

II - ÍNDICE GENERAL

I - AGRADECIMIENTOS.....	3
II - ÍNDICE GENERAL.....	4
III - ÍNDICE DE FIGURAS.....	6
IV - ÍNDICE DE TABLAS.....	8
V - RESUMEN.....	10
VI – ABSTRACT.....	11
1. - INTRODUCCIÓN.....	12
1.1. - Formación de madera.....	12
1.2. - Tipos de madera.....	13
1.3. - Biosíntesis de madera.....	15
1.3.1. - Celulosa	15
1.3.2. – Hemicelulosa.....	15
1.3.3. – Pectinas.....	16
1.3.4. – Lignina.....	16
1.3.5. - Proteínas asociadas de pared.....	16
1.4. - Percepción de gravedad en plantas.....	17
1.5. - Respuesta gravitrópica en madera.....	19
1.6. - Planteamiento del problema.....	21
2. – HIPÓTESIS.....	23
3. – OBJETIVOS.....	23
4. - MATERIALES Y METODOS.....	24
5. – METODOLOGÍA.....	25
5.1. - Hibridación sustractiva supresiva (PCR-SSH).....	25
5.1.1. - Diseño del experimento de hibridación sustractiva.....	27
5.2. – Flujo de trabajo análisis bioinformático.....	28
5.3. - Pre-procesamiento de EST.....	29
5.4. - CrossMatch.....	30

5.5. - RepeatMasker	30
5.6. - Procesamiento de EST.....	30
5.6.1. - Clustering	31
5.6.2. – Ensamble.....	32
5.6.3. - Cap3.....	32
5.7. - Anotación de Secuencias.....	33
5.7.1. - Alineamientos locales con un modelo de gap lineal.....	33
5.7.2. - Hidden Markow Models (HMM).....	34
5.7.3. - WU-BLAST.....	36
5.7.4. - InterproScan.....	37
5.8. - Asignación de Función.....	38
5.9. - Clasificaciones Ontológicas de secuencias.....	39
5.10. – Tipos de Ontologías y sus clasificaciones.....	40
5.10.1. - Componentes celulares	40
5.10.2. - Procesos Biológicos.....	41
5.10.3. - Funciones Moleculares.....	42
5.11. - The Gene Ontology.....	43
5.12. - Servicio Web (SW).....	44
5.13. - Medidas de evaluación del modelo de predicción de funciones génicas.....	44
5.14. - Método de análisis del modelo de predicción de genes.....	45
6. - RESULTADOS	47
6.1. – Pre-procesamiento de EST y proceso de ensamble.....	47
6.2. – Proceso de anotación.....	47
6.3. – Proceso de clasificación.....	49
6.4. – Resúmenes de anotaciones génicas.....	50
6.5. – Búsquedas de secuencias ajenas por BLAST.....	52
6.6. – Comparaciones ontológicas en el tiempo.....	53

6.7. – Comparaciones ontológicas entre tallo superior e inferior.....	58
6.8. – Biosíntesis de madera.....	60
6.9. – Formación de microtúbulo.....	63
6.10. – Metabolismo primario.....	63
6.11. – Validación del método de predicción.....	64
7. - DISCUSIÓN	67
7.1. – Percepción del estímulo de gravedad.....	67
7.2. – Productos génicos asociados a transcripción.....	70
7.3. – Modelo tentativo del proceso de graviestimulación.....	72
8. – CONCLUSIONES.....	74
9. – REFERENCIAS.....	75

III - ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Corte radial de madera de pino.....	12
Figura 2. Capas de la pared secundaria.....	13
Figura 3. La inclinación del fuste del pino.	14
Figura 4. Representación de los amiloplastos en la punta de la raíz.	18
Figura 5. Madera de compresión y sus características.	20
Figura 6. Esquema de funcionamiento de SSH.	26
Figura 7. Flujo de trabajo del proceso de análisis de secuencias.....	27
Figura 8. Hibridación entre secuencias con secuencias control.....	28
Figura 9. Características de las secuencias de EST.....	29
Figura 10. Pasos de ensamble del programa CAP3.....	32
Figura 11. Función $H(i,j)$ con la cual serán evaluadas todas las casillas de la matriz de identidad.....	34
Figura 12. Alineamiento local por el algoritmo de Smith & Waterman.....	35

Figura 13. Diagrama de estados del modulo de asignación de función.....	39
Figura 14. Ontología por procesos biológicos para morfogénesis de la semilla.....	42
Figura 15. Ejemplo de árboles de clasificaciones ontológicas.....	43
Figura 16. Distribución de E-Values v/s hits por búsqueda.....	48
Figura 17. Interfase de navegación de las clasificaciones ontológicas dentro del SW.....	50
Figura 18. Tabla resumen de curación.....	51
Figura 19. Interfaces de búsqueda por BLASTn dentro de las 9 bases de datos del proyecto.....	52
Figura 20. Modulo de clasificaciones ontológicas en el tiempo del SW.....	53
Figura 21. Gráficos resumen de clasificación ontológica en el tiempo de las 4 librerías en tallo superior para procesos biológicos.....	54
Figura 22. Gráficos resumen de clasificación ontológica en el tiempo de las 4 librerías en tallo superior para funciones moleculares.....	55
Figura 23. Gráficos resumen de clasificación ontológica en el tiempo de las 4 librerías en tallo inferior para componentes celulares.....	56
Figura 24. Gráficos resumen de clasificación ontológica en el tiempo de las 4 librerías en tallo inferior para procesos biológicos.....	57
Figura 25. Modulo de clasificaciones ontológicas tallo superior v/s tallo inferior del WS.....	58

Figura 26. Resumen de clasificación ontológica de comparación de productos génicos clasificados ontológicamente expresados diferencialmente	59
Figura 27. Esquema de los productos bajo la ontología de los Procesos metabólicos asociados a fenilpropanoide.....	62
Figura 28. Gráfico comparativo de la cantidad de productos en la clasificación de metabolismo primario a través del tiempo.....	64
Figura 29. Análisis comparativo de productos génicos asociados a ontologías de señales de transducción.....	67
Figura 30. Reconstrucción metabólica de los productos génicos dependientes de Ca^{2+}	68
Figura 31. Árbol ontológico de actividad de ATPasas en 2,5 h tallo superior.....	70
Figura 32. Modelo tentativo de la evolución en el tiempo de la respuesta génica del estímulo gravitrópico	73

IV - ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Tabla de contingencia para el clasificador del modelo de anotación.....	44
Tabla 2. Resumen general del proceso de ensamblado y anotación.....	46
Tabla 3. Detalle proceso de anotación por TIGR y NCBI.....	47
Tabla 4. Resumen de ontologías no redundantes para cada una de las librerías.....	48
Tabla 5. Tabla comparativa de productos génicos bajo la ontología procesos de biosíntesis de glucanos.....	60
Tabla 6. Presencia diferencial de tubulinas bajo la ontología citoesqueleto.....	62
Tabla 7. Resumen de resultados de anotación de set de datos de prueba del método de predicción.....	64
Tabla 8. Tabla de contingencia para datos de evaluación del modelo.....	65
Tabla 9. Productos relacionados bajo la ontología transcripción.....	70