

## ÍNDICE DE CONTENIDOS

ÍNDICE DE CONTENIDOS .....	1
ÍNDICE DE TABLAS .....	3
ÍNDICE DE FIGURAS .....	3
RESUMEN .....	3
ABSTRACT .....	6
INTRODUCCIÓN .....	8
Interacción bacteria- bacteriófago .....	8
Secuencias CRISPRs .....	9
Sistema CRISPR-Cas .....	11
Huellas de fagos .....	13
<i>Vibrio parahaemolyticus</i> .....	14
Cepas.....	16
Transferencia Horizontal en <i>Vibrio parahaemolyticus</i> .....	17
Filogenia .....	18
Herramientas Bioinformáticas.....	19
HIPÓTESIS Y OBJETIVOS.....	20
Hipótesis .....	20
Objetivo General .....	20
Objetivos Específicos.....	20
1. Recopilar los datos e implementar los programas de análisis.....	20
2. Identificar y comparar potenciales secuencias CRISPR en las cepas de <i>Vibrio parahaemolyticus</i> seleccionadas. ....	21
3. Identificar y comparar huellas de fagos entre las cepas seleccionadas.....	21

4. Buscar relaciones filogenéticas entre las diferentes cepas de <i>V. parahaemolyticus</i> .....	21
MATERIALES Y MÉTODOS .....	22
1. Recopilación de los datos e implementación de los programas de análisis.....	22
2. Identificación y comparación de potenciales secuencias CRISPR en las cepas de <i>Vibrio parahaemolyticus</i> seleccionadas. ....	27
3. Identificación y comparación de las huellas de fagos entre las cepas.....	31
4. Búsqueda de relaciones filogenéticas entre las diferentes cepas de <i>V. parahaemolyticus</i> .....	36
RESULTADOS .....	38
1. Selección de cepas para el estudio.....	38
2. Secuencias CRISPR en las cepas de <i>Vibrio parahaemolyticus</i> seleccionadas. ....	39
3. Huellas de fagos en las cepas seleccionadas.....	44
4. Determinación de la distancia filogenética entre las cepas chilenas y su relación con las diferencias observadas en CRISPR y huellas de fagos.....	49
DISCUSIÓN .....	55
CRISPR .....	55
Huellas de fagos .....	56
Mutaciones puntuales versus huellas de fagos.....	57
CONCLUSIONES.....	58
BIBLIOGRAFÍA .....	60
ANEXOS .....	66

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Cepas de <i>V. parahaemolyticus</i> utilizadas para el estudio.....	16
<b>Tabla 2.</b> Métodos de filogenia.....	19
<b>Tabla 3.</b> Descripción parámetros Trimmomatic.....	26
<b>Tabla 4.</b> Parámetros para el alineamiento de las lecturas.....	29
<b>Tabla 5.</b> Trimming de lecturas.....	67
<b>Tabla 6.</b> Repeticiones identificadas.....	40
<b>Tabla 7.</b> Profundidad de cobertura promedio para cada secuencia consenso....	41
<b>Tabla 8.</b> Regiones pertenecientes a bacteriófagos.....	45
<b>Tabla 9.</b> SNV de alta calidad respecto a RIMD2210633.....	49

## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Estructura CRISPRs.....	10
<b>Figura 2.</b> Mecanismo CRISPR-Cas.....	12
<b>Figura 3.</b> Eliminación repetición CutAdapt.....	28
<b>Figura 4.</b> Revisión resultados programas de predicción de huellas de fagos.....	34
<b>Figura 5.</b> Lecturas analizadas.....	39
<b>Figura 6.</b> Alineamiento de lecturas.....	42
<b>Figura 7.</b> Alineamiento de las cepas chilenas contra la referencia.....	44
<b>Figura 8.</b> Alineamiento cepa AQ3810.....	45
<b>Figura 9.</b> Alineamiento de lecturas de la cepa PMC48.....	47
<b>Figura 10.</b> Árbol filogenético de las relaciones entre cepas.....	52
<b>Figura 11.</b> Árbol filogenético.....	53
<b>Figura 12.</b> Agrupamiento de las cepas según las huellas de fagos.....	54
<b>Figura 13.</b> Distribución de Poisson.....	50
<b>Figura 14.</b> Generación de la secuencia CRISPR para cada cepa.....	68
<b>Figura 15.</b> Alineamiento de cepas AN5030, K5034 y Peru466.....	71