



## Propuesta de Trabajo Fin de Máster

Año académico 2021-2022

### MÁSTER EN MÉTODOS COMPUTACIONALES EN CIENCIAS

#### Project nº 03 ASIGNADO

**Título:** *Explorando las relaciones evolutivas en el reino animal mediante caracteres moleculares: filogenias controvertidas y especies crípticas*

**Departamento/ Laboratorio:** *Proyecto de colaboración entre el departamento de Biología Ambiental de la Universidad de Navarra y la Colección de Tejidos y ADN del Museo Nacional de Ciencias Naturales.*

**Director:** *David Galicia Paredes*

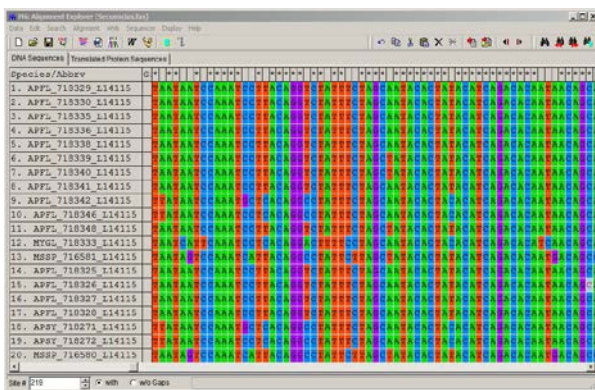
**Correo electrónico:** *dgalicia@unav.es*

**Codirector:** *Isabel Rey Fraile*

**Correo electrónico:** *isabel.rey@mncn.csic.es*

#### Resumen

Los análisis de las relaciones de parentesco entre especies, géneros, familias o categorías taxonómicas superiores se realizan frecuentemente combinando la distribución de caracteres moleculares y morfológicos. Actualmente la cantidad de información molecular accesible es tal que tanto la obtención de los datos como su análisis suponen un reto analítico y computacional considerable. La representación de estos análisis se visualiza por medio de árboles (dendrogramas) cuyas ramas nos dan una idea de la disposición relativa de los taxones y sus niveles de agrupación calculados mediante diferentes algoritmos matemáticos. Sin embargo, todo árbol requiere un cálculo de la consistencia de sus ramificaciones que den robustez a la interpretación de las relaciones de parentesco representadas. El objetivo de este proyecto consiste en explorar distintas matrices moleculares, tanto de ADN nuclear como mitocondrial, obtenidas mediante el minado de bases de datos públicas (INSDC, BOLD) sobre taxones vertebrados o invertebrados de interés por su controvertida historia evolutiva de acuerdo a la literatura disponible. A partir de esta información se podrán analizar sus relaciones evolutivas y visualizar árboles filogenéticos, comparar la consistencia y limitaciones entre ellos, descubrir posibles especies crípticas o vislumbrar procesos evolutivos.



#### ASIGNATURAS OPTATIVAS RECOMENDADAS

1. Adquisición y análisis de datos en biodiversidad
2. Métodos cuantitativos en biología evolutiva
3. Análisis e interpretación de datos de alto rendimiento
4. Aprendizaje automático (machine learning)