

# Maestría en Ingeniería Matemática

## Propuesta de Tesis



### Título de la propuesta

### Identificación del proponente

María Inés Fariello

IMERL, FIng, UdelaR, Instituto Pasteur de Montevideo

fariello@fing.edu.uy

### Área Temática

Bioestadística

### Perfil esperado del estudiante

Manejo de herramientas básicas de estadística. Usuario nivel medio de R y nociones básicas de programación (preferentemente Python). Si tiene alguna noción de biología mejor, pero no es excluyente

### Resumen

Durante mi tesis de doctorado desarrollé un test de detección de genes bajo selección (natural o artificial). La condición que debían cumplir las poblaciones para hacer el test, es que estuvieran estructuradas y casi sin migración. Esto quiere decir, que algunas podían estar más relacionadas entre sí que otras, pero sus relaciones se podían representar con un diagrama de árbol. Hoy en día hay poblaciones mezcladas, por lo tanto, cuando un conjunto de poblaciones tiene alguna que es mezcla de otras dos, las relaciones entre las mismas ya no pueden representarse con un árbol y debe hacerse con una red.

Los árboles se pueden traducir en matrices y luego de tener esa matriz se puede aplicar un test de selección para encontrar los genes que están más diferenciados entre las poblaciones, respecto a la diferenciación promedio. El programa TreeMix, construye árboles pero conecta algunas ramas entre ellos, para señalar eventos de migración.

En esta tesis se propone estudiar dicho programa (o algún otro que haga lo mismo), construir una matriz equivalente a la usada en el caso de poblaciones estructuradas sin migración y ver cómo funciona el test simulando escenarios con migración.