

Propuesta TFM curso 23/24 – Máster de Mejora Genética Animal y Biotecnología de la Reproducción

Materia: Genética Cuantitativa y Molecular

1. Director/es: Josep M. Folch

e-mail: JosepMaria.Folch@uab.es

Departamento, Centro o Institución: Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra

Título: ANÁLISIS GENÓMICO DEL METABOLISMO ENERGÉTICO EN PORCINO

Resumen: Se analizarán de forma integrada datos genómicos (variantes genéticas), transcriptómicos (expresión génica en hígado por RNA-Seq) y fenotípicos (inmunidad, eficiencia productiva y composición de ácidos grasos en sangre, hígado, adiposo y músculo) para la identificación de genes y polimorfismos genéticos implicados en la regulación del metabolismo energético en cerdos. Además, se utilizarán diferentes metodologías moleculares y OMICAS para la validación funcional de las variantes genéticas más relevantes.

2. Director/es: Juan Pablo Sanchez

e-mail: juanpablo.sanchez@irta.es

Departamento, Centro o Institución: IRTA, Torre Marimon, Caldes de Montbui, Barcelona, 08140

Título: Estimación de la respuesta a la selección por eficiencia alimentaria en conejos.

Resumen: El objetivo del proyecto es calcular la respuesta genética en un proceso de selección que implica tres poblaciones seleccionadas por tres criterios diferentes, todos ellos vinculados con la eficiencia alimentaria. La peculiaridad de estos procesos de selección es que se hacen utilizando animales criados en jaulas colectivas, lo que permite, implícitamente, considerar las interacciones sociales que entre ellos se establecen. A pesar de tratarse de animales criados de forma colectiva en dos de las poblaciones bajo estudio la selección se basa en registros individuales, se utilizan comederos electrónicos que permiten un registro individual de la ingesta. La estimación de la respuesta se abordará tanto en los caracteres que componen los criterios de selección: Crecimiento, consumo y posibles relaciones entre ellos; como en caracteres que se recogerán en matadero (pesos de las canales), caracteres de comportamiento alimentario recogidos con los comederos electrónicos, y caracteres de comportamiento general recogidos con un sistema de visión artificial que se está desarrollando. La estimación de la respuesta se sostendrá en la comparación para estos caracteres entre las líneas seleccionadas y una población control no seleccionada que se ha constituido a partir de embriones de la población base que en su momento se vitrificaron. El proyecto, de forma general, pretende por un lado generar material animal con una eficiencia alimentaria claramente superior a la de otras poblaciones no seleccionadas por este criterio, pudiendo este material ser de utilidad en futuros estudios de este carácter que es tan relevante y complejo; y por otro, ofrecer al sector cunícola nuevas líneas con una eficiencia alimentaria mejorada.

- 3. Director/es:** María Muñoz Muñoz y Cristina Oviló Martín
e-mail: mariamm@inia.csic.es; ovilo@inia.csic.es
Departamento, Centro o Institución: INIA-CSIC (Madrid) Departamento de Mejora Genética Animal
Título: Utilización de datos ómicos aplicados a la mejora genética y producción de cerdo Ibérico.

Resumen: La mejora de la producción cárnica, a nivel cuantitativo y cualitativo, es muy importante para la sociedad y fundamental para la competitividad de los sistemas ganaderos, siendo los caracteres de eficiencia y calidad alimentaria los de mayor relevancia actual. Las novedosas técnicas ómicas permiten abordajes potentes y complejos enfocados tanto a comprender la base genética y metabólica de los caracteres productivos, de calidad de carne y nuevos caracteres de resiliencia y bienestar animal, así como al desarrollo de biomarcadores y a la optimización de los programas de mejora enfocados en este caso a cerdo ibérico. Durante el trabajo de fin de máster el estudiante llevará a cabo estudios funcionales centrados principalmente en la caracterización del transcriptoma y en la evaluación del efecto de distintos factores, como el tejido, la edad, el estrés térmico, el genotipo o el fenotipo, entre otros, con el objetivo de mejorar la comprensión de procesos metabólicos determinantes del fenotipo y para la caracterización de aspectos metabólicos singulares del cerdo ibérico. Además, el estudiante podrá analizar otros niveles biológicos como el microbioma, metaboloma o epigenoma y así llevar a cabo un análisis en profundidad de los procesos biológicos del animal bajo distintas condiciones ambientales y su implicación en la variabilidad fenotípica. La idea última es integrar los resultados generados de las distintas ómicas (genómica, transcriptómica, epigenómica, metabolómica, metagenómica) y mejorar así el conocimiento acerca de las interacciones entre los diferentes sistemas y que ayuden a entender los mecanismos fisiológicos subyacentes a los caracteres de interés de esta raza porcina.

- 4. Director/es:** Maria Ballester Devis/Raquel Quintanilla Aguado
e-mail: maria.ballester@irta.es
Departamento, Centro o Institución: IRTA, Torre Marimon, Caldes de Montbui, Barcelona, 08140
Título: Identificación de variantes genéticas funcionales asociadas a la inmunocompetencia porcina

Resumen: El trabajo consistirá en analizar datos de transcriptómica de diferentes tejidos generados mediante RNA-seq en grupos de animales extremos para fenotipos de inmunidad. Así mismo, se utilizarán datos de eQTLs para identificar polimorfismos en las regiones reguladoras de los genes diferencialmente expresados. Las mutaciones más relevantes serán validadas funcionalmente mediante experimentos de luciferasa. El objetivo último consiste en la identificación de rutas biológicas, genes candidatos y variantes genéticas funcionales asociados a la variación fenotípica de los caracteres de inmunocompetencia.

5. Director/es: Yulixaxis Ramayo Caldas

e-mail: yulixaxis.ramayo@irta.cat

Departamento, Centro o Institución: IRTA, Torre Marimon, Caldes de Montbui, Barcelona, 08140

Título: Reconsiderando la diversidad del holobionte porcino

Resumen: Estudios recientes sugieren que la pérdida de diversidad genética del hospedador afecta negativamente la diversidad y composición del microbioma. Estos resultados sugieren la relevancia de considerar métodos estadísticos basados en la genómica de poblaciones para una mejor comprensión de los mecanismos que interviene en las interacciones hospedador-microbioma. Recientemente propusimos un marco metodológico para explorar asociaciones entre los patrones de diversidad genómica del hospedador y la riqueza de la microbiota intestinal. El objetivo de nuestra propuesta de trabajo final de máster será validar/extender esta metodología utilizando otros fenotipos microbianos y caracteres de interés productivo en porcino. El estudio se desarrollará en colaboración con el Centro de Investigación en Agrigenómica (CRAG, campus UAB) y el Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (IRTA, Torre Marimon).

6. Director/es: Marcel Amills

e-mail: marcel.amills@uab.cat

Departamento, Centro o Institución: Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra

Título: Análisis de los patrones de expresión del cerebro de dos especies domésticas desde una perspectiva evolutiva.

Resumen: El cerebro es, con mucho, el órgano más complejo de los mamíferos, mostrando una extraordinaria diferenciación regional que le permite llevar a cabo múltiples funciones relacionadas con la homeostasis corporal, la percepción, la locomoción, la comunicación, la memoria y el comportamiento. El análisis de los patrones de expresión del cerebro sería un paso fundamental para comprender la base genética de muchos caracteres de comportamiento poco estudiados (por ejemplo, comportamiento materno, agresión, estrés) con enormes implicaciones en la cría animal. Todavía no se ha realizado una descripción completa de los genes expresados en el cerebro de los mamíferos en ninguna especie doméstica, con la única excepción de los cerdos. Elucidar la biología del cerebro a una escala transcriptómica sería esencial para comprender las importantes transformaciones del comportamiento (disminución del tamaño del cerebro, mansedumbre, reducción del miedo y la agresión, etc.) asociadas con la domesticación de animales. En este proyecto, planeamos establecer un atlas de expresión génica del cerebro de cabra y compararlo con los datos ya disponibles en cerdos, humanos y ratones. Además, para cada región del cerebro bajo estudio, identificaremos conjuntos de genes de RNA mensajero y RNA no codificantes expresados, y se escaneará la variación proveniente de dichos genes para identificar huellas selectivas. De esta forma, generaremos mapas independientes de barridos selectivos para cada tejido cerebral en caprinos y cerdos domésticos y sus ancestros salvajes, determinando si alguna región cerebral está especialmente enriquecida en barridos selectivos y si diferentes contextos de domesticación (cerdos vs caprinos) comparten barridos selectivos comunes en el espacio tisular. Dado que solo usaremos, en cada escaneo de selección, conjuntos de SNP localizados en las secuencias de mRNA o lncRNA expresados en cada tejido, la corrección para múltiples pruebas será

mucho menos estricta que cuando se usa un conjunto de SNP de genoma completo y, en consecuencia, podremos detectar genes bajo selección con mayor sensibilidad y precisión.

7. Director/es: Marcel Amills

e-mail: marcel.amills@uab.cat

Departamento, Centro o Institución: Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra

Título: Identificación de variaciones en el número de copias en los genomas de 15 machos de la raza Murciano-Granadina mediante técnicas de secuenciación masiva.

Resumen: La variación cromosómica estructural del genoma caprino puede tener importantes consecuencias sobre fenotipos de interés económico. Un ejemplo convincente lo proporciona la delección de 11,7 kb en el cromosoma caprino 1q43 que desencadena la intersexualidad y la falta de cuernos en las cabras, al alterar la expresión de los genes FOXL2 y PISRT1. También se ha descrito que una gran delección en el gen CSN1S1 suprime la síntesis de dicha proteína láctea. Además, una agregación compleja de CNV en el gen de la proteína agutí determina los patrones de pigmentación de varias razas caprinas. El objetivo de este trabajo consistirá en caracterizar la variación del número de copias (duplicaciones y delecciones) que segregan en los genomas de 15 machos de la raza Murciano-Granadina. La detección de CNV basada en datos de secuenciación de próxima generación puede llevarse a cabo mediante diversas estrategias (p.e. read pair, split read y read depth), pero actualmente la opción preferida es utilizar software que combine varios de estos enfoques. Para detectar los CNV localizados en los genomas de los 15 machos, utilizaremos el protocolo bioinformático descrito por Nandolo y colaboradores. Los CNV que contengan genes potencialmente relacionados con el rendimiento y la composición de la leche se caracterizarán con mayor profundidad y se genotiparán en una población de 1000 cabras con registros fenotípicos para determinar la existencia de asociaciones con caracteres productivos.

8. Director/es: Óscar González Recio

e-mail: gonzalez.oscar@inia.csic.es.

Departamento, Centro o Institución: INIA-CSIC (Madrid) Departamento de Mejora Genética Animal

Título: SELECCIÓN GENÓMICA Y METAGENOMICA EN VACUNO DE LECHE: APLICACIONES PARA LA EFICIENCIA ALIMENTARIA Y REDUCCIÓN DE LAS EMISIONES DE GASES DE EFECTO INVERNADERO

Resumen: Los costes de alimentación en el vacuno lechero suponen entre el 50 y el 60% de los costes totales. La fermentación entérica produce el 25% de todo el metano producido por el sector agrícola. El metano es un gas con un poder de calentamiento global 21 veces superior al dióxido de carbono.

El objetivo de este trabajo es aplicar técnicas genómicas y/o metagenómicas para evaluar la aplicación de la selección genómica para la mejora de estos caracteres en la población del vacuno de leche. Se dispone de medias semanales de emisiones de metano para más de 1500 vacas, 700 de ellas con registros de infrarrojos del espectro medio en leche, 450 vacas disponen de información del metagenoma ruminal. Además, se cuenta con otras 600 vacas con registro de ingesta diaria de alimento. Todas las vacas disponen de genotipo imputado

a alta densidad y posibilidad de imputación a secuencia completa gracias a la población de referencia de los 1000 genomas bovinos.

La candidata o candidato se integrará en un equipo activo donde podrá adquirir conocimientos en genética cuantitativa, genómica, metagenómica, y análisis estadísticos de grandes bases de datos. Se adquirirán conocimientos en técnicas de biocomputación, usando Unix, R y programas para realizar evaluaciones incorporando información molecular. Se incorporará a un equipo con experiencia en el campo, con vinculación al sector, y tendrá la oportunidad de colaborar en proyectos y consorcios internacionales. Además, tendrá acceso a equipos y recursos de supercomputación para llevar a cabo el trabajo fin de master. Tendrás la oportunidad de trabajar con datos de alta calidad, y de aprender de expertos en el campo.

Si estás interesado en unirse a nuestro equipo y tienes interés por la sostenibilidad del vacuno lechero ¡no dudes en aplicar para nuestro trabajo de fin de master!

9. Director/es: Óscar González Recio

e-mail: gonzalez.oscar@inia.csic.es).

Departamento, Centro o Institución: INIA-CSIC (Madrid) Departamento de Mejora Genética Animal

Título: EPIGENÉTICA ASOCIADA A LA GESTACION Y/O AL ESTRÉS POR CALOR EN VACUNO DE LECHE.

Resumen: La epigenética es una información –ómica relativamente reciente, pero que puede explicar una proporción importante de la variabilidad de los caracteres de interés económico. Las marcas epigenéticas se establecen durante el desarrollo embrionario, y en general permanecen durante toda la vida del animal, aunque algunas pueden ser modificadas por factores ambientales, y periodos de estrés. En el proyecto H2020-RUMIGEN estudiamos como afecta la gestación al epigenoma en la vida temprana de los animales, y como pueden afectar estas marcas epigenéticas al desarrollo y bienestar de las terneras. Además, evaluamos las huellas del estrés por calor en el epigenoma, y en la adaptación y tolerancia a los periodos de calor extremo, para mejorar la adaptación de la ganadería en un contexto de calentamiento global.

Las tareas principales de este trabajo de fin de master incluirán:

-Realizar una revisión exhaustiva de la literatura científica relacionada con la epigenética en vacuno lechero.

-Analizar los datos epigenéticos generados en nuestro laboratorio para identificar patrones y/o relaciones con la gestación y el estrés por calor

-Realizar pruebas de validación para comprobar los hallazgos y confirmar su relevancia biológica.

La/el candidata/o ideal, debe estar interesada/o en la genética cuantitativa y la epigenética, interés en el análisis de datos genómicos y en la programación en lenguajes como R. Una actitud proactiva y una pasión por la investigación. Se integrará en un entorno de trabajo amigable y colaborativo, y la oportunidad de trabajar en un proyecto emocionante y relevante en el campo de la producción de leche. Además, tendrás acceso a equipos y recursos de última generación para llevar a cabo el trabajo fin de master. Tendrás la oportunidad de trabajar con datos de alta calidad y de última generación, y de aprender de expertos en el campo.

Si estás interesado en unirse a nuestro equipo y te interesa avanzar en un campo con gran proyección como la epigenética ¡este es tu trabajo de fin de master!

10. Director/es: Romi Pena / Roger Ros

e-mail: romi.pena@udl.cat

Departamento, Centro o Institución: Departamento de Ciencia Animal, Universidad de Lleida

Título: Búsqueda de marcadores genéticos para resiliencia a enfermedades infecciosas en porcino

Resumen: Durante su vida productiva, los cerdos están expuestos a múltiples patógenos virales o bacterianos, algunos de los cuales no pueden controlarse con las medidas actuales de control de enfermedades. Estos patógenos pueden aumentar los costos de producción debido a la caída de la productividad y los costos veterinarios. La selección de marcadores genéticos para resiliencia a enfermedades, entendida como la capacidad de un animal para mantener el rendimiento cuando se expone a una enfermedad, puede ser una estrategia eficaz para reducir el impacto de las infecciones en los sistemas de producción.

Nuestro objetivo es descubrir nuevos marcadores de ADN para la resistencia a las infecciones virales y bacterianas utilizando muestras de cerdos de granjas que sufren infecciones naturales con patógenos respiratorios. El experimento implicará el análisis de datos de secuencia del genoma completo, la realización de GWAS y la clasificación de las variantes según los efectos funcionales predichos. Algunas variantes serán validadas en el laboratorio. En definitiva, los resultados deberían utilizarse para proponer un panel de marcadores que podrían utilizarse en programas de selección.

11. Director/es: Luis Varona Aguado

e-mail: lvarona@unizar.es

Departamento, Centro o Institución: Universidad de Zaragoza, Facultad de Veterinaria

Título: Correlación genética entre las variables morfológicas y los caracteres de interés económico en la población Rubia Gallega.

Resumen: El programa de mejora genética de la población de vacuno de carne Rubia Gallega se registran numerosos caracteres procedentes de la valoración morfológica (Anchura de la Espalda, Anchura de la Cruz, Anchura del Dorso, Espesor de Lomo, Profundidad del Muslo, Anchura de la Nalga, Redondez de la Nalga, Alzada, Profundidad del Torax, Longitud, Anchura de la Grupa, Grosor de la Caña, Perímetro del Torax, Rectitud del Dorso, Inclinación de la Pelvis, Aplomos Delanteros, Aplomos Traseros, Morfología Testicular, Morfología de la Ubre, Condición Corporal, Mansedumbre, Color de los Cuernos). El objetivo de este trabajo es estimar las heredabilidades de estos caracteres y las correlaciones genéticas con los caracteres de interés económico directo (facilidad de parto, edad al primer parto, intervalo entre partos, longevidad, peso al nacimiento, peso al destete, peso de la canal, conformación y engrasamiento), con el objetivo de valorar su potencial introducción en los índices compuestos de selección de la población. Se utilizará la información genealógica (500,000 aprox), genómica (6000 individuos aprox) y fenotípica (15000 individuos en morfología y más de 100,000 en los caracteres de interés económico) de la raza bovina Rubia Gallega.

12. Director/es: Luis Varona Aguado**e-mail:** lvarona@unizar.es**Departamento, Centro o Institución:** Universidad de Zaragoza, Facultad de Veterinaria**Título:** Efectos maternos en vacuno de carne.

Resumen: El efecto genético materno para el peso al destete forma parte de los índices compuestos de selección para la elección de futuros reproductores en la gran mayoría de las poblaciones de vacuno de carne. Sin embargo, es habitual obtener correlaciones negativas de gran magnitud con efecto directo atribuibles al propio individuo. En un trabajo anterior, se demostró que un efecto de impronta paterna o un tratamiento preferencial relacionado con el mérito genético de los padres puede generar este efecto. En este trabajo, se pretende desarrollar modelos alternativos que incluyan la interacción macho-explotación y los efectos gaméticos maternos y paternos. Se utilizará la información genealógica (500000 individuos aprox), genómica (6000 individuos aprox) y fenotípica (100,000 datos aprox) disponible de la raza bovina Rubia Gallega.

13. Director/es: B. Samuel Sosa Madrid and Andreas Kranis**e-mail:** y1bsosa@exseed.ed.ac.uk**Departamento, Centro o Institución:** Roslin Institute (Edinburgh, Scotland) / Universitat Politècnica de València.**Título:** Búsqueda de marcadores genéticos para resiliencia a enfermedades infecciosas en porcino

Resumen: Mutations are genetic variation sources involved in the maintenance of genetic variability. They are considered the ultimate source of polygenetic variation as spontaneous mutations continually contribute new alleles, enabling continuous response to long-term artificial selection. There are some available methodologies, pedigree- (Casellas and Medrano, 2008; Wray, 1990) and genomic-based matrices (Casellas et al., 2013), proposed to estimate the contribution of mutation effects to genetic variance, even estimations over time (Sorensen et al., 2001). All of them are focused on determining the loss of genetic variance (founder-related genetic variance) over time and considering the rest of genetic effect build-up as mutation effects. Under this scenario, it is not evident when mutations properly become part of additive genetic effects. Our focus is to model specific mutation variances over time (temporal changes), and evaluate whether they can be estimated, which would be utterly important to delve into realized selections in broiler breeding programs. We could model it under different scenarios: single- or multiple-trait selections, discrete or overlapping mating, magnitude of mutation rate; ratio of beneficial and unfavourable mutations and so on; all of them based on the typical poultry breeding program. We here propose to explore the evaluation of mutation effects, defining when they become part of genetic variance, e.g. in two or more generations of offspring, because our focus is on the last year of selection. The last target of the research is to make a module or package of building different mutational matrices according to distinct assumptions on some programming language (Python, Julia or R). The matrices are derived from previous algorithms and methods (Quaas, 1976), (Wray, 1990), (Casellas and Medrano, 2008). Although the analysis will be performed using simulation data and pedigree, we have available data from commercial broiler populations to evaluate estimations in a real selected

population. Genomic information and genomic selection scenario could be tackle depending on the development of the research.

14. Director/es: Marina Marrinez Alvaro

e-mail: mamaral@dca.upv.es

Departamento, Centro o Institución: Universitat Politècnica de València

Título: Predicción de metano en vacuno de carne usando datos microbioma y machine learning

Resumen: Se prevé que la población humana aumente a más de 9 mil millones para 2050, y el consumo mundial de carne en un 73 %, lo que provocará un aumento de las emisiones de gases de efecto invernadero de la agricultura de rumiantes. Las emisiones de metano (CH₄) de los rumiantes representan una parte significativa de las emisiones agrícolas mundiales y representan una pérdida de energía sustancial para el animal, que oscila entre el 2 % y el 12 % de la ingesta bruta de energía. Por lo tanto, se reconoce que la reducción de las emisiones de CH₄ puede ayudar a mitigar el cambio climático y optimizar la eficiencia económica de la ganadería. El CH₄ emitido por los rumiantes se produce principalmente como subproducto de la fermentación microbiana del alimento en el rumen. Una comunidad diversa de bacterias, ciliados y hongos anaerobios convierte los carbohidratos, proteínas y lípidos en ácidos grasos volátiles, lactato, proteínas microbianas y vitaminas, liberando CO₂, H₂ y otros compuestos. Las arqueas metanogénicas en el rumen usan electrones de H₂, formato o compuestos de metilo para reducir el dióxido de carbono a CH₄ y generar energía para el crecimiento. La implementación de estrategias para reducir las emisiones de metano depende de la recopilación de datos de emisiones de metano de alta calidad a gran escala. Las cámaras de respiración son el estándar de referencia para medir las emisiones de CH₄ de los rumiantes, pero tienen un bajo rendimiento y un alto coste. Durante la última década, el coste de la secuenciación genética ha disminuido y su eficiencia ha aumentado, lo que ha dado lugar a que se preste más atención al microbioma del rumen como posible medida indirecta (Auffret et al., 2018; Martínez-Álvaro et al., 2020; Shi et al., 2014; Wallace et al., 2015). La mayoría de las investigaciones anteriores se han centrado en el uso de géneros microbianos y abundancias de genes para predecir las emisiones de CH₄ utilizando métodos estadísticos multivariantes que capturan relaciones lineales entre las emisiones de CH₄ y las abundancias microbianas. Por ejemplo, en 2020, Martínez-Álvaro et al. reportaron predicción fenotípica de hasta 57.3% usando regresiones por proyección sobre estructuras latentes. Sin embargo, los nuevos algoritmos basados en técnicas de aprendizaje automático (redes neuronales, árboles de regresión, AdaBoost) ofrecen la posibilidad de capturar relaciones no lineales y pueden conducir a mejores predicciones. La principal hipótesis de esta investigación es que la integración de datos metagenómicos utilizando métodos estadísticos novedosos basados en aprendizaje automático mejorará la predicción de las emisiones de CH₄ en el ganado de vacuno de carne, en comparación con los métodos utilizados anteriormente (regresión basada en proyección a estructuras latentes). Otro objetivo es determinar si las emisiones de metano expresadas en gramos por día (producción de CH₄), gramos por kg de ingesta diaria de materia seca (rendimiento de CH₄) y las emisiones de metano residual (observadas menos esperadas) son más consistentes con el metabolismo microbiano. Este proyecto es una colaboración entre el Instituto de Ciencia y Tecnología Animal de la Universitat Politècnica de Valencia y el Scotland's Rural College (SRUC, Edimburgo), dirigido por el Prof. Rainer Roehe y la Dra. Marina Martínez Alvaro, con el estudiante trabajando en Valencia. Los métodos de aprendizaje automático se testarán en un conjunto de datos de SRUC ya disponible, que consiste en 359 novillos de 4 razas diferentes. Los animales tienen fenotipos de emisión de

CH4 medidos en cámaras de respiración, información genómica e información de secuenciación del metagenoma completo sobre su contenido ruminal.

15. Director/es: Luis Varona Aguado y Noelia Ibáñez-Escriche

e-mail: lvarona@unizar.es/noeibes@dca.upv.es

Departamento, Centro o Institución: Universidad de Zaragoza, Facultad de Veterinaria/ Universitat Politècnica de Valencia /H&N cuxhaven

Título: Optimización del genotipado en poblaciones comerciales de gallinas de puesta.

Resumen: El uso de datos comerciales para la evaluación de los animales de los núcleos de selección tiene un gran interés para las empresas de mejora, especialmente aquellas con esquemas piramidales como en gallina de puesta. El objetivo de este trabajo es estudiar como optimizar las estrategias de genotipado en animales comerciales para poder utilizarlos en las evaluaciones genómicas. Para ello, se desarrollarán simulaciones y modelos de evaluación que se testarán con datos reales de la empresa internacional H&N.

16. Director/es: Cristina Casto Rebollo y Noelia Ibáñez-Escriche

e-mail: cricasre@posgrado.upv.es/noeibes@dca.upv.es

Departamento, Centro o Institución: Universitat Politècnica de Valencia

Título: Métodos y herramientas de análisis para el microbioma

Resumen: En los últimos años, el estudio del microbioma ha despertado un gran interés por los mejoradores genéticos. El microbioma tiene gran importancia en la regulación de los caracteres de producción animal y, además, existe una interacción genoma hospedador y genoma de su microbioma. No obstante, los datos del microbioma tienen problemas de normalización y todavía no se sabe que método es el más adecuado para su análisis. El objetivo de este trabajo es estudiar el impacto de las distintas normalizaciones de los datos de microbioma en los resultados, así como determinar que métodos de análisis (parámétricos, aprendizaje automático, etc..) son más robustos y/o adecuados. Para ello se utilizará una herramienta de simulación desarrollada por la Dr. Casto, así como datos reales de experimentos de porcino.

Materia: Biotecnología de la Reproducción

17. Director/es: Carmen Matas Parra

e-mail: cmatas@um.es

Departamento, Centro o Institución: Dept. Fisiología. Facultad de Veterinaria. Universidad de Murcia. Murcia 30.100

Título: Uso potencial de las vesículas extracelulares (VEs) del plasma seminal (PS) en técnicas de reproducción asistida

Resumen: Parece ser que la mayoría (si no todos) de los tipos celulares tienen la capacidad de secretar diversos tipos de vesículas de membrana conocidas como vesículas extracelulares (VEs) (Raposo y Stoorvogel, 2013). En los estudios realizados, se han detectado VEs en la mayoría de fluidos biológicos incluyendo, entre otros, fluido folicular y semen (Simons y Raposo, 2009). Se han realizado estudios en los que se demuestra que la adición de VEs al diluyente de las dosis seminales durante la conservación a 17°C mejora motilidad espermática, incrementa el tiempo de supervivencia, la integridad de la membrana se mantiene en el tiempo, se produce menor daño oxidativo y se inhibe la capacitación prematura (Du et al., 2016). En definitiva, son indispensables para mantener la calidad seminal. Por otro lado, a pesar del efecto beneficioso de las VEs del PS, aún no se ha dilucidado su composición y los mecanismos moleculares específicos por los cuales ayudan a las células espermáticas in vivo en su camino hacia el ovocito. El objetivo a desarrollar será analizar la relación entre la calidad seminal, las VEs y la conservación de las dosis.

18. Director/es: Maria Teresa Mogas Amorós

e-mail: teresa.mogas@uab.cat

Departamento, Centro o Institución: Departament de Medicina i Cirurgia Animals, Facultat de Veterinària, Campus UAB, Travessera dels Turons s/n, 08193 Cerdanyola del Vallès

Título: Señalización molecular mediada a través de vesículas extracelulares producidas por células de la granulosa estresadas por calor: estudio de su implicación para la competencia del desarrollo de ovocitos bovinos después de la vitrificación/calentamiento.

Resumen: En las últimas décadas, la crioconservación junto con el desarrollo de tecnologías de reproducción asistida ha tenido un impacto significativo en la mejora genética, la distribución mundial de germoplasma y la conservación de especies en peligro de extinción. Actualmente, la vitrificación se ha convertido en la opción alternativa a las estrategias tradicionales de crioconservación de enfriamiento lento/descongelación rápida. Aunque varios enfoques durante la última década han contribuido a alguna mejora en la supervivencia y el desarrollo embrionario, la mayoría de ellos han resultado en pequeños avances en la especie bovina, especialmente cuando se trata de la crioconservación de ovocitos. A diferencia de los espermatozoides y los embriones, el ovocito tiene varias características únicas (p. ej., gran tamaño y cantidad de lípidos intracelulares) que contribuyen a su extrema susceptibilidad al daño durante la crioconservación.

Las interacciones directas o indirectas de los gametos de mamíferos con las células somáticas circundantes, incluidas las células de la teca y la granulosa, son vitales para que la foliculogénesis se realice correctamente. Recientes estudios describen que la comunicación bidireccional entre los ovocitos y las células circundantes durante el desarrollo folicular puede estar mediada por vesículas extracelulares (EVs). Las EVs se encuentran en varios tejidos corporales y se clasifican según su tamaño como exosomas (típicamente 40 a 100 nm), microvesículas (típicamente 100 a 500 nm) y oncosomas y cuerpos apoptóticos (típicamente 500 a 2000 nm). Las EVs son estructuras delimitadas por una bicapa lipídica y cargadas con moléculas bioactivas que incluyen ácidos nucleicos (ADN, ARNm, miARN), proteínas, lípidos y otras moléculas, que pueden transferirse entre células y desempeñar un papel vital en la comunicación de célula a célula, resultando en cambios fisiológicos en las células receptoras. Dada su capacidad para transportar la carga funcional que se origina en las células de origen a las células de destino, las EVs pueden ser utilizadas

como una herramienta de transferencia molecular. La calidad y cantidad de las EVs varía según el estado fisiológico de las células y desde dónde se liberan. Además, su producción puede desencadenarse en gran medida por varios factores de estrés, incluidas las infecciones virales, el estrés por calor y el estrés oxidativo. El estrés oxidativo y por calor son dos de los factores estresantes clave que afectan el crecimiento y las funciones de los ovocitos y las células somáticas circundantes. Las células de la granulosa expuestas al calor o al estrés oxidativo liberan exosomas enriquecidos con moléculas clave involucradas en la respuesta al calor y al estrés oxidativo. Sin embargo, si esas respuestas adaptativas son específicas del tipo de estrés o también pueden inducir protección para los factores estresantes de la crioconservación de ovocitos es una pregunta abierta que pretendemos abordar en esta propuesta. Por tanto, el objetivo de este TFM será analizar la composición de los EV liberados de las células de la granulosa bovina en respuesta al estrés por calor y evaluar su capacidad para proteger los ovocitos bovinos IVM de lesiones durante la crioconservación y así mejorar el desarrollo embrionario después del calentamiento.

19. Director/es: Julián Santiago Moreno

e-mail: moreno@inia.csic.es

Departamento, Centro o Institución: INIA-CSIC (Madrid) **Departamento de Reproducción Animal**

TÍTULO: Desarrollo de nuevos diluyentes para la criopreservación de espermatozoides de aves

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas):

Por regla general, las razas autóctonas de gallinas, la mayor parte consideradas en peligro de extinción, muestran unos índices de fertilidad más bajos que las líneas comerciales cuando se emplean técnicas de reproducción asistida. Esto ha determinado la necesidad de desarrollar nuevos diluyentes seminales adaptados a las características seminales de estas razas. La variable tasa de fertilidad que se obtiene con semen congelado, determina la necesidad de investigar nuevas soluciones para optimizar esta tecnología y que se constituya como instrumento fundamental de mejora genética y conservación en el sector avícola.

20. Director/es: Manuel Álvarez Rodríguez

e-mail: manuel.alvarez@inia.csic.es

Departamento, Centro o Institución. INIA-CSIC (Madrid) **Departamento de Reproducción Animal**

TÍTULO: Estudio de los mecanismos de señalización involucrados en la capacitación *in vitro* de espermatozoides de porcino.

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas) El espermatozoide sufre una serie de cambios desde la maduración espermática hasta la adquisición de la capacidad fecundante. Pese a ser un fenómeno ampliamente estudiado, aún existen grandes incógnitas en cuanto a la capacidad que tenemos de mimetizar los cambios *in vitro* frente a lo que ocurre *in vivo*. Nuestro laboratorio intenta analizar los mecanismos implicados en el proceso, con un doble propósito: 1. Aumento del conocimiento en biología básica y 2. Incremento de la eficiencia reproductiva en granja para esta especie.

21. Director/es: Pablo Bermejo Álvarez

e-mail: bermejo.pablo@inia.csic.es

Departamento, Centro o Institución. INIA-CSIC (Madrid) Departamento de Reproducción Animal

TÍTULO: Empleo de la tecnología CRISPR para estudiar pérdidas embrionarias en bovino

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas) El proyecto consistirá en evaluar el efecto sobre el desarrollo embrionario de la eliminación de un gen potencialmente implicado en la diferenciación celular o la gastrulación. Para ello se emplearán técnicas de producción *in vitro* de embriones, edición génica (CRISPR), análisis del desarrollo (inmunohistoquímica, análisis de imagen y transcriptómica) y genotipado embrionario por secuenciación masiva.

22. Director/es: Priscila Ramos Ibeas

e-mail: ramos.priscila@inia.csic.es

Departamento, Centro o Institución. INIA-CSIC (Madrid) Departamento de Reproducción Animal

TÍTULO: Mecanismos moleculares que regulan el desarrollo embrionario ovino

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas) Las pérdidas embrionarias durante el desarrollo temprano tienen un importante impacto económico y en nuestro grupo estudiamos los procesos de diferenciación de los primeros linajes celulares y la gastrulación que tienen lugar en esta etapa. El proyecto consistirá en el análisis de pérdida de función génica empleando la tecnología CRISPR, sistemas de cultivo embrionario post-blastocisto desarrollados por el laboratorio y técnicas de inmunofluorescencia y genotipado.

23. Director/es: Francisco Marco Jiménez

e-mail: fmarco@dca.upv.es

Departamento, Centro o Institución. UPV (Valencia) Departamento de Ciencia Animal

TÍTULO: Desarrollo de un diluyente para inseminación artificial libre de antibióticos en cunicultura

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas) Esta propuesta pretende avanzar hacia una producción sostenible y, al mismo tiempo, alcanzar los objetivos de H2020 en materia de resistencia a los antimicrobianos. Los antibióticos se añaden habitualmente a los diluyentes de semen empleados en inseminación artificial para evitar el crecimiento bacteriano durante el periodo de conservación. El reto particular en la cría de conejos resulta de la temperatura relativamente alta de almacenamiento del semen (15°C) que favorece el crecimiento bacteriano. El proyecto consistirá en desarrollar un novedoso diluyente comercial libre de antibióticos. En la propuesta se emplearán técnicas comunes de valoración seminal combinadas con el estudio del microbioma seminal.

24. Director/es: Viudes-de-Castro

e-mail: viudes_mar@gva.es

Departamento, Centro o Institución. CITA (Segorbe)

TÍTULO: Desarrollo de una cánula de inseminación artificial para estimular mecánicamente la ovulación en coneja

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas) Las conejas son animales de ovulación refleja, por lo que el coito es necesario para liberar GnRH y provocar el aumento de LH que desencadena la ovulación. Cuando se aplica la inseminación artificial (IA), en ausencia de macho, la ovulación debe inducirse mediante análogos hormonales exógenos. Un enfoque estratégico para la innovación de la IA en conejas sería la estimulación mecánica del coito sin necesidad de GnRH o sus análogos hormonales. Esto permitiría un importante ahorro económico y contribuiría al bienestar animal y a evitar la exposición continua tanto de animales como de ganaderos a hormonas, aumentando la bioseguridad durante la IA y la sostenibilidad medioambiental de este sector. Además, esto podría ayudar, en parte, a cambiar la actitud y el comportamiento de los movimientos por los derechos y el bienestar de los animales y de los consumidores. El proyecto consistirá en investigar el mecanismo físico responsable de la inducción de la ovulación durante la cópula, y así diseñar, desarrollar y fabricar una cánula de IA capaz de estimular la ovulación sin hormonas.

25. Director/es: Jesús Manuel Dorado Martín e Isabel Ortiz Jaraba

e-mail: jdorado@uco.es / iortiz@uco.es

Departamento, Centro o Institución. Dpto. de Medicina y Cirugía Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba

TÍTULO: Técnicas de reproducción asistida en la especie equina

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas)

Nuestra propuesta se centraría en el estudio de nuevas técnicas o protocolos de criopreservación de espermatozoides, ovocitos y embriones equinos (caballos y asnos), así como la aplicación de la nanotecnología en la reproducción equina o el desarrollo de las técnicas de capacitación espermática. A estas líneas, podría sumar también estudios sobre el perfeccionamiento de las técnicas de inyección intracitoplasmática de espermatozoides (ICSI) y maduración *in vitro*.

26. Director/es: María de la Luz García Pardo

e-mail: Mariluz.garcia@umh.es

Departamento, Centro o Institución: Departamento de Tecnología Agroalimentaria de la Universidad Miguel Hernández de Elche

TÍTULO: Estrés y calidad seminal en dos líneas de conejo seleccionadas por variabilidad ambiental del tamaño de camada.

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas)

El objetivo de esta tesis de máster es estudiar la respuesta correlacionada sobre el estrés y la calidad seminal de machos seleccionados durante 17 generaciones por variabilidad ambiental del tamaño de camada. Para ello se tomarán muestras de heces, sangre y semen en 20 machos de cada una de las líneas en dos condiciones térmicas (confort/estrés térmico). Para conocer el nivel de estrés se medirá el nivel de cortisol en heces y plasma sanguíneo y la calidad seminal se medirá con la concentración y la calidad de movimiento mediante metodología CASA y de morfometría de la cabeza del espermatozoide.

26. Director/es: Isabel Barranco y Jordi Roca Aleu

e-mail: Isabel.barranco@um.es

Departamento, Centro o Institución: Medicina y Cirugía Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia.

TÍTULO: Vesículas extracelulares seminales de porcino y su rol en la función espermática

Breve resumen de la propuesta (en torno a 5 líneas)

El plasma seminal contiene una importante y heterogénea población de vesículas extracelulares de tamaño nanométrico que son secretadas por las células funcionales del aparato reproductor masculino. Dichas vesículas interactúan con los espermatozoides transfiriéndoles su contenido rico principalmente en proteínas y RNAs y con ello modulando su capacidad funcional. El trabajo final de máster iría orientado a profundizar en el conocimiento de esta interacción.