

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DEL PROCESO DE LA MADURACIÓN DE LA PAPAYA CULTIVADA EN CHILE (*Vasconcellea pubescens*)

YAZMINA SOLEDAD STAPPUNG GONZÁLEZ
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA

RESUMEN

Contexto: La papaya de montaña (*Vasconcellea pubescens*), perteneciente a la familia *Caricaceae*, es un cultivo artesanal en Chile. Su fruto presenta excelentes características organolépticas y nutricionales, además de un alto contenido de vitaminas y antioxidantes. En estado inmaduro presenta elevadas concentraciones de papaína, siendo muy utilizado en la industria farmacéutica. Por lo que se debe consumir de forma procesada como mermelada, conservas, jugos, etc. Este fruto seha posicionado en el mercado internacional debido a que es considerado un producto gourmet con resultados prometedores. Aumentando las exigencias de calidad del producto, debiendo producir frutos uniformes, de gran color, sabor y aroma, las cuales son obtenidas durante la etapa de maduración frutal. Debido a que la papaya es un fruto climatérico, su maduración continúa durante su poscosecha, aumentando la producción de etileno, principal fitohormona involucrada en el proceso de ablandamiento del fruto. Esto genera pérdidas significativas en la etapa de elaboración del producto final.

Con el objetivo de lograr un mejor entendimiento de estos cambios a nivel genético y molecular, se han seleccionado tres estadios tempranos del proceso de maduración de papaya, los cuales fueron secuenciados mediante la tecnología Roche/454,. Resultados: Se realizaron dos medias placas de Roche/454 GS-FLX para los estadios 0, 1 y 3 días poscosecha, obteniendo 1.453.964 reads, ensamblados en 32.161 contigs *consensus* con un tamaño promedio de 659 pb. Se realizó el mapeo comparativo utilizando como referencia el genoma de *Carica papaya*, obteniendo un 40,6% de regiones con identidad significativa. Del proceso de anotación comparativa se determinó, por estrategias de identificación de genes ortólogos, la proporción de genes compartidos con *V. pubescens*. Obteniendo una anotación de un 56% de contigs mediante genoma de referencia *C. papaya*, 28% de contigs a través de bases de datos NR, UNIPROT y genomas *A. thaliana*, *S. lycopersicum*. A su vez, aquellos contigs no anotados, fueron clasificados

mediante KOG obteniendo un 2% de contigs y mediante CDD obteniendo un 1% de contigs. Restando finalmente un 13% de contigs sin anotar.

Según la descripción obtenida por la anotación funcional, se realizó una clasificación según procesos relevantes en la etapa de maduración, enfocando siete categorías putativamente relacionadas con el proceso de ablandamiento.

Conclusión: Se generó una colección de ESTs, que permitieron identificar funciones características para el desarrollo frutal. En base al estudio genómico-computacional, se identificaron procesos asociados a maduración frutal como, por ejemplo, modificaciones post-traduccionales, recambio de proteínas, transducción de señales, metabolismo de fitohormonas, producción de azúcares, pigmentación y metabolismo de ésteres volátiles. Confirmando la presencia de genes asociados a la biosíntesis de etileno (ACO, ACS, ETR), constantemente producido durante la etapa de maduración. La información funcional obtenida mediante este estudio será corroborada experimentalmente para proporcionar el rol de cada uno de los genes identificados en el proceso de ablandamiento, con el fin de establecer potenciales marcadores moleculares

que permitan la selección de genotipos que presenten bajos niveles de ablandamiento que permitan implementar estrategias de mejoramiento genético de esta especie y así mejorar su calidad comercial de poscosecha. **Palabras claves:** Papaya de montaña, *Vasconcellea pubescens*, 454, EST, maduración, ablandamiento.