

ACTUALIZACIÓN DE CONCLUSIONES.

Análisis de la variabilidad nucleotídica a lo largo del cromosoma 2L en regiones no codificantes de diversas poblaciones naturales de *Drosophila melanogaster* en dos ordenaciones cromosómicas distintas.

Jose Antonio Arco Martín de Rosales

Máster en Bioinformática y Bioestadística

Área 3 – Evolución molecular

Nombre Consultor/a

Dorcas Orengo Ferriz

Nombre Profesor/a responsable de la asignatura

Laura Calvet Liñan

30 de Julio de 2022

Actualización de las conclusiones

Una de las conclusiones más llamativas de este trabajo es que las dos poblaciones americanas RAL_ST y RAL_INV, siempre quedan agrupadas en el análisis de PCoA y, en base a la presencia de valores negativos para el estadístico FST, parecen pertenecer a una única población panmictica.

Esta conclusión llevó a la revisión de todos los cálculos realizados, así como a la revisión de la calidad de los datos utilizados para el trabajo. En este sentido se buscó información de las secuencias originales en la página <https://www.johnpool.net/genomes.html> de donde se obtuvo el Excel que clasificaba las secuencias de la población americana RAL como estándar, ST, e invertidas INV. En la citada página se encontró una entrada de 3-11-2016 relativa a una actualización del Excel que reclasificaba a los individuos de RAL según su ordenación cromosómica de un modo distinto del Excel original.

En definitiva, una vez revisados las secuencias RAL_INV utilizadas se comprobó que realmente tenían ordenación cromosómica estándar.

Esto explica porqué cuando se calculaba el estadístico Fst se obtenían valores negativos, es decir, de hecho, se estaban comparando dos grupos que en realidad correspondían a una única población estándar, ST.