



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Estima de diversidad genética poblacional en ausencia de referencias genómicas conespecíficas: impacto y aproximaciones alternativas

Descripción general (resumen y metodología):

La diversidad genética es un componente fundamental para la adaptación y supervivencia de las especies, por lo que su cuantificación y monitoreo resulta esencial en estrategias de conservación, especialmente en taxones amenazados. Las tecnologías de secuenciación masiva permiten estimar esta diversidad considerando variantes distribuidas a lo largo de todo el genoma. Sin embargo, dicha estimación puede verse afectada por la ausencia de genomas de referencia de la misma especie, un problema común en especies no modelo. En este trabajo se evaluará el impacto que tiene el uso de genomas de referencia pertenecientes a otras especies en la estimación de la diversidad nucleotídica poblacional. Para ello, se descargarán lecturas de genoma completo de diversas especies desde bases de datos públicas como ENA y NCBI GenBank, junto con sus respectivas referencias genómicas, tanto propias como de especies filogenéticamente cercanas. Asimismo, se introducirán artificialmente distintos grados de divergencia en los genomas de referencia para estudiar su efecto sobre la estimación de la diversidad poblacional. Finalmente, se buscará identificar parámetros genómicos o filogenéticos que permitan predecir con mayor precisión la diversidad genética cuando solo se dispone de referencias cercanas

Tipología: Trabajos experimentales, de toma de datos de campo o de laboratorio.

Objetivos planteados:

El objetivo principal de este trabajo es cuantificar el error en la estimación de la diversidad genética poblacional al utilizar genomas de referencia de otras especies. Además, se buscarán patrones en las alineaciones genómicas que permitan inferir la diversidad genética en ausencia de una referencia específica, utilizando únicamente referencias de especies filogenéticamente cercanas.

Bibliografía básica:

Nevado B, Ramos-Onsins SE, Perez-Enciso M. Resequencing studies of nonmodel organisms using closely related reference genomes: optimal experimental designs and bioinformatics approaches for population genomics. Mol Ecol. 2014 Apr;23(7):1764-79. doi: 10.1111/mec.12693. PMID: 24795998.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: ANTONIO JESÚS MUÑOZ PAJARES

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: ajesusmp@ugr.es

3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):

Nombre y apellidos:

Ámbito de conocimiento/Departamento:

Correo electrónico:

4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):

Nombre y apellidos:

Correo electrónico:

Nombre de la empresa o institución:

Dirección postal:

Puesto del tutor en la empresa o institución:

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos: LEA ADA PALAO PICOTTI

Correo electrónico: leapalao@correo.ugr.es