

Filogeografia viral discreta: um guia passo a passo

Luiz Max F. de Carvalho, Programa de Computação Científica (PROCC), Fundação Oswaldo Cruz.

Introdução

Este tutorial tem como objetivo mostrar as etapas necessárias à uma análise de filogeografia discreta com vistas a reconstruir a rede de transmissão do vírus da febre aftosa (FMDV) no Equador descritas em Carvalho e colaboradores (2013) 13:76-88. Neste tutorial vamos estimar as taxas de transição entre as localidades, bem como as probabilidades de cada localidade ser a origem espacial das cepas circulantes, que chamaremos de $Pr(\text{Origem})$. Ao obter estas estimativas, seremos capazes de caracterizar a dinâmica espacial do vírus no continente, detectar rotas preferenciais de espalhamento e localidades-chaves para a transmissão. No que se segue, detalhamos os procedimentos necessários, os programas (*softwares*) recomendados e os resultados esperados.

Programas necessários

Nesta análise vamos utilizar vários programas para a análise dos dados e a anotação e visualização dos resultados. Os programas necessários são:

✓ BEAST ;

✓ Path-O-Gen ;

✓ SPREAD ;

✓ FigTree ;

✓ Google Earth;

Preparando a análise

14.0.1 Cuidados importantes

Carregando os dados

Execução

Anotação

Resultados

Comentários finais

Links úteis

Agradecimentos