



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Cs. Biológicas -Programa de Magister Bioquímica y Bioinformática

**Analisis de transcriptoma en tejido reproductivo mediante
secuenciación masiva: abalón rojo (*Haliotis rufescens*)
como modelo de estudio.**

Transcriptome analysis in reproductive tissue by high-
throughput sequencing: red abalone (*Haliotis rufescens*) as a
study model

Valentina Marjorie Valenzuela Muñoz
CONCEPCIÓN-CHILE
2011

Profesor Guía: Dr. Cristian Gallardo Escárate
Dpto. de Oceanografía Facultad de Cs. Naturales y Oceanográficas
Universidad de Concepción

RESUMEN

En invertebrados marinos, los mecanismos genéticos involucrados en los procesos de determinación y diferenciación sexual han sido escasamente estudiados, debido a la variedad de estrategias reproductivas que presentan los diferentes taxa y la escasa cantidad de información genómica de estos. Las tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS) entregan nuevas posibilidades para el estudio de transcriptomas en especies no-modelo, al entregar gran cantidad de información sobre determinados procesos y funciones biológicas. El objetivo de este trabajo fue realizar una comparación del transcriptoma en tejido reproductivo de abalón rojo (*H. rufescens*) e identificar transcritos asociados a la determinación sexual mediante secuenciación masiva y análisis bioinformáticos. Para ello se realizó extracción de ARN desde tejido reproductivo de abalón rojo maduro, posterior a esto se realizó la síntesis de ADNc doble hebra y pirosecuenciación en la plataforma GS FLX (454 Roche). Se obtuvieron un total de 79.877 y 133.850 lecturas las que generaron un total de 11.374 y 42.529 secuencias EST para hembras y machos respectivamente. Las secuencias fueron anotadas a través de Gene Ontology, evidenciando un mayor porcentaje de transcritos en hembras asociados a procesos metabólicos, mientras que en machos se identificó mayor porcentaje de transcritos asociados a procesos de unión. También se identificó la fracción de transcrito diferencial entre machos y hembras utilizando un algoritmo programado en Matlab. Además del total de secuencias se identificaron un total de 4.538 marcadores moleculares tipo SNP y 5.969 EST-SRR. Del análisis de los datos se concluye que existe un 20% de transcritos únicos para cada sexo, de los cuales alrededor de un 50 % no se encuentran anotados.