

DESARROLLO DE APLICACIÓN PARA EL ANÁLISIS *IN SILICO* DE  
SECUENCIAS PROMOTORAS DEL GENOMA DE *VITIS VINIFERA*

GERMAN MARCELO MARCHANDON SUAZO  
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA

RESUMEN

La vid es el cultivo frutícola más importante económicamente en Chile y cultivado ampliamente en el mundo. De ella se obtiene un fruto que se utiliza no sólo para la producción de vino, sino también para consumo de fruta fresca, jarabes, jugos, pasas y fabricación de sus derivados tales como cosméticos y aceites. Este frutal ha sido recientemente secuenciado, por lo que su conocimiento acerca de su regulación génica es aún escaso. La regulación de la expresión génica está provista por un complejo mecanismo de control por los cuales las plantas responden a estrés biótico y abiótico y modulan procesos del desarrollo. Esta regulación es coordinada principalmente por mecanismos relacionados a factores de transcripción (TFs). Para comprender el mecanismo de regulación génica de *Vitis vinifera*, es necesario conocer los sitios donde se unen las secuencias reguladoras de la expresión génica. Si bien algunos sitios *web* son capaces de realizar búsquedas de este tipo, aún *Vitis vinifera* no está incorporada. En este trabajo se desarrolló una aplicación para la búsqueda y representación visual de los sitios de unión a factores de transcripción (TFBS), ya sea, caracterizados experimentalmente o de sitios de predicción, en secuencias flanqueantes de *Vitis vinifera* generando imágenes representativas de los sitios de unión encontrados. No se ha realizado con anterioridad una herramienta para el análisis de TFBS en todo el genoma de *Vitis vinifera*. Por ello, el desarrollo de esta aplicación es el primer paso para el conocimiento y la comprensión de su expresión génica, reconociendo los posibles sitios de unión de los TFs que regulan la expresión de todos los genes del genoma

.

## ABSTRACT

The vine is the most important crop economically in Chile and cultivated widely in the world. From it you get the fruit that is used not only for the production of wine, but also for consumption of fresh fruit, syrups, juice, raisins and manufacture of its derivatives such as cosmetics and oils. This fruit has recently been sequenced, so their knowledge of its gene regulation is still scarce. The regulation of gene expression is provided by a complex control mechanism, by which the plants respond to biotic and abiotic stress and modulate developmental processes. This regulation is coordinated mainly by mechanisms related to transcription factors (TFs). To understand the gene regulatory mechanism of the *Vitis vinifera*, it is necessary to know the binding sites of the regulatory sequences of gene expression. Although some websites are able to perform searches of this kind of sequences, the *Vitis vinifera* is not yet incorporated. In this thesis an application was developed for the searching and visual representation of the transcription factors binding sites (TFBS), either experimentally characterized or from prediction sites in flanking sequences of *Vitis vinifera* generating representative images of the binding sites found. It hasn't been previously created a tool for the analysis of TFBS for whole of the *Vitis vinifera* genome. Therefore, the development of this application is the first step in the knowledge and understanding of gene expression, recognizing the potential binding sites of the TFs that regulate the expression of all genes in the genome.