

Índice general

RESUMEN	1
ABSTRACT	2
1. MARCO TEÓRICO	3
1.1. Pandemia de <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	3
1.2. Transferencia horizontal (HGT)	4
1.3. Bacteriófagos y profagos	5
1.4. Profagos crípticos	7
1.5. Región 5kk'	7
2. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS	9
2.1. Hipótesis	9
2.2. Objetivo general	9
2.3. Objetivos específicos	9
3. FUNDAMENTOS	11
3.1. Alineamiento de secuencias	11
3.1.1. Algoritmo de Smith-Waterman	11
3.1.2. Basic Local Alignment Tool (BLAST)	13
3.2. Ensamble de genomas	14
3.2.1. Tipos de biblioteca de secuenciación	14
3.2.2. Algoritmo Overlap-Layout-Consensus (OLC)	16
3.3. Reconstrucción filogenética	18

3.3.1. Detección de variantes en los genomas procariontes	18
3.3.2. Minimum Spaning tree (MST)	19
4. MATERIALES Y MÉTODOS	20
4.1. Cepas chilenas de <i>V. parahaemolyticus</i>	20
4.2. Cepa de referencia de <i>V. parahaemolyticus</i> RIMD2210633	21
4.3. Referencia de 5kk'	21
4.4. Comparación 5k con 5k'	22
4.5. Secuenciación de las cepas chilenas de <i>V. parahaemolyticus</i>	22
4.6. Filtro de lecturas	25
4.7. Ensamble <i>de novo</i> con CELERA 7.0	29
4.8. Alineamiento de 5kk' contra los scaffolds	31
4.9. Alineamiento de scaffolds contra la cepa de referencia RIMD2210633	31
4.10. Análisis sitios adyacentes a 5kk'	32
4.11. Anotación de los ensamblados <i>de novo</i>	33
4.11.1. Caracterización del vecindario de 5kk'	34
4.12. Búsqueda de elementos móviles dentro de 5kk'	35
4.12.1. Elementos de inserción (ISs)	35
4.12.2. Profagos crípticos	35
4.12.3. 5kk' de forma extracromosomal	35
4.13. Reconstrucción filogenética de las cepas de <i>V. parahaemolyticus</i>	36
4.13.1. Alineamiento de lecturas contra la cepa de referencia RIMD2210633	36
4.13.2. Detección de variaciones de un solo nucleótido(SVNs) en cepas chilenas de <i>V. parahaemolyticus</i>	37
4.13.3. Generación de Minimum Spanning Tree (MST)	39
5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	40
5.1. Estructura y composición 5kk'	40
5.1.1. Comparación 5k contra 5k'	41
5.2. Presencia de 5kk' en las cepas chilenas	41
5.3. Revisión de los ensamblados <i>de novo</i>	44

5.4. Ubicación de los scaffolds con 5kk' dentro del genoma RIMD2210633	46
5.5. Análisis de los segmentos adyacentes a 5kk'	47
5.6. Anotación de 5kk' y su vecindario	49
5.7. Caracterización del vecindario de 5kk'	50
5.8. Profagos crípticos	53
5.9. Elementos de inserción	53
5.10. Presencia extracromosomal	54
5.11. Relación filogenética	54
5.12. Discusión general	56
6. CONCLUSIONES	59
BIBLIOGRAFÍA	60
GLOSARIO	67

Índice de figuras

1.1. Transferencia horizontal de genes	5
1.2. Estructura bacteriófago	6
1.3. Región 5kk'	8
3.1. Ejemplo Smith-Waterman	12
3.2. Esquema biblioteca pareada	16
3.3. Esquema algoritmo OLC	17
3.4. Representación MST	19
4.1. Referencia de la región 5kk'	21
4.2. Ejemplo ventana deslizante	26
4.3. Lecturas sin filtrar por ventana deslizante	27
4.4. Lecturas filtradas por ventana deslizante	27
4.5. Predicción de genes	33
4.6. Diagrama de flujo pipeline genómico	34
4.7. Detección de mutaciones con IGV	38
5.1. Estructura de 5kk'	40
5.2. Alineamiento 5kk' contra los scaffolds de las cepas de <i>V. parahaemolyticus</i>	43
5.3. Posicionamiento de un surrogate en varios scaffolds	45
5.4. Posicionamiento de los scaffolds con 5kk' en el cromosoma 1 de RIMD2210633	46
5.5. Posicionamiento de los scaffolds con 5kk' en el cromosoma 2 de RIMD2210633	46
5.6. Región repetida del genoma	47
5.7. Presencia de 5kk' en las cepas de <i>V. parahaemolyticus</i>	48

5.8. Sitios codificantes de 5kk'	50
5.9. Similitud de 5kk' con profago CP-457	52
5.10. Relación filogenética de las cepas de <i>V. parahaemolyticus</i>	55

Índice de cuadros

4.1. Cepas de chilenas de <i>V. parahaemolyticus</i>	20
4.2. Descripción cepa de <i>V. parahaemolyticus</i> RIMD2210633	21
4.3. Bibliotecas para las cepas ATC210, ATC220 y PMA109.5	23
4.4. Bibliotecas para las cepas PMC14.7, PMC48, PMC58.5, PMC58.7 y VpKX	24
4.5. Filtro de lecturas simples	28
4.6. Filtro de lecturas pareadas	28
4.7. Resultados ensambles <i>de novo</i>	31
4.8. Resultados de los alineamientos de lecturas con SMALT	37
4.9. Mutaciones en las cepas de <i>V. parahaemolyticus</i>	38
5.1. Alineamiento de 5kk' contra los scaffolds de las cepa de <i>V. parahaemolyticus</i>	42
5.2. Sitios codificantes de 5kk'	49
5.3. Sitios codificantes 10 kilobases río arriba de 5kk'	51
5.4. Sitios codificantes 10 kilobases río abajo de 5kk'	51