

Tabla de contenido

1. Introducción y objetivos.....	1
1.1 Objetivos generales	2
1.2 Objetivos específicos	2
2. Antecedentes generales	3
2.1 Salar del Huasco	3
2.2 Modelos de escala genómica y análisis de balance de flujos	3
2.3 KEGG.....	4
2.4 Bioservices	5
2.5 COBRA.....	6
2.6 BLAST.....	7
2.7 Los <i>Streptomyces</i>	8
3. Metodología	9
3.1 Determinación de organismo base	9
3.2 Elaboración de modelo metabólico	10
3.2.1 Adición de reacciones de conversión metabólica	10
3.2.2 Adición de reacciones globales de biomasa	11
3.2.3 Adición de reacciones de transporte e intercambio	12
3.3 Curación manual del modelo	12
4. Resultados	13
4.1 Detalles del modelo	13
4.2 Comportamiento en medio mínimo	14
4.3 Comportamiento ante fuentes de carbono	15
4.4 Comportamiento ante fuentes de nitrógeno	15
4.5 Uso de aminoácidos.....	16
5. Discusiones	18
6. Conclusiones	22
7. Bibliografía.....	23
8. Anexos	26
8.1 Resultados de análisis de identificación EzBioCloud.....	26
8.2 Descripción de código de desarrollo del modelo.....	28
8.2.1 RxnInter.....	28
8.2.2 FastaMaker	30

8.2.3	Blaster	30
8.2.4	HSTRetrieval	31
8.2.5	Gene2Rxn.....	32
8.2.6	RxnDown.....	33
8.2.7	AnswerByMe	34
8.2.8	AddRxn	35
8.2.9	AddMet.....	36
8.2.10	WriteByMe	37
8.3	Descripción de generación de planilla de información	37
8.4	Detalle de reacciones de biomasa	40
8.4.1	Biomasa	40
8.4.2	Proteínas	40
8.4.3	DNA.....	41
8.4.4	RNA	42
8.4.5	Fosfolípidos.....	42
8.4.6	TAGs.....	45
8.4.7	Moléculas pequeñas	46
8.4.8	Peptidoglicano.....	46
8.4.9	Carbohidratos	47
8.4.10	Ácido teicoico	48
8.5	Método de adición de reacciones de intercambio y transporte (EXmaker)	48
8.6	Método de rastreo de errores (errTracker)	50
8.7	Códigos utilizados.....	53
8.7.1	RxnInter.....	53
8.7.2	FastaMaker	54
8.7.3	Blaster	54
8.7.4	HSTRetrieval	54
8.7.5	Gene2Rxn.....	55
8.7.6	RxnDown.....	56
8.7.7	AnswerByMe	57
8.7.8	AddRxn	58
8.7.9	AddMet.....	60
8.7.10	WriteByMe	60
8.7.11	xlsMaker.....	60

8.7.12	GetDef	61
8.7.13	WriteEverything.....	61
8.7.14	EXmaker	62
8.7.15	errTracker	63