

COLOCAR EL TITULO DEL TFM
AQUÍ

Esta tesis se escribio usando los paquetes de R (R) Markdown, \LaTeX , `bookdown` y `amsterdown`.



Una versión en línea de esta tesis esta disponible en https://github.com/Leo4Luffy/TFM_UAB, bajo la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International License.



*Máster interuniversitario en mejora genética y
biotecnología de la reproducción*

Colocar el título del TFM aquí

Tesis académica para obtener
el grado de Máster en Mejora Genética y
Biotecnología de la Reproducción bajo la
dirección del prof. dr. Miguel Pérez Enciso
ante una comisión constituida por la Junta del Máster,
para ser defendido en publico el
Colocar aquí la fecha de la defensa, a las colocar la hora aquí

Jorge Leonardo López Martínez



Dirección:

Director: prof. dr. M. Pérez-Enciso Centre for Research in Agricultural Genomics

Índice general

1. Revisión de literatura	1
1.1.	1
2. Titulo	2
2.1. Introducción	3
2.2. Metodos	4
2.3. Resultados	4
2.4. Discusión	4
3. Titulo	5
3.1. Introducción	6
3.2. Metodos	6
3.3. Resultados	6
3.4. Discusión	6
4. Resumen y discusión	7
A. Anexo del capitulo 2	8
B. Anexo del capitulo 3	9
Bibliografía	11
Agradecimientos	12
Varios	13

Capítulo 1

Revisión de literatura

1.1.

Capítulo 2

Titulo

Resumen

Insert abstract.

Possibly insert citation here.

2.1. Introducción

La teoría de la genética en el estudio de caracteres cuantitativos se estableció hace más de un siglo cuando Ronald Fisher presentó un documento (Fisher 1918) donde dio a conocer el desarrollo de la teoría del modelo infinitesimal, permitiendo con ello unificar dos de las escuelas de pensamiento que para ese entonces estaban en constante debate: la escuela de pensamiento Mendeliano, cuyo objetivo consistía en localizar y caracterizar factores de herencia, y la escuela de pensamiento biométrico, cuyo origen se remonta a Galton quien buscaba aplicar modelos biométricos con el fin de estudiar las relaciones entre parientes (Nelson, Pettersson, y Carlborg 2012; Blasco y Toro 2014).

La teoría del modelo infinitesimal desarrollado por Fisher establece que la varianza genética de un carácter está determinado por un gran número de factores Mendelianos, cada uno de los cuales tiene una pequeña contribución aditiva al fenotipo de dicho carácter (Nelson, Pettersson, y Carlborg 2012). Naturalmente, los modelos usados en estudios de mejoramiento genético han sido concebidos en base a esta teoría (Villemereuil et al. 2016; Pérez-Enciso 2017), siendo ejemplo de ello el mejor predictor lineal insesgado (BLUP, sus siglas en inglés) y el mejor predictor lineal insesgado genómico (GBLUP, sus siglas en inglés).

En las ciencias animales, el valor de cría estimado (EBV, sus siglas en inglés) se predice en función de un conjunto de modelos que relacionan el fenotipo de una población con la información de su pedigrí, mediante el uso del BLUP. No obstante, este método no es factible para poblaciones sin información de pedigrí o con una estructura poblacional compleja, como suele ser el caso de las plantas (Nakaya y Isobe 2012; Tong y Nikoloski 2021). Para el año 2001, Meuwissen et al. propusieron un método innovador para predecir los valores de cría basado en marcadores de ADN en todo el genoma (GEBV, sus siglas en inglés), denominándose tiempo después como de selección genómica (Nakaya y Isobe 2012), el cual permitió superar el problema del uso de valores de cría en plantas.

Es así como

2.2. Metodos

2.3. Resultados

2.4. Discusión

Capítulo 3

Titulo

Resumen

Insert abstract.

Possibly insert citation here.

3.1. Introducción

3.2. Metodos

3.3. Resultados

3.4. Discusión

Capítulo 4

Resumen y discusión

Here's where you would write a summary of your thesis¹, along with a general discussion.

¹You can also put the summary at the end (with the Dutch summary) or even at the beginning.

Apéndice A

Anexo del capítulo 2

What's left to say? How about a nice image then?



UNIVERSITY OF AMSTERDAM

Apéndice B

Anexo del capítulo 3

And now for some tables:

Cuadro B.1: Time series of the body temperature of a beaver.

day	time	temp	activ
307	930	36.58	0
307	940	36.73	0
307	950	36.93	0
307	1000	37.15	0
307	1010	37.23	0
307	1020	37.24	0
307	1030	37.24	0
307	1040	36.90	0
307	1050	36.95	0
307	1100	36.89	0
307	1110	36.95	0
307	1120	37.00	0
307	1130	36.90	0
307	1140	36.99	0
307	1150	36.99	0
307	1200	37.01	0

The average body temperature of the 2nd beaver (Table B.2) is 36.7 ($SD = 0.22$).

Cuadro B.2: This is another beaver. Seems to be running slightly colder

day	time	temp	activ
346	840	36.33	0
346	850	36.34	0
346	900	36.35	0
346	910	36.42	0
346	920	36.55	0
346	930	36.69	0
346	940	36.71	0
346	950	36.75	0
346	1000	36.81	0
346	1010	36.88	0
346	1020	36.89	0
346	1030	36.91	0
346	1040	36.85	0
346	1050	36.89	0
346	1100	36.89	0
346	1110	36.67	0

Bibliografía

- Blasco, A., y M. A. Toro. 2014. «A short critical history of the application of genomics to animal breeding». *Livestock Science* 166: 4-9.
- Fisher, R. A. 1918. «The correlation between relatives under the supposition of Mendelian inheritance». *Transactions of the royal society of Edinburgh* 52: 399-433.
- Nakaya, A., y S. N. Isobe. 2012. «Will genomic selection be a practical method for plant breeding?» *Annals of Botany* 110: 1303-16.
- Nelson, R. M., M. E. Pettersson, y Ö. Carlborg. 2012. «A century after Fisher: time for a new paradigm in quantitative genetics». *Trends in genetics* 29 (9): 669-76.
- Pérez-Enciso, M. 2017. «Animal breeding learning from machine learning». *Journal of Animal Breeding and Genetics* 134: 85-86.
- Tong, H., y Z. Nikoloski. 2021. «Machine learning approaches for crop improvement: leveraging phenotypic and genotypic big data». *Journal of Plant Physiology* 257: 153354. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2020.153354>.
- Villemereuil, P. de, H. Schielzeth, S. Nakagawa, y M. Morrissey. 2016. «General methods for evolutionary quantitative genetic inference from generalized mixed models». *Genetics* 204: 1281-94.

Agradecimientos

This section is optional, but theses typically include acknowledgments (*dankwoord* in Dutch) at the end. You may want to mix languages to thank people in their native tongue (though most Dutch speakers write it entirely in Dutch). But the standard language of the thesis template is English. You can switch temporarily by wrapping the text in language tags like so: [Your Dutch text here]{lang=nl}. This is important for things like hyphenation to work properly.

Varios

Sometimes more chapters are added to the back matter, for instance:

- A short CV of the author
- A list of publications; (including) work that did not make it into the thesis (but that you've co-authored, for instance)
- A list of contributions to the chapters, in case they are based on multi-author papers

I've included the latter two in my PhD thesis¹, if you're looking for some inspiration.

¹<https://lcreteig.github.io/thesis/>