



## **AISLAMIENTO E IDENTIFICACION DE SECUENCIAS PARCIALES DE GENES IMPLICADOS EN LA BIOSINTESIS DE ANTOCIANINAS EN *F. CHILOENSIS* SSP. *CHILOENSIS* F. *CHILOENSIS*.**

**LUIS SEBASTIÁN LABRAÑA GONZÁLEZ**  
**LICENCIADO EN TECNOLOGÍA MÉDICA**

### **RESUMEN**

Las antocianinas son sintetizadas desde un brazo metabólico de los flavonoides. Las enzimas participantes en tales procesos utilizan los productos generados desde la ruta metabólica fenilpropanoide (p-coumaroil CoA) y las generadas en el metabolismo de ácidos grasos (malonil CoA). La biosíntesis de antocianinas se inicia con la reacción catalizada por la enzima chalcona sintasa y consecutivamente participan las enzimas: chalcona isomerasa, flavanona 3-hidroxilasa, dihidroflavonol 4-reductasa y antocianidina sintasa. En la presente memoria se analizaron las secuencias nucleotídicas parciales que codifican para la síntesis de tales enzimas. Para ello se extrajeron muestras de RNA de la especie *F. chiloensis* ssp. *chiloensis* f. *chiloensis*, que se caracteriza por presentar bajos niveles de antocianinas. El RNA obtenido fue utilizado para la generación de cDNA, necesario para las reacciones de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) realizadas, cuyos productos de amplificación obtenidos, mediante la utilización de partidores específicos, fueron utilizados para la transformación de células competentes, necesarias para obtener una alta cantidad de clones de los productos de amplificación generados. Consiguientemente se realizó una PCR de colonias y sus productos de amplificación fueron secuenciados en MacroGen Inc., Korea. Una vez recibidas las secuencias fueron depuradas y transformadas a secuencias aminoacídicas para su siguiente análisis. Este último consistió en compararlas, mediante alineamientos múltiples, con la estructura primaria de las mismas enzimas, pero pertenecientes a otras especies. Los resultados evidenciaron la existencia de dominios conservados en varias especies de la misma familia a la cual

pertenece la especie en estudio. Pero estos dominios desaparecen, en cierta medida, cuando los alineamientos se hacen con especies de diferente familia. Por otra parte, las secuencias obtenidas contienen aminoácidos altamente conservados e importantes desde el punto de vista funcional de las enzimas en estudio. Por lo tanto se puede establecer que, las secuencias parciales de los genes analizados contienen factores que son constantes en las especies analizadas e importantes para el desarrollo de una función enzimática apropiada para la vía biosintética en estudio.