



### 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 / Universidade de Vigo

Título: Evaluación de modelos de sustitución de diferente naturaleza molecular en la reconstrucción filogenética

Breve resumen del trabajo (< 100 palabras):

La reconstrucción filogenética se realiza habitualmente con métodos probabilísticos que requieren un modelo de sustitución de evolución molecular. Existen modelos de sustitución específicos para modelar la evolución de secuencias de nucleótidos, codones y aminoácidos. Estos modelos difieren en sus parámetros, especialmente debido al diferente número de estados del monómero. Algunos estudios indicaron que los modelos basados en codones producen inferencias filogenéticas más realistas, mientras que otros indicaron esto para los modelos basados en aminoácidos. Este TFM explorará qué tipo de modelos de sustitución proporcionan reconstrucciones filogenéticas más precisas.

Actividades a desarrollar:

Este TFM es totalmente computacional e incluye las siguientes actividades:

1. Simulaciones computacionales de alineamientos de secuencias de nucleótidos, codones y aminoácidos bajo diferentes modelos de sustitución adecuados 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 bajo un modelo de sustitución dado.
2. Inferencia de árboles filogenéticos de máxima verosimilitud a partir de los alineamientos de secuencias simulados. Estas inferencias se realizarán bajo diferentes modelos de sustitución, incluyendo el modelo usado para las simulaciones y otros modelos de diferente naturaleza.
3. Cálculo de distancias entre árboles simulados y árboles reconstruidos, incluyendo distancias basadas en topología y longitudes de ramas.

Se evaluarán diferentes modelos de sustitución para cada tipo de monómero (nucleótido, codón y aminoácido). En caso de disponer de suficiente tiempo, se explorará el posible efecto de la tasa de sustitución sobre la exactitud de las reconstrucciones filogenéticas.