

INFLUENCIA DEL MUESTREO DE TERMINALES Y PARTICIONES SOBRE LA RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA DEL VIRUS DEL DENGUE USANDO ANÁLISIS DE INFERENCIA BAYESIANA

Luis Manuel Calsada Rodríguez^{1*}; Daniel Rafael Miranda-Esquivel¹

¹Universidad Industrial de Santander, Escuela de Biología, Laboratorio de Sistemática y Biogeografía

*manuelcalsadar@gmail.com

Los análisis filogenéticos son una herramienta que permite comprender, tanto la historia evolutiva de un grupo específico, como su dinámica poblacional y/o relaciones de ancestría. El virus del Dengue ha sido un modelo biológico útil en la evaluación empírica y teórica de los métodos de reconstrucción filogenética, ya que ha permitido contestar preguntas como rutas de migración, patrones, procesos y clasificación taxonómica del mismo. Sin embargo, preguntas relacionadas a la sensibilidad de los distintos métodos y/o parámetros tales como el efecto de las particiones genómicas y/o de muestreo de terminales, sobre la estimación de los árboles, no han sido testeadas hasta el momento. Por tanto, el objetivo de este trabajo fue evaluar cómo afecta el número de terminales muestreado y el tamaño de la partición -expresado en pares de bases- sobre la reconstrucción filogenética del Virus del Dengue (DENV). Para ello, obtuvimos 328 secuencias de genoma completo de DENV, de las cuales muestreamos tres veces al azar el 20 y 70% de los terminales. Reconstruimos la filogenia bajo análisis bayesiano, del virus del dengue utilizando distintas particiones del genoma (10 genes, 2 combinaciones y la región de la Proteína 2K) que contrastamos contra la Evidencia Total (ET). Los resultados muestran que la recuperación de serotipo/genotipos es directamente proporcional al tamaño de la partición. El número de terminales muestreado afecta la recuperación tanto de serotipos como de genotipos. Los ensayos con el menor tamaño de número de terminales presentaron el mayor porcentaje de recuperación de clados (serotipo/genotipos). Las particiones de mayor longitud son más eficientes en la geno o serotipificación; sin embargo, las reconstrucciones están influenciadas por el número de terminales usadas para la reconstrucción de las relaciones filogenéticas del DENV.

Palabras clave: especies, inventario; riqueza, Santander.