

# TABLA DE CONTENIDOS

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

9.2. Objetivos Específicos . . . . .	23
<b>10. Metodología</b>	<b>24</b>
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
<b>11. Resultados</b>	<b>30</b>
<b>12. Discusión</b>	<b>39</b>
<b>13. Conclusión</b>	<b>42</b>
<b>14. Anexos</b>	<b>51</b>
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