

# ÍNDICE DE CONTENIDOS

	página
Dedicatoria	I
Agradecimientos	II
Índice de Contenidos	III
Índice de Figuras	v
Índice de Tablas	vii
Resumen	viii
Abstract	ix
<b>1. INTRODUCCIÓN</b>	<b>1</b>
<b>2. HIPÓTESIS</b>	<b>9</b>
<b>3. OBJETIVOS</b>	<b>10</b>
3.1. Objetivo General . . . . .	10
3.1.1. Objetivos Específicos . . . . .	10
<b>4. MATERIALES Y MÉTODOS</b>	<b>11</b>
4.1. Análisis de expresión genética de transcritos de faseolinas presentes en <i>Phaseolus vulgaris</i> L., sobre datos de <i>RNAseq</i> . . . . .	12
4.2. Relaciones evolutivas de las secuencias de faseolinas presentes en <i>Phaseolus vulgaris</i> L. mediante un análisis filogenético. . . . .	14
4.2.1. Obtención de secuencias de transcripción para el gen de faseolina. . . . .	14
4.2.2. Alineamiento múltiple de secuencias de ARN de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. . . . .	15
4.2.3. Construcción de árbol filogenético. . . . .	17
4.3. Construcción de modelos por homología de las faseolinas de las variedades locales de la raza Chile, y caracterización estructural mediante herramientas bioinformáticas. . . . .	17
4.3.1. Construcción de modelos desde secuencias reportadas. . . . .	18
4.3.2. Estabilización energética de los modelos. . . . .	20
4.3.3. Producción de simulaciones de dinámica molecular. . . . .	21

	IV
4.3.4. Análisis estructural de las simulaciones de dinámica molecular. . . .	22
4.3.5. Construcción de modelos prospectivos con muestras propias. . . . .	22
<b>5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b>	<b>24</b>
5.1. Análisis de expresión genética de transcritos de faseolinas presentes en <i>Phaseolus vulgaris L.</i> , sobre datos de <i>RNAseq</i> . . . . .	24
5.2. Relaciones evolutivas de las secuencias de faseolinas presentes en <i>Phaseolus vulgaris L.</i> mediante un análisis filogenético. . . . .	28
5.3. Construcción modelos por homología de las faseolinas de las variedades locales de la raza Chile, y caracterización estructural mediante herramientas bioinformáticas. . . . .	30
<b>6. CONCLUSIONES</b>	<b>49</b>
<b>7. BIBLIOGRAFÍA</b>	<b>51</b>
<b>8. ANEXOS</b>	<b>60</b>

## ÍNDICE DE FIGURAS

	página
1.1. Especies domesticas de <i>Phaseolus</i> . . . . .	2
1.2. Porcentaje de contenido de proteína en variedades. . . . .	5
1.3. Estructuras de faseolinas reportadas. . . . .	7
4.1. Variedad de porotos de <i>Phaseolus vulgaris L.</i> incorporadas en esta investigación. . . . .	11
4.2. Metodología general para realizar el análisis de expresión genética de transcritos de faseolinas presentes en <i>Phaseolus vulgaris L.</i> , sobre datos de <i>RNAseq</i> . . . . .	12
4.3. Metodología general para realizar el análisis filogenético de las secuencias de ARN que codifican a diversas proteínas de <i>Phaseolus vulgaris L.</i> . . . .	16
4.4. Metodología general para la construcción de modelos a partir de secuencias ya reportadas. . . . .	18
4.5. Metodología general para minimización de energía y producción de dinámica molecular(DM). . . . .	20
4.6. Metodología general para la construcción de modelos por homología con muestras propias. . . . .	23
5.1. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto coscorrón. . . . .	24
5.2. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto enriqueta. . . . .	25
5.3. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto tórtola. . . . .	25
5.4. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto negro argel. . . . .	26
5.5. Réplicas biológicas escogidas que poseen mayor nivel de expresión con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina. . . . .	27
5.6. Árbol filogenético de secuencias de ARN que codifican a diversas proteínas de <i>Phaseolus vulgaris L.</i> . . . . .	29
5.7. Estructura cristalina de <i>Adzuki Bean 7S Globulin-1</i> (PDB 2EA7). . . . .	30
5.8. Trímeros ensamblados a partir de los monómeros alfa y beta modelados. . . . .	31
5.9. Evaluación en <i>ProSA</i> de los trímeros ensamblados antes de equilibrio. . . . .	32
5.10. Evaluación en <i>ProSA</i> de los trímeros ensamblados después de equilibrio. . . . .	33

5.11. Evaluación de la energía potencial en minimización. . . . .	35
5.12. <i>RMSD</i> del backbone de las proteínas. . . . .	36
5.13. Radio de giro ( <i>Rg</i> ) del <i>backbone</i> de las proteínas. . . . .	37
5.14. Análisis de <i>sitemap</i> para el trímero de tres subunidades alfa luego de la DM. . . . .	38
5.15. Análisis de <i>sitemap</i> para el trímero de tres subunidades beta luego de la DM. . . . .	39
5.16. Análisis de <i>sitemap</i> para el trímero de dos subunidades alfa y una subunidad beta luego de la DM. . . . .	40
5.17. Análisis de <i>sitemap</i> para el trímero de dos subunidades beta y una subunidad alfa luego de la DM. . . . .	41
5.18. Análisis de potencial electrostático para el trímero compuesto por tres subunidades alfa. . . . .	43
5.19. Análisis de potencial electrostático para el trímero compuesto por tres subunidades beta. . . . .	44
5.20. Análisis de potencial electrostático para el trímero compuesto por dos subunidades alfa y una subunidad beta. . . . .	45
5.21. Análisis de potencial electrostático para el trímero compuesto por dos subunidades beta y una subunidad alfa. . . . .	46
5.22. Alineamiento estructural de los modelos por homología de faseolina y los modelos por homología de una fracción de faseolina a partir de muestras propias. . . . .	47
8.1. Figura suplementaria 1. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto coscorrón. . . . .	60
8.2. Figura suplementaria 2. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto enriqueta. . . . .	61
8.3. Figura suplementaria 3. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto tórtola. . . . .	62
8.4. Figura suplementaria 4. Análisis de expresión diferencial con respecto al gen Phvul.007G059725.v2.1 que codifica a faseolina en las muestras de poroto negro argel. . . . .	63
8.5. Figura suplementaria 5. Alineamiento de secuencias de faseolinas alfa y beta. . . . .	64

## ÍNDICE DE TABLAS

	página
1.1. Carbohidratos y análogos presentes en <i>Phaseolus vulgaris</i> L. . . . .	4
4.1. Muestras de las variedades de porotos recolectadas por el Ceap para realizar el análisis de expresión diferencial. . . . .	13
4.2. Códigos de acceso para secuencias de ARN de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. . . . .	17
5.1. Promedio de valores obtenidos en alineamiento local de secuencia reportada con <i>RNAseqs</i> sin procesar de todas las muestras de las variedades de porotos.	28
5.2. Resultado alineamiento local de secuencia de ARN de faseolina reportada con secuencias de ARN las muestras estudiadas. . . . .	28
5.3. Resultado búsqueda de templado en <i>Blastp</i> para secuencias alfa y beta. . .	31
5.4. Evaluación de la calidad de los trímeros antes y después del equilibrio. . . .	34
5.5. Valores de evaluación obtenidos para los sitios de cada trímero. . . . .	42
5.6. Alineamiento en <i>Blastp</i> de muestras propias con monómeros alfa y beta. .	48