

TABLA DE CONTENIDOS

	página
Firmas Comisión Evaluadora	I
Dedicatoria	II
Agradecimientos	III
Tabla de Contenidos	IV
Índice de Figuras	VI
Índice de Tablas	VII
Resumen	VIII
Abstract	IX
1. Superfamilia de roedores <i>Octodontoidea</i>	1
1.1. Colonización de ambientes	1
2. Contexto histórico de secuenciación en especies	4
3. ¿Que es el ensamble de un genoma?	7
3.1. Ensamble <i>de novo</i>	7
3.2. Ensamble por referencia	9
4. Evaluación del ensamble	13
5. Anotación de genomas	15
5.1. Importancia de la anotación	17
6. Anotación y Ensamble en organismos de la superfamilia <i>Octodontoidea</i>	19
7. Problema	21
8. Solución propuesta	22
9. Objetivos	23
9.1. Objetivo General	23

9.2. Objetivos Específicos	23
10. Metodología	24
10.1. Elección de modelo de organismo por referencia.	25
10.2. Ensamble por referencia	25
10.3. Ensamble de transcritos	27
10.4. Anotación de genomas	27
10.5. Post-procesamiento de la anotación	29
11. Resultados	30
12. Discusión	39
13. Conclusión	42
14. Anexos	51
14.1. Anexo 1.- Comandos de ejecución de programas	51
14.1.1. FASTQC	51
14.1.2. TRINITY	51
14.2. Anexo 2.- Script de ejecución de Trimmomatic	52
14.3. Anexo 3.- Comandos de ensamble por referencia	53
14.4. Anexo 4.- Archivo de configuración maker_exe.ctl	55
14.5. Anexo 5.- Archivo de configuración maker_bopts.ctl	56
14.6. Anexo 6.- Archivo de configuración maker_opts.ctl	58
14.7. Anexo 7.- Comandos anotación funcional	62
14.8. Anexo 8.- Información preliminar de <i>Octodon degus</i>	65
14.9. Anexo 9.- Análisis BUSCO en <i>Octodon degus</i>	65

ÍNDICE DE FIGURAS

página

1.1. Disposición teórica de filogenia en organismos de la superfamilia Octodontoidea a lo largo del tiempo.	2
2.1. Cantidad de genomas ensamblados y depositados en NCBI desde 1988 hasta la actualidad.	6
3.1. Esquema del ensamble de novo.	10
3.2. Tipos de cobertura.	11
3.3. Esquema del ensamble por referencia.	12
5.1. Anotación de genomas.	16
10.1. Trimming de reads.	25
10.2. Ensamble por referencia.	26
10.3. Pipeline de anotación MAKER	29
11.1. Resultados de calidad posterior al trimming.	31
11.2. Ausencia de adaptadores después del trimming.	32
11.3. Análisis de cobertura.	33
11.4. Análisis de calidad de ensamble.	34
11.5. Distribución de acumulada de largo de scaffolds en ensamble por referencia.	35
11.6. Resultados BUSCO del ensamble de transcritos de <i>A. sagei</i> en Trinity.	36
11.7. Diagramas de Venn en registros de elementos presentes en la anotación.	37
11.8. Resultados BUSCO del ensamble de transcritos de <i>Aconaemys sagei</i> en MAKER.	38

ÍNDICE DE TABLAS

	página
6.1. Detalle de organismos Octodontidae ensamblados.	20
11.1. Detalle de librerías de secuenciación Illumina HiSeq 2500 en muestras de <i>A.sagei</i>	30
11.2. Resultados de alineamiento en candidatos a modelo de ensamble por referencia.	32
11.3. Resumen de anotación del organismo <i>Aconaemys sagei</i>	37