

Ejercicio con Bayesian Island Biogeography (BIB) en BEAST

1. Primero descargar la versión adecuada de BEAST v. 1, que debe ser 1.75 o superior, e instalar la versión adecuada a vuestro sistema operativo. La actual es BEAST 1.10

[Download BEAST](#)

OBS: Es necesario instalarse también las librerías de Beagle para que el software funcione.

[Installing BEAGLE](#)

Y puede ser necesario que actualicéis Java. Seguir las instrucciones en la página correspondiente. En particular, los usuarios de Windows podéis necesitar instalar Java JDK.

En concreto la que indica en la página de instalación de Beast (https://beast.community/install_on_windows). Hay un apartado que te lleva a una página de Java (<https://www.oracle.com/java/technologies/javase-downloads.html>) y allí aparece el Java JDK para descargar.

2. Seguir las instrucciones en el documento "Manual_Discrete_Phylogeography" en la carpeta de Google Drive.

Los archivos necesarios para el análisis se encuentran en la carpeta "Input".

3. Instalar el software gráfico SPREAD para visualizar los resultados.

[Install SPREAD](#)

OBS: La versión en el ejecutable dmg para MacOSX que aparece en la página de descargas, está "corrupta" y no se abre.

[Software SPREAD](#)

Pero la versión "SPREAD v1. 0. 7.jar" que aparece para Windows & Linux funciona bien para MacOSX. Simplemente clicar en el icono y se abrirá un ejecutable gráfico.

Podéis seguir las instrucciones en el manual.

https://rega.kuleuven.be/cev/ecv/software/SPREAD_tutorial

El resultado final se puede ver directamente en SPREAD con "plot" o bien salvarlo como "kml" y verlo tridimensional en Google Earth. Este último te permite seguir el proceso de "difusión"- "migración" del virus en el tiempo. También se puede testar por Bayes Facto rs cuáles son las rutas de migración más importantes.

