C:\Users\EQUIPO\Desktop\cabeceira.tif

**Oferta Trabajo Fin de Master (TFM):**

Tutor/es: María Saura Álvarez

e-mail tutor/es: msaura@iim.csic.es

Centro/Institución/Empresa: Instituto de Investigaciones Marinas

Título: Evaluación del estado genético de una población comercial de rodaballo utilizando herramientas genómicas

Breve resumen del trabajo (< 100 palabras):

La acuicultura desempeña un papel crucial en la seguridad alimentaria y la sostenibilidad ambiental, ya que aborda la creciente demanda de proteínas de origen acuático sin agotar las poblaciones de peces salvajes. Esta práctica permite una gestión más precisa de los recursos acuáticos, minimizando el impacto negativo en los ecosistemas marinos y lacustres, así como contribuyendo a conservar los océanos y a combatir el hambre global. El concepto de censo efectivo (Ne) es un parámetro fundamental en genética de poblaciones y desempeña un papel crítico en la gestión de las poblaciones, ya que refleja la verdadera magnitud de una población, considerando factores como la variabilidad genética y la dinámica demográfica. Es crucial para evaluar el riesgo de extinción, diseñar estrategias de conservación y comprender la evolución de las poblaciones naturales y en cautividad. El proyecto se basa en analizar la diversidad genética de una población comercial de rodaballo mediante la estimación del Ne a partir del desequilibrio de ligamiento (DL), utilizando datos genómicos (secuenciación y genotipado masivo) para 750 individuos pertenecientes a 11 familias. Este método ofrece la ventaja de estimar el censo efectivo actual y detectar eventos demográficos pasados. La comparación de escenarios basados en diferentes número de SNPs proporcionarán información fundamental para la correcta aplicaicón del método que permita una gestión más efectiva de los recursos genéticos en la piscifactoría, asegurando la sostenibilidad a largo plazo del programa de cría.

Actividades a desarrollar:

* Procesamiento de datos de secuenciación de genomas completos
* Procesamiento de datos de genotipado masivo
* Análisis de los patrones de desequilibrio de ligamiento
* Estimación del censo efectivo poblacional a partir de medidas de desequilibrio de ligamiento
* Escritura de publicación científica