

PROPUESTAS DE TESIS DE MASTER PARA EL CURSO 2019-2020

1. ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE LA GLÁNDULA SUPRARRENAL DE TERNEROS DE RAZA AVILEÑA-NEGRA IBÉRICA CON FENOTIPOS DE ALTA Y BAJA RESPUESTA FISIOLÓGICA AL ESTRÉS DEL SACRIFICIO MEDIANTE ANÁLISIS DE RNASEQ

Clara Díaz y M^a Jesús Carabaño. INIA, Madrid cdiaz@inia.es mjc@inia.es

Los ganaderos de raza Avileña-Negra Ibérica han asumido tradicionalmente el temperamento de sus animales, sin embargo actualmente muchos son conscientes de los efectos que dicho comportamiento puede tener sobre la productividad y la calidad del producto final. El temperamento de los animales condiciona la respuesta a las situaciones de estrés entre ellas al estrés del sacrificio. Dicha respuesta está mediada por el eje hipotálamo-hipófisis-suprarenales. El objetivo es profundizar en la base genética de la respuesta al estrés estudiando el transcriptoma de una de los elementos principales en el desencadenamiento de dicha respuesta. Se compararán varios métodos de análisis y se evaluará la concordancia de los resultados. Se hará una evaluación empírica mediante simulación de los métodos utilizados.

2. IMPUTACIÓN DE MARCADORES MICROSATÉLITES A PARTIR DE CHIPS DE SNPS PARA LA REALIZACIÓN DE PRUEBAS DE PATERNIDAD.

Clara Díaz y M^a Jesús Carabaño. INIA, Madrid cdiaz@inia.es mjc@inia.es

Estamos en un periodo de transición en el cual se dispone de una gran número de reproductores genotipados con microsatélites y las nuevas generaciones se están genotipando con chips de SNPs. En este contexto, si se quiere confirmar/asignar paternidades las asociaciones se ven en la obligación de genotipar animales por duplicado, con micros y chips lo cual genera un coste adicional que podría ser innecesario si se pudieran imputar los micros a partir de los genotipos de SNPs. El objetivo del trabajo es desarrollar un procedimiento de imputación de microsatélites a partir de los genotipos de chips de SNPs. Para ello se cuenta con 25 tríos en siete razas autóctonas de bovino de carne de los cuales se dispone de los genotipos con microsatélites y con chips de alta densidad. Se evaluará la probabilidad de imputación correcta utilizando chips de distintas densidades y poblaciones de tamaño efectivo diverso.

3. SELECCIÓN GENÓMICA PARA LA MEJORA DE LA EFICIENCIA ALIMENTARIA Y LAS EMISIONES DE METANO EN VACUNO DE LECHE.

Oscar González-Recio. INIA, Madrid gonzalez.oscar@inia.es

La mejora de la eficiencia alimentaria y la mitigación de emisiones de gases con efecto invernadero son unas de las nuevas y principales preocupaciones en el vacuno lechero. Genética y nutrición son los factores que más influyen en estos dos caracteres. El candidato de esta tesis de master trabajará dentro del proyecto METALGEN (www.metalgen.es), en el cual se recogen datos individuales de producción de metano, microbiota del rumen, y espectros MIR. Además de disponer del genotipo de los individuos se cuenta con información del control productivo. El candidato trabajará en un entorno multidisciplinar (genómica, metagenómica, nutrición y microbiología) usando información de los espectros MIR para la predicción de caracteres relacionados con la eficiencia y las emisiones de metano.

4. MICROBIOTA INTESTINAL Y GENÉTICA DEL HUÉSPED CONTRIBUCIÓN CONJUNTA A LA EFICIENCIA Y LA ROBUSTEZ EN PORCINO

Yulíaxis Ramayo y María Ballester. IRTA, Barcelona.

maria.ballester@irta.cat yulixaxis.ramayo@irta.cat

La microbiota gastrointestinal es un ecosistema complejo que interactúa simbióticamente con el huésped, y que influye en el desarrollo del sistema inmunitario y la eficiencia alimentaria de los animales. El objetivo de nuestra propuesta de investigación es integrar datos del microbioma con información genómica y fenotípica para la predicción molecular de la eficiencia y la robustez en porcino.

5. IDENTIFICACIÓN Y VALIDACIÓN FUNCIONAL DE POLIMORFISMOS EN GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A CRECIMIENTO INDIVIDUAL Y EFICIENCIA ALIMENTARIA COLECTIVA EN CONEJOS BAJO DOS REGÍMENES DE ALIMENTACIÓN

Maria Ballester y Juan Pablo Sánchez. IRTA, Barcelona.

maria.ballester@irta.cat JuanPablo.Sanchez@irta.cat

El trabajo consistirá en la caracterización funcional de genes candidatos e identificación de polimorfismos asociados con caracteres de crecimiento y eficiencia alimentaria en conejos mediante la utilización de técnicas de biología molecular y celular. Así como la utilización de herramientas bioestadísticas para los análisis de asociación genética.

6. DETERMINACIÓN GENÉTICA DE LA CAPACIDAD INMUNOLÓGICA EN PORCINO IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES GENÉTICAS FUNCIONALES PARA LA IMPLEMENTACIÓN DE SELECCIÓN GENÓMICA

Yuliaxis Ramayo y Maria Ballester. IRTA, Barcelona.

maria.ballester@irta.cat yuliaxis.ramayo@irta.cat

El trabajo consistirá en estudiar el determinismo genético de la inmunocompetencia en cerdos sanos, así como su relación con el rendimiento productivo y el bienestar de los animales. Con este propósito se analizarán un conjunto de caracteres de inmunidad innata (IIT) en 450 animales sanos pertenecientes a una línea comercial Duroc utilizando técnicas de biología molecular y métodos bioinformáticos.

7. ANÁLISIS DE MICROBIOMA EN CERDAS IBÉRICAS.

Joaquim Casellas. UAB Joaquim.Casellas@uab.cat

Se dispondrá del microbioma vaginal en el momento de la inseminación de un total de 100 cerdas ibéricas, así como sus resultados reproductivos. Se plantea realizar tanto la caracterización del microbioma vaginal en celo como la posible asociación del mismo con la fertilidad y prolificidad de las cerdas.

8. ANÁLISIS GENÓMICO DEL METABOLISMO LIPÍDICO EN PORCINO Y SU EFECTO SOBRE LA CALIDAD DE LA CARNE

Josep M. Folch. CRAG-UAB JosepMaria.Folch@uab.es

Se propone la utilización de metodologías de genómica funcional y secuenciación paralela masiva (RNA-Seq) para la identificación y validación funcional de los genes y polimorfismos genéticos implicados en la variación de la calidad de la carne y la composición de ácidos grasos en porcino. Se utilizarán técnicas moleculares para el análisis de la variabilidad genética, la expresión génica y su regulación. Además, se emplearán herramientas bioinformáticas para el análisis de fenotipos, genotipos de Chips de SNPs y de datos de expresión génica (RNA-Seq y qPCR).

9. ANÁLISIS DEL MICROBIOMA PORCINO Y SU RELACIÓN CON EL ENGRASAMIENTO Y EL METABOLISMO LIPÍDICO

Josep M. Folch. CRAG-UAB JosepMaria.Folch@uab.es

Se propone el análisis de la composición del microbioma (16S rRNA) en porcino y su relación con la producción de ácidos grasos de cadena corta, el metabolismo lipídico y la variación en el engrasamiento y calidad de la carne de los animales. Se utilizarán tanto técnicas moleculares en el laboratorio como herramientas bioinformáticas para el análisis del microbioma.

10. IDENTIFICACIÓN DE RNAs LARGOS NO-CODIFICANTES EN LOS TRANSCRIPTOMAS DE DIVERSOS TEJIDOS CAPRINOS

Marcel Amills. CRAG-UAB Marcel.Amills@uab.cat

Los RNAs largos no-codificantes (lncRNA) tienen funciones muy importantes relacionadas con la regulación de la expresión génica, sin embargo en el ganado caprino prácticamente no se conoce nada sobre su naturaleza o perfiles de expresión. El objetivo del trabajo consistirá en establecer un primer catálogo de lncRNAs expresados en diversos tejidos caprinos y en analizar sus niveles de expresión mediante métodos bioinformáticos.

11. ARQUITECTURA GENÉTICA DE LA DEPRESIÓN ENDOGÁMICA EN LA PROLIFICIDAD DE CERDO IBÉRICO

Luis Varona. Universidad de Zaragoza. lvarona@unizar.es

El proyecto de tesis master consistirá en análisis genómico de la depresión endogámica de la prolificidad en 3 estirpes de cerdo ibérico (Entrepelado, Retinto y Torbiscal). Para ello, se calculará el grado de homocigosidad individual a lo largo de regiones específicas del genoma de tamaño variable (cromosoma, 20, 10 y 5 Mb) y se utilizará un modelo que incluirá estos valores como covariables. El objetivo del trabajo será detectar las regiones genómicas asociadas con la depresión endogámica y la localización de potenciales genes candidatos para esta depresión.

12. ESTIMACIÓN DE LA CONSANGUINIDAD EN CERDO IBÉRICO A PARTIR DE DATOS DE SECUENCIACIÓN MASIVA

Beatriz Villanueva y Almudena Fernández. INIA, Madrid

villanueva.beatriz@inia.es afedez@inia.es

En años recientes, se han propuesto diferentes estimadores de la consanguinidad utilizando datos genómicos provenientes de chips de SNPs disponibles para distintas especies de animales de granja. Sin embargo, la ventaja comparativa de utilizar datos de secuencia completa para evaluar la consanguinidad es desconocida. En este proyecto, utilizaremos datos genealógicos y genómicos de diferentes densidades (desde genotipos de chips de SNPs de 60k hasta variantes de secuencia completa) para comparar cómo se comportan los distintos métodos para estimar los niveles de consanguinidad en dos estirpes de cerdo ibérico.

13. COMPARACIÓN DE DOS MODELOS GENÓMICOS PARA EL ANÁLISIS CONJUNTO DE RENDIMIENTOS PUROS Y CRUZADOS

Miriam Piles y Llibertat Tusell. IRTA, Barcelona

miriam.piles@irta.cat llibertat-tusell-palomero@inra.fr

Decidir qué animales genotipar es un aspecto importante a determinar cuando se quieren seleccionar mediante modelos genómicos los candidatos de las líneas puras por su rendimiento en cruzamiento. Con la finalidad de determinar si es necesario o no genotipar individuos cruzados, en este estudio se compararán las estimas de los parámetros genéticos y la habilidad predictiva de dos tipos de modelos genómicos de cruce terminal. Los modelos difieren tanto en complejidad como en tipo de información genómica utilizada.

14. EFECTO DE LA CONSANGUINIDAD SOBRE EL CRECIMIENTO EN CONEJOS

Miriam Piles (IRTA, Barcelona) y Silvia Rodríguez (INRA)

Miriam.piles@irta.es silvia.rodriguez-ramilo@inra.fr

El nivel de depresión consanguínea que muestra cada individuo es heterogéneo, ya que depende de la carga genética recesiva heredada de los ancestros que contribuyen a su identidad por descendencia. Habitualmente se suele emplear la consanguinidad parcial para abordar esta heterogeneidad de las estimas de depresión consanguínea. El objetivo del presente estudio es evaluar la depresión consanguínea a partir de los conceptos de consanguinidad ancestral y parcial empleando información genealógica de una línea de conejos seleccionada por crecimiento y usando un modelo mixto lineal jerárquico.

15. ANÁLISIS FUNCIONAL DE ISOFORMAS RELACIONADAS CON LA DETERMINACIÓN DEL SEXO MEDIANTE TRANSGÉNESIS MEDIADA POR CRISPR

Alfonso Gutierrez Adan y Priscila Ramos Ibeas. INIA, Madrid agutierr@inia.es

La mayoría de los genes de los eucariotas tienen múltiples isomorfos originadas del mismo locus. Recientemente hemos determinado mediante análisis de secuenciación de RNA que algunas determinadas isomorfos participan en la determinación y diferenciación temprana del sexo en mamíferos. En este proyecto proponemos utilizar la tecnología Crispr para hacer knockouts en ratones eliminando las isoformas que hemos identificado relacionadas con la determinación/diferenciación del sexo, para validar su función.

16. TRANSFERENCIA TRANSCERVICAL DE EMBRIONES VITRIFICADOS DE CONEJO

José Vicente. UPV. jvicent@dca.upv.es

El objetivo es aprovechar la anatomía del conejo para desarrollar una nueva técnica de transferencia no quirúrgica de embriones a través del cérvix. En el caso del conejo, el cérvix es doble pero corto y fácil de atravesar. El desafío será diseñar una vaina de una o dos vías que fije el cérvix y permita el paso de los catéteres de transferencia para depositar los embriones a diferentes niveles en el cuerno uterino. El dispositivo de transferencia será evaluado frente a la técnica de transferencia por laparoscopia para dos tipos de embriones vitrificados o no y para tres estadios de desarrollo mórula compacta, blastocisto y blastocisto expandido.

17. NANOENCAPSULACIÓN DE ANÁLOGOS DE GnRH EN DILUYENTES DE INSEMINACIÓN DE CONEJO

María Pilar Viudes de Castro. CITA, Segorbe viudes_mar@gva.es

Cuando se aplica la inseminación artificial en coneja, la ovulación ha de ser inducida con análogos de la GnRH. La inclusión de los análogos en el diluyente, además de mejorar el bienestar animal, facilita la inseminación, incrementa la bioseguridad de la técnica y reduce el tiempo de aplicación de la dosis; sin embargo, debido a las enzimas presentes en el semen, la concentración utilizada en los diluyentes ha de ser muy superior a la que se aplica intramuscularmente. El objetivo del trabajo es incrementar la biodisponibilidad del análogo de la GnRH en los diluyentes de inseminación artificial de conejo reduciendo al máximo su concentración. Para ello se protegerá el análogo mediante nanoencapsulación utilizando distintos polímeros. El reto consiste en conseguir un sistema de nanoencapsulación de la GnRH que nos permita incluirla en el diluyente a una concentración muy próxima a la que se utiliza en su aplicación intramuscular. Se evaluará su perfil de liberación a diferentes temperaturas y su efecto en la inducción de la ovulación.

18. MEJORA DE LA COMPETENCIA DEL OOCITO DE CABRAS MEDIANTE LA INHIBICIÓN DE LA MEIOSIS ANTES DE LA MADURACIÓN IN VITRO

María Teresa Paramio. UAB teresa.paramio@uab.es

Uno de los problemas de la Producción in vitro de embriones es la heterogénea y desconocida competencia de los oocitos utilizados. En nuestro laboratorio en la actualidad estamos desarrollando un sistema de maduración bifásico, con una primera parte antes de la MIV de parada de la meiosis en el oocito para mejorar su competencia de producir embriones. Los tratamientos anti meióticos son numerosos y en algunos casos tóxicos. La idea es probar estos tratamientos en distintas concentraciones y duración para obtener mas blastocitos después de la MIV, FIV, CIV.

19. EL USO DE MODELOS IN VITRO PARA ESTUDIAR INTERACCIONES EMBRIOMATERNALES

Dimitrios Rizos y Encina Gonzales. INIA, Madrid drizos@inia.es

Comunicaciones embrio-maternales son características importantes en los procesos de reproducción. Comunicaciones ocurren durante el tránsito de gametos/embriones al oviducto y durante el reconocimiento materno del embarazo en el útero. Un modelo adecuado *in vitro* proporcionaría informaciones valiosas para mejorar la fertilidad en los mamíferos y también para mejorar los sistemas de producción in vitro. El uso de vesículas extracelulares del tracto reproductivo (oviducto / útero) puede ser una alternativa para la producción de embriones bovinos in vitro de alta calidad.

20. CAMBIOS EPIGENÉTICOS Y SU IMPACTO FENOTÍPICO TRAS SUCESIVAS APLICACIONES DE UN PROGRAMA DE VITRIFICACIÓN EMBRIONARIA

Francisco Marco. UPV fmarco@dca.upv.es

El objetivo general de esta tesis de máster es evaluar si una población sometida a un procedimiento reiterado de vitrificación embrionaria (durante 3 generaciones) muestra modificaciones fenotípicas debido a cambios epigenéticos. Para ello se llevará a cabo un análisis del crecimiento y la salud de los animales desde el nacimiento hasta la edad adulta, y su relación con patrón de metilación del tejido hepático.

21. DESARROLLO DE UN NUEVO SOPORTE PARA LA VITRIFICACIÓN DE EMBRIONES BASADO EN EL MÍNIMO VOLUMEN ESENCIAL

Francisco Marco. UPV fmarco@dca.upv.es

El objetivo principal de esta tesis de máster es evaluar un dispositivo para la crioconservación de embriones basado en la técnica de vitrificación. Específicamente, el objetivo es evaluar un nuevo dispositivo cerrado que permita el almacenamiento masivo de embriones (>20), basado en el sistema de volumen mínimo de medio, y de uso independiente del operador. Para ello el nuevo dispositivo será evaluado tanto in vitro como in vivo.

22. EVALUACIÓN DE LA METILACIÓN ESPERMÁTICA COMO INDICADOR DE ALTERACIONES DE LA LÍNEA GERMINAL TRAS SUCESIVAS APLICACIONES DE UN PROGRAMA DE CRIOCONSERVACIÓN

David Sánchez. UPV dasncpea@upvnet.upv.es

El objetivo principal de esta tesis de máster es demostrar cómo la aplicación de técnicas de reproducción asistida (TRAs) de forma reiterada generan modificaciones en la reprogramación del epigenoma en las células germinales. Para ello, se obtendrá muestras seminales, de animales obtenidos tras 3 generaciones de embriones vitrificados, y se evaluarán las modificaciones epigenéticas y sus características seminales.

23. APLICACIÓN DE LA GENÓMICA EN CERDO IBÉRICO

Noelia Ibáñez. UPV noeibes@dca.upv.es

La aplicación de la genómica en porcino blanco es una realidad. Sin embargo, en porcino ibérico no está todavía implementada. Además, Los resultados de porcino blanco no son completamente extrapolables a porcino ibérico debido a las diferencias en la estructura poblacional (p.ej., tamaño efectivo, coeficiente de consanguinidad) y sus esquemas productivo. El objetivo de este proyecto es evaluar la implementación de la genómica en caracteres productivos de cerdo Ibérico y proponer aquellas estrategias más eficientes.

24. EFECTOS MATERNOS SOBRE EL MICROBIOMA

Pilar Hernández y Noelia Ibáñez. UPV phernan@dca.upv.es noeibes@dca.upv.es

La flora microbiana se transmite a la descendencia al nacimiento, a través del canal vaginal. Esta transmisión se confunde con el microbioma adquirido por el individuo. Disponemos de dos líneas seleccionadas divergentemente por grasa intramuscular. Se realizó una transferencia aleatoria de embriones entre las líneas, y se identificó al nacer la línea de cada gazapo, mediante información genómica. Estos gazapos se sacrificaron y se tomaron muestras de contenido cecal para analizar el metagenoma. El objetivo del trabajo es investigar la influencia materna sobre el microbioma de la descendencia, algo que no ha sido realizado aún en ninguna especie ganadera.

25. ESTUDIO DE ASOCIACIÓN GENÓMICA PARA LA COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN CONEJOS SELECCIONADOS DIVERGENTEMENTE POR GRASA INTRAMUSCULAR

Pilar Hernández y Agustín Blasco. UPV phernan@dca.upv.es ablasco@dca.upv.es

El contenido en grasa intramuscular (GIM) y su composición de ácidos grasos son caracteres importantes por su efecto en la salud del consumidor y en las propiedades organolépticas y tecnológicas de la carne. Disponemos de un experimento de selección divergente en conejos. Se analizará la composición de ácidos grasos de estas líneas divergentes mediante cromatografía gaseosa. El objetivo de este trabajo es identificar polimorfismos y regiones genómicas asociadas a la composición de ácidos grasos.

26. INFLUENCIA DEL METAGENOMA EN LA RESISTENCIA A ESTRÉS Y ENFERMEDADES

Maria José Argente y Agustín Blasco. UPV mj.argente@umh.es ablasco@dca.upv.es

Dos líneas de conejo se seleccionaron de forma divergente por varianza del tamaño de camada, un carácter relacionado con la resistencia a enfermedades y estrés. Se pretende en este trabajo relacionar el genoma de las bacterias del ciego (metagenoma) de ambas líneas en relación a un conjunto de indicadores metabólicos de estrés y resistencia a enfermedades, con el objeto de encontrar genes y tipos de bacterias que influyan en estos caracteres.

27. CARACTERIZACIÓN DE LA MICROBIOTA SEMINAL DE CARNEROS MEDIANTE SECUENCIACIÓN POR NANOPOROS

Magdalena Serrano malena@inia.es

El trabajo tiene como objetivo caracterizar la microbiota del esperma de carneros de un centro de inseminación artificial, mediante una novedosa técnica de secuenciación por nanoporos (MiniON). Se pretende la secuenciación del metagenoma de dosis seminales de 36 machos ovinos y estudiar su relación con la fertilidad de los mismos por inseminación artificial.

28. ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD EN EL DEPÓSITO DE GRASA INTRAMUSCULAR ENTRE ESTIRPES DE CERDO IBÉRICO A TRAVÉS DE LA CARACTERIZACIÓN DE GENES CANDIDATOS FUNCIONALES

Romi Pena. Universidad de Lérida romi.pena@ca.udl.cat

La carne de cerdo ibérico se caracteriza por una gran cantidad de grasa tanto de cobertura como intramuscular con una gran proporción de ácido oleico. A partir de un estudio de transcriptómica se han identificado genes con diferencias funcionales entre dos estirpes de esta raza con valores extremos para el contenido de grasa intramuscular. El objetivo de este TFM es caracterizar las regiones reguladoras de estos genes por técnicas de PCR y secuenciación, y estudiar su relación con la actividad del gen y la acumulación de grasa intramuscular en ambas estirpes.

29. ESTUDIO DE GENES RELACIONADOS CON LA RESILIENCIA A INFECCIONES VÍRICAS EN EL CERDO

Romi Pena. Universidad de Lérida romi.pena@ca.udl.cat

En una población de cerdas reproductoras se ha evaluado su respuesta inmune tras administrar una vacuna vírica atenuada y se ha medido su rendimiento productivo en estados sanitarios con exposición endémica o epidémica a este virus. Se han definido las cerdas con respuestas extremas como sensibles o resilientes a la infección. En este TFM se caracterizará varios genes candidatos para respuesta inmune por técnicas de genética molecular y se estudiará su asociación con los parámetros reproductivos e inmunológicos de la población.

30. BASE GENÉTICA DE LA TOLERANCIA DE TEMPERATURAS EXTREMAS EN RUMIANTES.

Clara Díaz y M^a Jesús Carabaño. INIA, Madrid cdiaz@inia.es mjc@inia.es

Las temperaturas extremas tienen efectos negativos sobre los rendimientos productivos y reproductivos en ganadería. Se cuenta con datos productivos y reproductivos de ganado vacuno, ovino y caprino lechero y ganado vacuno de aptitud cárnica, que junto con la información meteorológica de estaciones cercanas a las granjas permiten estimar el deterioro productivo y reproductivo derivado de temperaturas extremas. Se cuenta asimismo con información genómica y transcriptómica que estaría disponible para realizar el trabajo de máster.