



Oferta Trabajo Fin de Master (TFM):

Tutor/es: Miguel Arenas Busto

e-mail tutor/es: marenas@uvigo.es

Centro/Institución/Empresa: CINBIO – Facultad de Biología / Universidad de Vigo

Título: Comparación de tipos de modelos de sustitución para la reconstrucción de árboles filogenéticos

Breve resumen del trabajo (< 100 palabras):

La reconstrucción de árboles filogenéticos se realiza frecuentemente con métodos probabilísticos que requieren un modelo de sustitución. Existen modelos de sustitución específicos para modelar la evolución de secuencias de nucleótidos, codones y aminoácidos. Estos modelos difieren en varios aspectos, incluyendo el número de estados del monómero que modelan y, el tipo y número de parámetros. Algunos estudios indicaron que los modelos basados en codones producen inferencias filogenéticas más realistas, mientras que otros estudios indicaron lo mismo para modelos de aminoácidos. En este TFM se propone explorar qué tipo de modelo de sustitución proporciona más información para la reconstrucción filogenética.

Actividades a desarrollar:

Este TFM es totalmente computacional y constará de las siguientes actividades:

1. Simulaciones computacionales de alineamientos de secuencias de nucleótidos, codones y aminoácidos bajo modelos de sustitución adecuados para cada tipo de datos, e incluyendo diferentes modelos para cada tipo de datos. Estas simulaciones consistirán en, inicialmente, simular árboles filogenéticos aleatorios o basados en el coalescente, y, a continuación, simular la evolución de las secuencias sobre dichos árboles y bajo el modelo de sustitución correspondiente.
2. Inferencia de árboles filogenéticos de máxima verosimilitud a partir de los alineamientos de secuencias simulados y bajo cada modelo usado para realizar las simulaciones.
3. Cálculo de distancias entre árboles simulados y árboles reconstruidos, incluyendo distancias basadas en topología y longitudes de ramas.

Se estudiarán diferentes modelos para cada tipo de monómero (por ejemplo, Nucleótido: JC, HKY, GTR; Codón: GY94, MG94, ECM; Aminoácido: JTT, WAG, LG). En caso de disponer de suficiente tiempo, se explorará el posible efecto de la tasa de sustitución sobre la exactitud de las reconstrucciones filogenéticas.