

## I. ÍNDICE DE CONTENIDOS

II. INDICE DE TABLAS	6
III. INDICE DE FIGURAS	7
IV. RESUMEN	8
V. ABSTRACT	10
1. INTRODUCCIÓN	12
1.1 <i>Aristotelia chilensis</i>	12
1.1.1 Propiedades	13
1.1.2 Antocianinas en el maqui	14
1.2 Biosíntesis de antocianinas y delfinidina	18
1.2.1 Regulación transcripcional de la biosíntesis de antocianinas	19
1.3 Desde los beneficios al análisis molecular	19
1.4 ¿Por qué analizar el transcriptoma?	21
1.5 RNA-Seq, next generation sequencing	22
1.6 Iniciativa de análisis del transcriptoma de <i>Aristotelia chilensis</i>	23
2. HIPÓTESIS	24
3. OBJETIVOS	24
3.1 General	24
3.2 Específicos	24
4. MATERIALES Y MÉTODOS	25
4.1 Estrategia de trabajo	25
4.2 Control de calidad de lecturas	26
4.3 Corte y filtrado de lecturas	28
4.4 Filtrado de secuencias contaminantes	28
4.5 Ensamble de lecturas	29
4.6 Búsqueda e identificación de genes estructurales y regulatorios de la ruta metabólica de antocianinas	30
4.7 Anotación	32
4.7.1 Caracterización funcional	33
4.7.2 Enriquecimiento GO	33
4.8 Análisis de expresión de genes	34

4.8.1 Mapeo y conteo de lecturas para cada estado de maduración	34
4.8.2 Expresión diferencial	34
4.8.3 Expresión de genes involucrados en la ruta de antocianinas	35
5. RESULTADOS	36
5.1 Secuenciación	36
5.2 Control de calidad de lecturas	36
5.3 Corte y filtrado de lecturas	36
5.4 Filtrado por contaminantes	37
5.5 Ensamble <i>de novo</i>	37
5.6 Anotación	39
5.6.1 Caracterización funcional	40
5.6.2 Enriquecimiento GO	41
5.7 Análisis de expresión de genes	41
5.7.1 Identificación de genes estructurales y regulatorios de la ruta metabólica de antocianinas	42
5.7.2 Expresión diferencial de genes involucrados en la ruta de antocianinas	43
5.8 Caracterización de unigenes de la ruta metabólica de antocianinas en el transcriptoma del maqui	50
6. DISCUSIÓN	51
6.1 Secuenciación y fragmentos contaminantes	51
6.2 Anotación	51
6.3 Enriquecimiento GO	52
6.4 Expresión diferencial de genes involucrados en la ruta de las antocianinas	52
7. CONCLUSIONES	54
8. REFERENCIAS	56
9. ANEXOS	61
9.1 Lenguajes y paquetes bioinformáticos utilizados en estudio	61
9.2 Obtención del material genético	63
9.3 Preparación de librería	64
9.4 Secuenciación	65
9.4.1 Bases y pasos de secuenciación Illumina	66

9.5 Trinity, ensamble <i>de novo</i>	69
9.6 Script para generar matriz	71

## II. INDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b>	Subclases y características químicas de los flavonoides.	16
<b>Tabla 2.</b>	Enzimas estructurales de ruta metabólica de antocianinas.	32
<b>Tabla 3.</b>	Factores de transcripción que regulan expresión en ruta metabólica de antocianinas.	32
<b>Tabla 4.</b>	Resumen de secuenciación del transcriptoma de <i>Aristotelia chilensis</i> .	36
<b>Tabla 5.</b>	Resumen de corte y filtrado de secuencias crudas.	37
<b>Tabla 6.</b>	Resumen de secuencias contaminantes.	37
<b>Tabla 7.</b>	Métricas de ensamble.	38
<b>Tabla 8.</b>	Cálculo de secuencias no codificantes.	40
<b>Tabla 9.</b>	Secuencias con alineamientos en el transcriptoma del maqui.	42
<b>Tabla 10.</b>	Factores de transcripción con alineamientos en transcriptoma del maqui	42
<b>Tabla 11.</b>	Métricas y caracterización de enzimas que alinearon en el transcriptoma del maqui	50

### III. INDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b>	Estados de maduración de <i>Aristotelia chilensis</i> .	13
<b>Figura 2.</b>	Valores ORAC de distintos tipos de bayas.	14
<b>Figura 3.</b>	Estructura química general de los flavonoides.	15
<b>Figura 4.</b>	Estructura química general de las antocianidinas.	16
<b>Figura 5.</b>	Contenido de antocianinas en <i>Aristotelia chilensis</i> .	18
<b>Figura 6.</b>	Ruta metabólica de flavonoides y antocianinas.	20
<b>Figura 7.</b>	Metodología y software utilizado.	27
<b>Figura 8.</b>	Proceso de obtención de unigenes.	31
<b>Figura 9.</b>	Distribución de largos de unigenes ensamblados.	38
<b>Figura 10.</b>	Gráfica de anotación.	39
<b>Figura 11.</b>	Clasificación funcional de unigenes.	40
<b>Figura 12.</b>	Expresión diferencial de unigenes entre fruto verde y fruto maduro.	41
<b>Figura 13.</b>	Expresión diferencial de Unigene_10873 que codifica a PAL.	43
<b>Figura 14.</b>	Expresión diferencial de Unigene_20540 que codifica a PAL.	43
<b>Figura 15.</b>	Expresión diferencial de Unigene_33610 que codifica a C4H.	44
<b>Figura 16.</b>	Expresión diferencial de Unigene_15220 que codifica a 4CL.	44
<b>Figura 17.</b>	Expresión diferencial de Unigene_06495 que codifica a CHS.	45
<b>Figura 18.</b>	Expresión diferencial de Unigene_33583 que codifica a CHI.	45
<b>Figura 19.</b>	Expresión diferencial de Unigene_04687 que codifica a F3H.	46
<b>Figura 20.</b>	Expresión diferencial de Unigene_33640 que codifica a F3'H.	46
<b>Figura 21.</b>	Expresión diferencial de Unigene_21940 que codifica a F3'5'H.	47
<b>Figura 22.</b>	Expresión diferencial de Unigene_05463 que codifica a DFR.	47
<b>Figura 23.</b>	Expresión diferencial de Unigene_04711 que codifica a ANS.	48
<b>Figura 24.</b>	Expresión diferencial de Unigene_14873 que codifica a UFGT.	48
<b>Figura 25.</b>	Expresión diferencial de Unigene_16681 que codifica a OMT.	49
<b>Figura 26.</b>	Expresión diferencial de Unigene_03852 que codifica a OMT.	49
<b>Figura 27.</b>	Secuenciación por método de Sanger.	67
<b>Figura 28.</b>	Secuenciación tradicional.	68
<b>Figura 29.</b>	Funcionamiento de MiSeq Illumina.	69
<b>Figura 30.</b>	Funcionamiento de Trinity.	71