

Índice general

Dedicatoria	i
Agradecimientos	ii
Índice general	iii
Índice de figuras	v
Índice de tablas	vi
Resumen	vii
Abstract	viii
1. Introducción	1
2. Hipótesis de trabajo y objetivos	14
Objetivo general	14
Objetivos específicos	14
3. Materiales y Métodos	15
Obtención de la anotación del genoma y procesamiento de secuencias	15
Unión de librerías y análisis de secuencias con diferencia de expresión	17
Análisis de Secuencia	18
Análisis de Bloque	19
Anotación de bloques y eventos	21
Plataforma Bioinformática	23
4. Resultados	29
Librerías Dorso-Ventral en <i>Xenopus tropicalis</i>	30

Análisis de Secuencias	35
Análisis de Bloques	35
5. Discusión	40
El lenguaje y estrategia de programación	41
Plataforma	43
El análisis de Secuencia y Bloques	44
6. Conclusión	46
Referencias	47
Anexos	59

Índice de figuras

1.1. Número de muestras relativas y rendimiento de los datos para la detección de ácidos nucleicos y las diferentes tecnologías de secuenciación	4
1.2. Distribución de los instrumentos de secuenciación masiva por país	6
1.3. Diagrama de selección de una tecnología para un experimento	8
1.4. Hoja de ruta para la planificación de soluciones para los experimentos con fuente de datos y objetivos diferentes	13
3.1. Construcción de Perfiles	20
3.2. Diagrama del algoritmo de clasificación	22
3.3. Ejemplo de diferentes eventos y sus respectivas categorías	23
3.4. Ejemplo de la tabla de frecuencias	26
3.5. Ejemplo de la salida de GenerateBlocks	28
4.1. Diagrama de la plataforma	29
4.2. Evolución de los datos con los distintos filtros	31
4.3. Distribución de los tamaños de secuencia de la librería dorsal y ventral	32
4.4. Distribución de la frecuencia en el genoma de las librerías	33
4.5. Scaffold 166	34
4.6. Distribución de las secuencias comunes y únicas entre ambas librerías	34
4.7. Proporción de las secuencias seleccionadas	35
4.8. Distribución de los tamaños y razones de los bloques con diferencia de expresión	36
4.9. Mapeo de los ARNs pequeños en el transposon DV05	39

Índice de tablas

1.1. Aplicaciones de las nuevas tecnologías de secuenciación	5
1.2. Diferencias entre las plataformas 454, Solexa, SOLiD, Polonator, HeliScope	7
1.3. Herramientas bioinformáticas que trabajan con secuencias pequeñas	10
3.1. Resumen de la base de datos	15
3.2. Ejemplo de la tabla de anotación para los genes	16
3.3. Ejemplo de la tabla de anotación para los exones	16
3.4. Ejemplo de la tabla de descripción de los genes	16
4.1. Resumen de las librerías procesadas	31
4.2. Resumen de la intersección de las librerías con la anotación	33
4.3. Resumen del cruce de los bloques con la anotación del genoma	37
6.1. Lista de los 10 genes más frecuentes en la librería Dorsal	59
6.2. Lista de los 10 genes más frecuentes en la librería Ventral	60
6.3. Lista de los 10 ARNs pequeños que se expresan más en la librería Dorsal de acuerdo al análisis de secuencia	61
6.4. Lista de los 10 ARNs pequeños que se expresan más en la librería Ventral de acuerdo al análisis de secuencia	62
6.5. Los 10 genes más frecuentes para los bloques Dorsales	63
6.6. Los 10 genes más frecuentes para los bloques Ventrals	64
6.7. Lista de los 20 bloques con mayor diferencia de expresión en la librería Dorsal	65
6.8. Lista de los 20 bloques con mayor diferencia de expresión en la librería Ventral	66