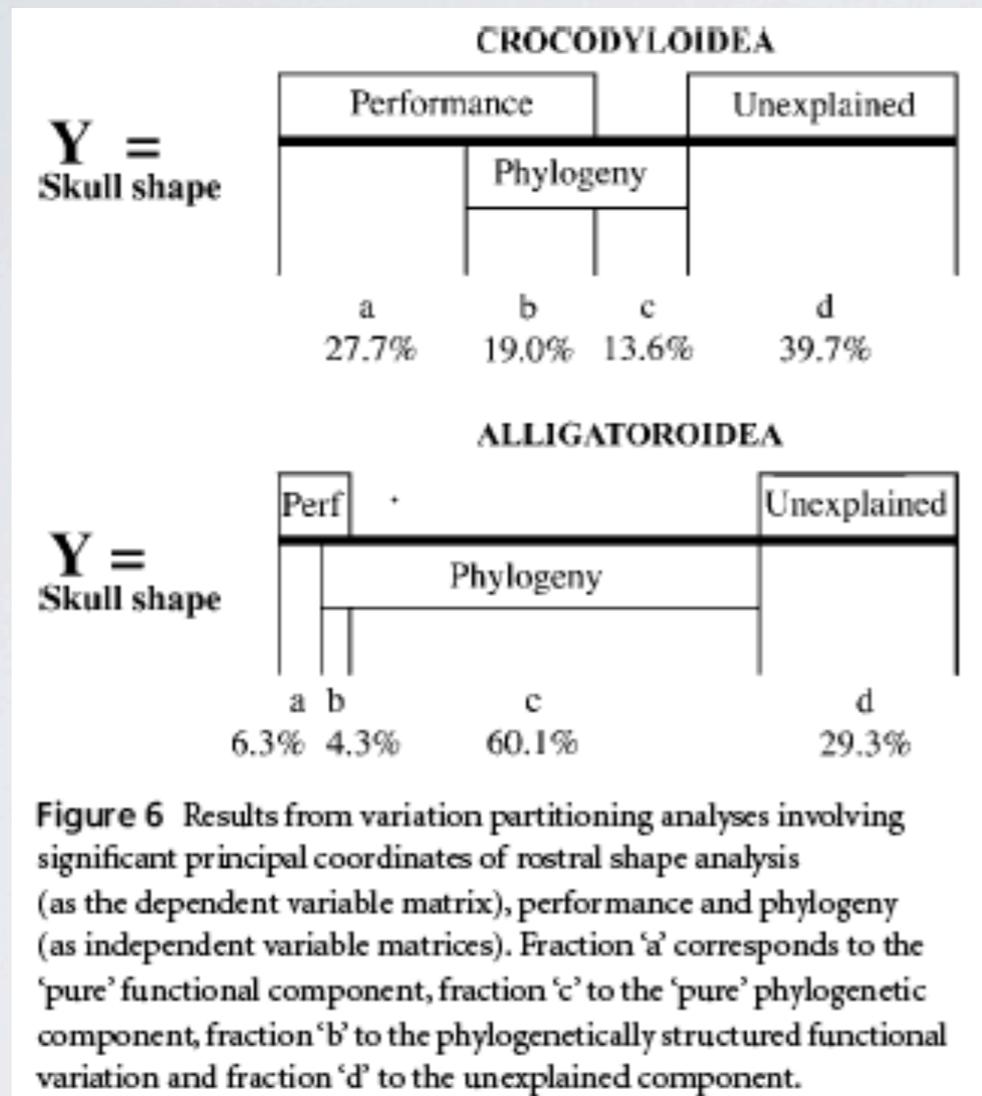
^aUPMC Univ Paris 6 UMR CNRS 7179, Université Pierre et Marie Curie, 2 pl Jussieu, Case 7077, 75005 Paris, France

^bDépartement des sciences biologiques, Université de Montréal, C. P. 6128, succursale Centre-ville, Montréal, Québec, Canada H3C3J7

^cUPMC Univ Paris 6 UMR CNRS 7628, Université Pierre et Marie Curie, Laboratoire Arago, BP 44, 66651 Banyuls-sur-Mer cedex, France

*Author for correspondence (email: cubo@ccr.jussieu.fr)

- Exemple : contraintes sur la forme du crâne des alligators et crocodiles : performance mécanique et phylogénie



Global Ecology and Biogeography, (Global Ecol. Biogeogr.) (2009) 18, 30–40

RESEARCH
PAPER



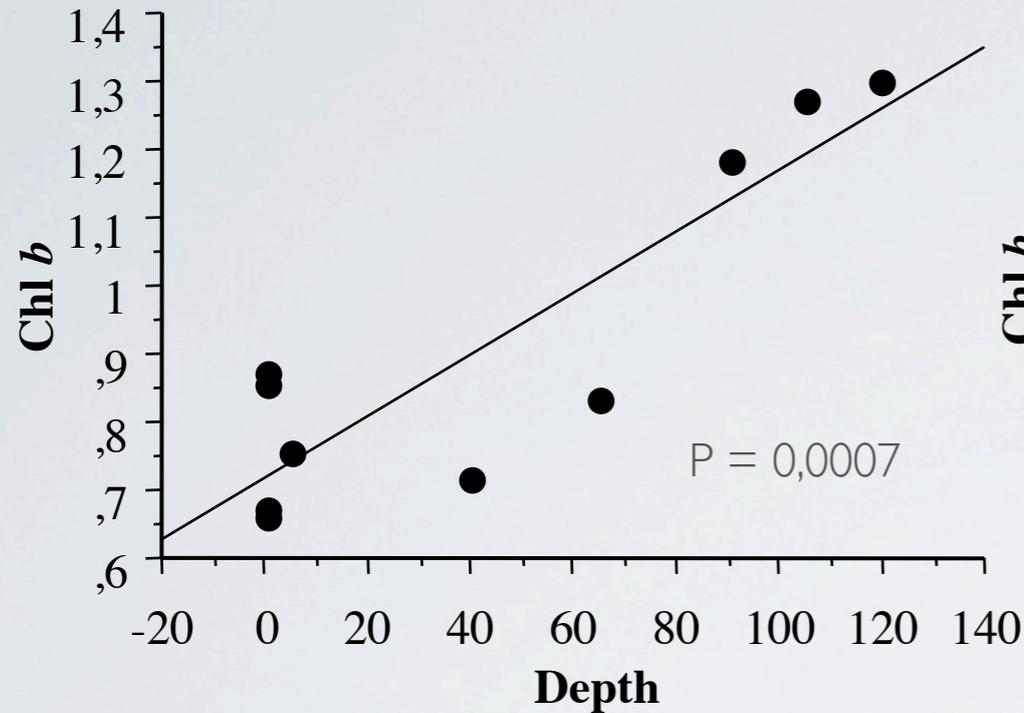
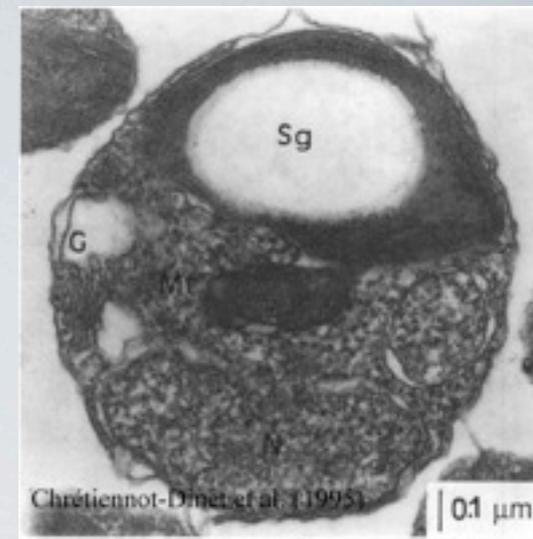
The shadow of forgotten ancestors differently constrains the fate of Alligatoroidea and Crocodyloidea

Paolo Piras^{1,2*}, Luciano Teresi³, Angela D. Buscalioni⁴ and Jorge Cubo^{1*}

Figure 7 Results from variation partitioning analyses involving extent of occurrence (as the dependent variable), phylogeny, rostrum shape principal coordinates and maximum species size (as independent variable matrices). Fraction 'A' corresponds to 'pure' shape, fraction 'B' to 'pure' species maximal size and fraction 'C' to pure phylogeny. For simplicity, fractions not discussed in the text (D, E, F and G) were omitted.

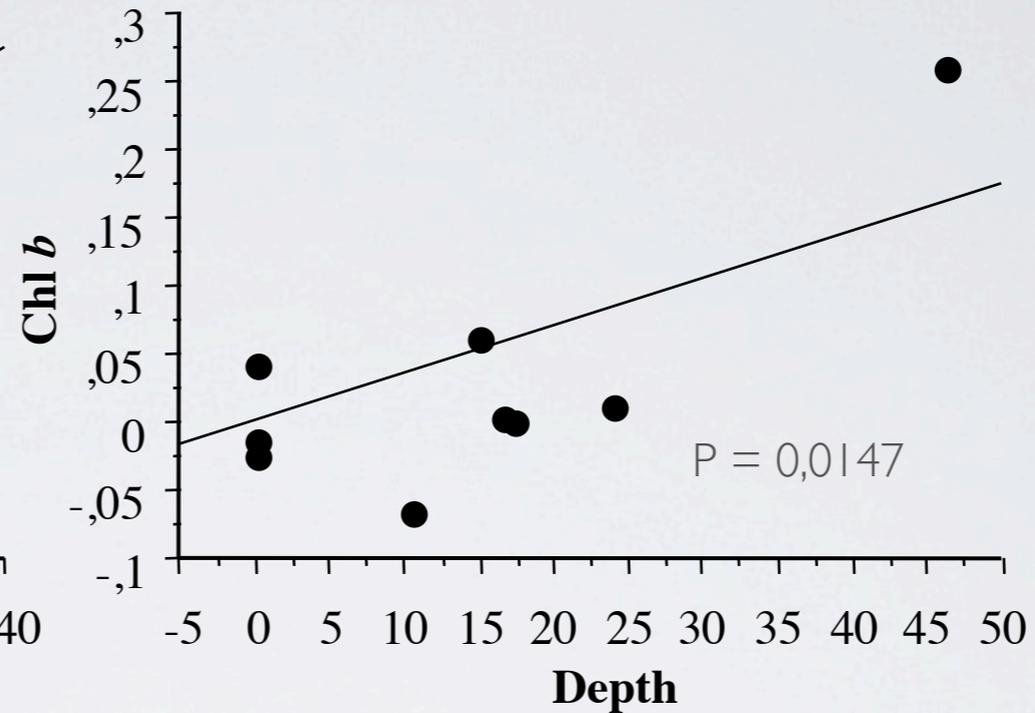
EXEMPLE

- Chlorophylle b vs profondeur chez *Ostreococcus*



$$Y = 0,719 + 0,004 * X; R^2 = 0,779$$

Données brutes



$$Y = 0 + 0,003 * X; R^2 = 0,546$$

Contrastes indépendants

Partitionnement de la variation de la Chl b

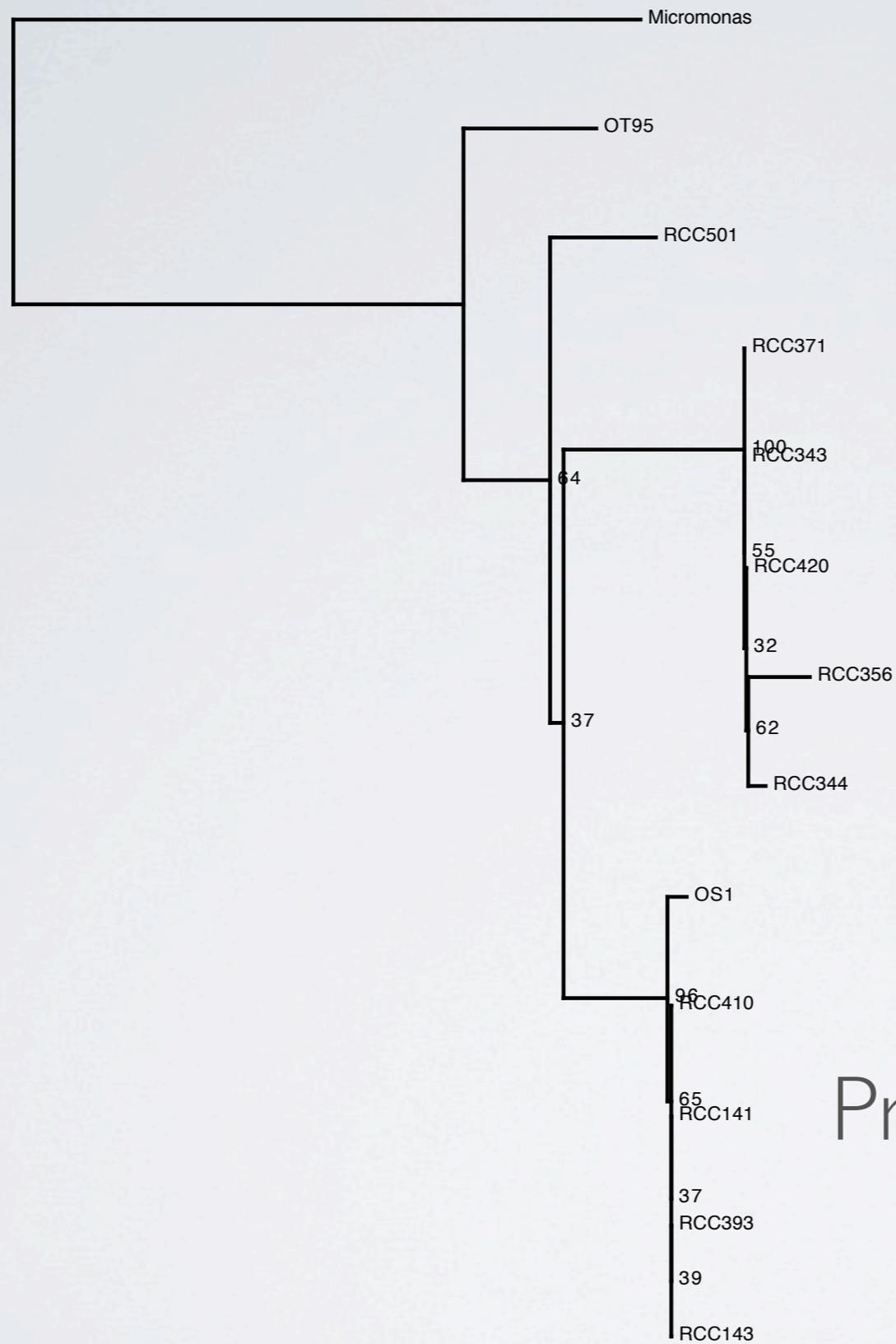


Profondeur

Variation phylogénétique
structurée par la profondeur

Phylogénie

Non expliquée



Surface (0 - 65 m)

Profondeur (90 - 120 m)

0.1

- La concentration en Chl *b* est liée à la profondeur même après contrôle de l'effet de la phylogénie : suggère une adaptation
- Conservatisme de niche très important : quelques événements évolutifs indépendants, puis radiation sous les mêmes pressions écologiques