**Análisis de las relaciones filogenéticas de las diferentes especies del género Psammolestes distribuidas a lo largo del continente suramericano**

Paula Alexandra Torres, Mateo Alvarado, María Paula Salazar

¿Cúales son las relaciones filogenéticas de tres especies diferentes del género *Psammolestes* distribuidas a lo largo de Brasil, Colombia y Venezuela?

**Metodología**

**1.** Partiendo de secuencias ya suministradas de nueve marcadores moleculares (28S, AMPg,CISP,CYT B,LSM, PJH, TRNA, UPCA, UPMETAL) extraídos de cuatro especies del género Psammolestes (68 individuos en total). Muestreados en Brasil, Colombia y Venezuela. Se procederá a realizar un alineamiento múltiple de las secuencias por cada uno de los marcadores haciendo uso el algoritmo MUSCLE y del software Geneious.

**2.** Luego de obtener las secuencias debidamente alineadas, procederemos a realizar un análisis para determinar el modelo evolutivo que mejor se ajusta a nuestros datos. Esto se realizará haciendo uso del programa jmodeltest.

**3.** A continuación realizaremos un árbol filogenético correspondiente a cada uno de los marcadores moleculares ya establecidos. Dicho árbol se realizará con el programa BEAST que produce arboles bajo el algoritmo bayesiano donde los parámetros serán modificados acorde a los resultados obtenidos en le modelamiento realzado en el paso 2.

**4.** Luego de obtener los árboles filogenéticos correspondientes a cada uno de los marcadores moleculares. Realizaremos un árbol consenso de estos haciendo uso de un programa que aún está por definir.

**Preguntas**

1. **¿Cuántas especies tenemos y número de individuos?**

Tenemos secuencias de los nueve marcadores para tres especies: *Psammolestes tertius, Psammolestes coreodes, Psammolestes arthuri* y 68 individuos en total.

1. **¿Qué programa de alineamiento se va a usar? Y ¿qué ventajas y desventajas tiene el algoritmo a usar?**  
     
   Se va a utilizar el programa Geneious debido a que este programa nos permite realizar alineamientos no tan ruidosos en comparación con MEGA, por ejemplo. Pues en Geneious las secuencias del alineamiento resultante ya quedan organizadas, a diferencia de MEGA que algunas veces varias secuencias están en sentido contrario al resto y es necesario realizar una organización manual.

En cuanto al algoritmo a usar, MUSCLE implementa un algoritmo progresivo, lo que permite que las columnas que se van alineando se re-optimicen durante todo el proceso por lo que posee menos errores en comparación, por ejemplo, de CLUSTALW y sirve para alineamientos medianos o grandes. Una de las desventajas de esto es que el proceso suele ser un poco más lento en comparación con CLUSTALW.

1. **¿Por qué se eligieron los respectivos marcadores?**

Se utilizaron varios marcadores de diferentes tipos, es decir, que se incluyeron marcadores mitocondriales, nucleares y ribosomales. Los marcadores seleccionados fueron: 28S, AMPg, CISP, CYT B, LSM, PJH, TRNA, UPCA, UPMETAL ya que nos permitirán generar distintos arboles de los cuales se podrá obtener un árbol filogenético consenso más robusto y con una mayor representación de las relaciones entre las distintas especies.

1. **¿Cuál es la hipótesis detrás de la pregunta, que sentido biológico tiene?**

De manera previa, se han intentado establecer las relaciones filogenéticas entre estas especies del género *Psammolestes.* Sin embargo, los caracteres usados para esta clasificación han sido muy pocos como para afirmar que las relaciones previamente establecidas son lo suficientemente robustas. Es por esta razón, que el uso de un número mayor de caracteres moleculares, permitirá que la clasificación previa sea más robusta, o en caso de obtener una nueva, podremos generar soportes confiables para justificar el establecimiento de esa nueva filogenia.

Adicionalmente, es importante tener en cuenta que las especies del género Psammolestes son vectores de Tripanosoma, el principal causante de la enfermedad de chagas. Realizar un estudio filogenético de este grupo de individuos es de gran utilidad para estudios epidemiológicos de la enfermedad. Ya que provee información de la historia evolutiva del vector y por ende se puede relacionar con la historia evolutiva de la enfermedad. De este modo es posible ampliar el conocimiento respecto a enfermedades tropicales, lo cual es fundamental para el control de estas.