MÁS NO IMPLICA MEJOR:

Genes con muestreo incompleto no suman a la resolución de las relaciones del grupo *lacrimosus* (*Pristimantis*: Craugastoridae)

Alejandra Ruiz-Jiménez[*], Viviana R-Alarcón[*], Daniel R. Miranda-Esquivel[*+]
Laboratorio de Sistemática y Biogeografía, Esc. Biología, Universidad Industrial de Santander
Email: [+]dmiranda@uis.edu.***co***

Laboratorio de Sistemática & Biogeografía

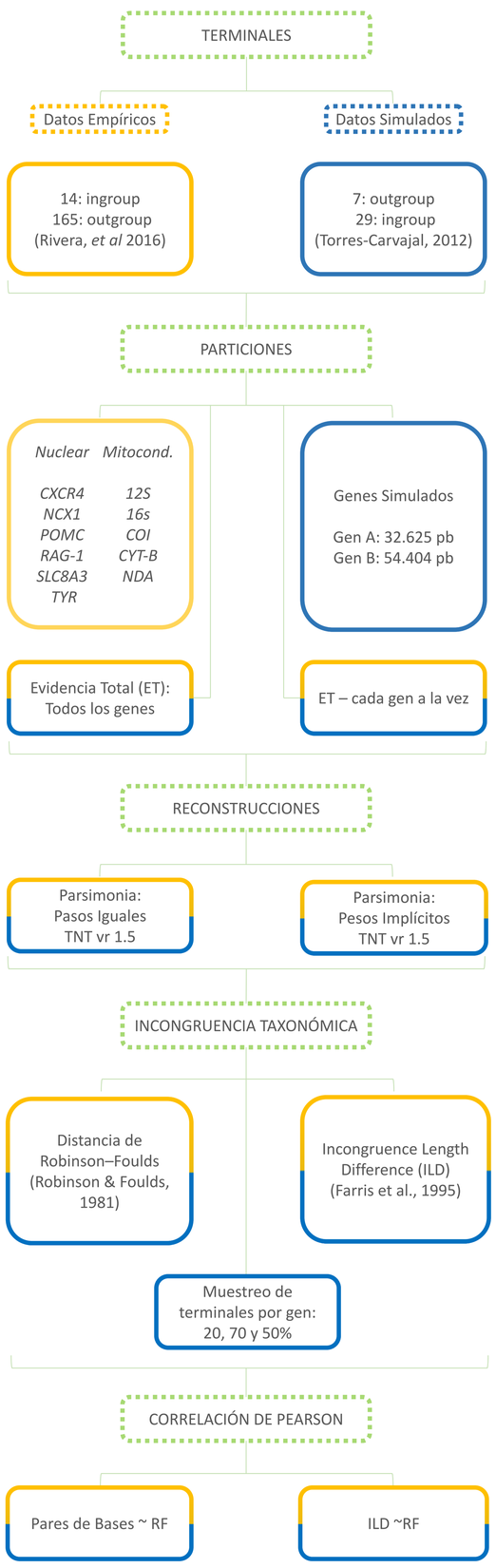
Universidad Industrial de Santander

INTRODUCCIÓN

El efecto que tienen las particiones con datos incompletos o ausentes en los análisis filogenéticos aún sigue siendo tema de debate. La primera posición sugiere que incluir taxa con gran cantidad de genes incompletos genera cambios en la topología resultante, frente a una topología con muestreo completo de terminales y/o genes.

Contrario a esto, la segunda visión propone que dicha falta de información no afecta la topología resultante. Por tanto, nuestro objetivo fue **evaluar la sensibilidad de las reconstrucciones filogenéticas al muestreo de genes por número de pares de bases, contrastando datos empíricos y simulados**.

MÉTODOS



RESULTADOS y DISCUSIÓN

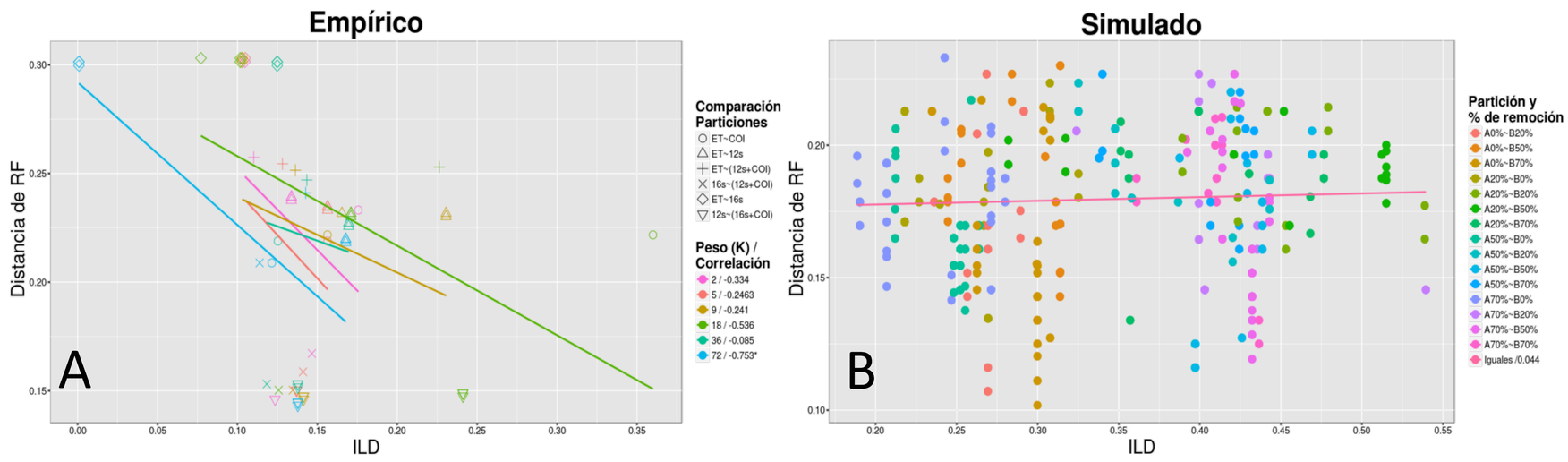


Figura 1. Relación entre Distancia de Robinson-Fould y medida de la incongruencia de la diferencia de la longitud(ILD). A- Correlación de Pearson para reconstrucciones filogenéticas con datos empíricos. B- Correlación de Pearson para la reconstrucción de pesos iguales con datos simulados. El porcentaje de remoción representa el número de terminales removidas del análisis, particiones las cuales fueron comparadas con la evidencia total (ET) con muestreo completo. * p-value < 0.05

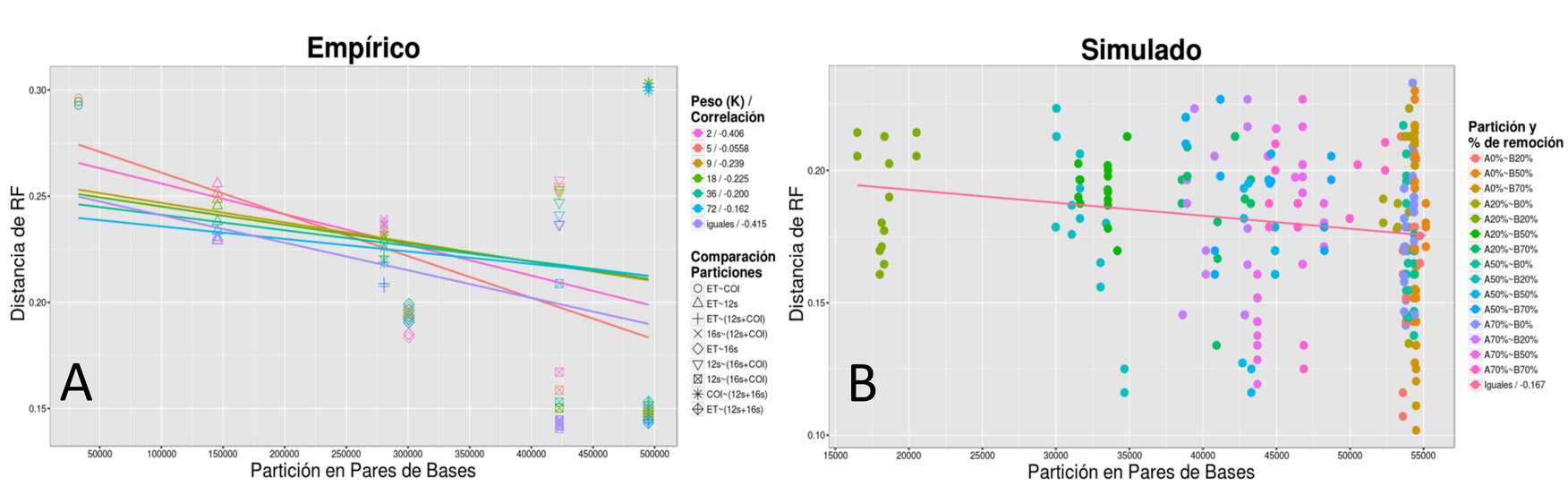


Figura 2. Distancia de Robinson-Fould y cantidad de información medida en términos de longitud de la partición. A- Distancia de RF entre cada partición vrs Evidencia total para cada tipo de reconstrucción filogenética con datos empíricos. B- Distancia de RF entre cada partición vrs Evidencia total para cada tipo de reconstrucción filogenética con datos Simulados. El porcentaje de remoción representa el número de terminales removidas del análisis, particiones las cuales fueron comparadas con la evidencia total (ET) con muestreo completo.

Los genes presentes en la mayoría de las terminales, aportan poca o ninguna información a las relaciones entre los nodos del grupo interno (↑RF), debido a la ausencia de muestreo de secuencias dentro del mismo. Aunque más genes no implica menor incongruencia taxonómica (↓RF), la longitud de la partición si esta inversamente relacionada con la diferencia entre las relaciones (RF) (Fig 1 A,B). Lo cual indica que el aporte de información puede estar relacionado a la longitud de la partición y no a la cantidad de genes que utilice para la reconstrucción. Sin embargo, las diferencias en RF no son predictores de valores altos en ILD, ya que las relaciones entre los grupos puede cambiar sin que el costo del árbol cambie (Fig 1-2 A).

BIBLIOGRAFÍA

- DOI: doi.org/10.1093/molbev/msi121
- DOI. doi.org/10.1016/0025-5564(81)90043-2
- DOI: 10.2307/2413255
- DOI: doi.org/10.2307/2412182
- DOI: 10.1111/j.1096-0031.1993.tb00209.x
- DOI: 10.1111/j.1096-0031.2008.00217.x

CONCLUSIÓN

Independientemente del método empleado, los genes con representatividad casi nula en las terminales, sobreestiman las cifras de muestreo aparente y no aportan a la resolución de las relaciones filogenéticas para éste grupo de especies del género *Pristimantis.* Sin embargo, utilizar particiones con más número de pares de bases podrían ser más útiles al momento de reconstruir las relaciones.

.