

UNIVERSIDAD PRIVADA ANTENOR ORREGO

ESCUELA DE POSGRADO



**TESIS PARA OBTENER EL GRADO DE MAESTRO EN CIENCIAS AGRARIAS
CON MENCIÓN EN PROTECCIÓN DE CULTIVOS**

**“Caracterización molecular de los genes asociados a la resistencia
de algarrobo *Prosopis pallida* k. (Fabaceae) a plagas claves”**

Área de Investigación:
Proteómica vegetal

Autor:
Br. Gonzales Deza, Gabriel Kenyo

Jurado Evaluador:

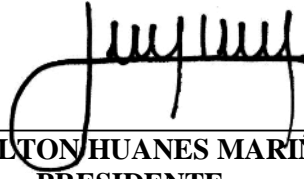
Presidente: Huanes Mariños, Milton Américo
Secretario: Barandiarán Gamarra, Miguel Ángel
Vocal: Robles Pastor, Blanca Flor

Asesor:
Cabrera La Rosa, Juan Carlos
Código Orcid: <https://orcid.org/0000-0002-8236-3352>

**TRUJILLO – PERÚ
2022**

Fecha de sustentación: 2022/08/09

MIEMBROS DEL JURADO



DR. MILTON HUANES MARIÑOS
PRESIDENTE



DR. MIGUEL BARANDIARÁN GAMARRA
SECRETARIO



DRA. BLANCA FLOR ROBLES PASTOR
VOCAL



DR. JUAN CARLOS CABRERA LA ROSA
ASESOR

DEDICATORIA

Dedico este trabajo de investigación a mi familia: Richard Juan, Angélica Esmeralda, Lucero Beatriz y Johan Kennedy que siempre me han acompañado en cada paso de mi vida.

A mi abuelo paterno Juan Gonzales que siempre llevo en mi corazón y que me ilumina desde el cielo.

Dedico también este trabajo a mi abuelo materno Jime Deza que aún me acompaña en esta vida y que me alegra el día cada vez que lo veo.

AGRADECIMIENTO

A Dios por darme salud y permitirme continuar persiguiendo los sueños que tengo en esta vida.

Al Dr. Juan Carlos Cabrera por sus enseñanzas, sus sabios consejos y por el aporte inmensurable que tiene a la sociedad.

A mi alma máter la Universidad Privada Antenor Orrego por permitirme hacer ciencia en sus laboratorios y poner en práctica todo lo aprendido en las clases de aula.

Al equipo de investigación del laboratorio de proteómica de la Universidad Privada Antenor Orrego Oscar Vargas, Jacob Delgado, Deivis Garay, Mashio Chávez y Luis Chicoma por compartir bata conmigo y por su incondicional apoyo.

A todos los profesores del programa de maestría en Protección de Cultivos de la Escuela de Postgrado de la Universidad Privada Antenor Orrego, por sus conocimientos y su aporte a la ciencia.

Al Proyecto 071-2018-FONDECYT-BM-IADT-AV “Desarrollo y validación de una plataforma proteómica asociada a la velocidad de crecimiento y calidad de especies forestales nativas e introducidas en Lambayeque” a través de PROCENCIA y el Banco Mundial que financiaron la presente investigación.

RESUMEN

El algarrobo (*Prosopis pallida*) es una especie forestal perteneciente a la familia Fabaceae que se encuentra ampliamente distribuida por los departamentos de Ancash, La Libertad, Piura y Tumbes donde juega un rol muy importante a nivel ambiental, social y económico. No obstante, se ha venido produciendo un fenómeno que los especialistas han catalogado como el “declinamiento del algarrobo” cuyas causas se ven favorecidas principalmente por el cambio climático. Esto ha traído consigo que a nivel biótico aparezcan dos plagas claves (*Heteropsylla texana* y *Enallodiplosis discordis*) cuyos estragos favorecen en demasía con este problema. En tal sentido, se realizó una búsqueda en las bases de datos biológicos de NCBI y Uniprot de los genes y proteínas asociados a la resistencia del algarrobo a plagas claves. Los resultados indican que a nivel de la subfamilia Caesalpinioideae existen nueve grupos de proteínas relacionadas con la resistencia natural de las plantas (ureasas, fosfolipasas A2, aleno óxido sintasas, inhibidores de amilasas, lipoxigenasas, glutatión S-transferasas, inhibidores de tripsina, lectinas y peroxidasas) y que la especie más cercana a *P. pallida* donde se han reportado proteínas entomotóxicas es *Prosopis juliflora*, sugiriendo de este modo que estas proteínas pueden ser utilizadas como marcadores moleculares a fin de seleccionar plantas elites de manera temprana que puedan responder mejor al ataque de *H. texana* y *E. discordis*.

Palabras claves: *Prosopis pallida*, *Prosopis juliflora*, proteínas entomotóxicas

ABSTRACT

The Prosopis tree (*Prosopis pallida*) is a forest species belonging to the Fabaceae family that is widely distributed throughout the departments of Ancash, La Libertad, Piura and Tumbes, where it plays a very important role at environmental, social and economic level. However, a phenomenon has been taking place that specialists have classified as the "decline of the Prosopis tree" whose causes are mainly favored by climate change. This has brought about the appearance of two key pests at the biotic level (*Heteropsylla texana* and *Enallodiplosis discordis*) whose breakouts enhances this problem. In this sense, a search was made in the biological databases of NCBI and Uniprot of the genes and proteins associated with the resistance of the Prosopis tree to key pests. Thus, at the level of the Caesalpinioideae subfamily, it was found that there are 9 groups of proteins related to the natural resistance of plants (ureases, phospholipases A2, allene oxide synthases, amylase inhibitors, lipoxygenases, glutathione S-transferases, trypsin inhibitors, Lectins, Peroxidases) and that the closest species to *P. pallida* where entomotoxic proteins have been reported is *Prosopis juliflora*, thus suggesting that these proteins could be used as molecular markers in order to select elite plants early so that they can respond better to the attack of *H. texana* and *E. discordis*.

Key words: *Prosopis pallida*, *Prosopis juliflora*, entomotoxic proteins

ÍNDICE

I. INTRODUCCIÓN	1
II. MARCO TEORICO	4
2.1. El Algarrobo	4
2.1.1. Clasificación científica	4
2.1.2. Morfología	4
2.1.3. Distribución geográfica	5
2.1.4. Biología.....	6
2.1.5. Fisiología del algarrobo	7
2.1.6. Hábitat natural	8
2.1.7. Valor nutricional del algarrobo.....	9
2.1.8. Características de la madera	10
2.1.9. Usos	10
2.2. Plagas claves.....	11
2.2.1. <i>Heteropsylla texana</i> Crawford.....	11
2.2.2. <i>Enallodiplosis discordis</i>	14
2.3. Genes de resistencia a plagas	21
2.3.1. Mecanismo de resistencia en las plantas.....	21
2.3.2. Tipos de resistencia.....	22
2.3.3. Resistencia sistémica inducida	23
2.3.4. Jasmonatos	23
2.3.5. Biosíntesis de los jasmonatos	24
2.3.6. Inhibidores de proteasas	24
2.3.7. Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)	25
2.3.8. Técnicas en la separación de macromoléculas	25
2.3.9. Marcadores moleculares	27
2.3.10. Microsatélites o secuencias simples repetidas (SSR)	27
2.3.11. Polimorfismo de nucleótido único (SNP).....	27
2.3.12. Secuenciamiento del ADN	28
III. MATERIALES Y MÉTODOS	29
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	30
4.1. Proteínas estudiadas en la familia Fabaceae.....	30

4.2. Correlación de las proteínas vs función.....	33
4.3. Descripción de las proteínas	37
V. CONCLUSIONES	65
VI. RECOMENDACIONES.....	66
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1	<i>Composición química de la pulpa de fruta de Prosopis pallida</i>	10
Tabla 2	<i>Características de las proteínas reportadas como aleno óxido sintasa en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	37
Tabla 3	<i>Características de las proteínas reportadas como inhibidores de amilasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	38
Tabla 4	<i>Características de las proteínas reportadas como glutatión S-transferasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	39
Tabla 5	<i>Características de las proteínas reportadas como lectinas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	42
Tabla 6	<i>Características de las proteínas reportadas como inhibidores de tripsina en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	49
Tabla 7	<i>Características de las proteínas reportadas como lipoxigenasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	52
Tabla 8	<i>Características de las proteínas reportadas como peroxidadas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	55
Tabla 9	<i>Características de las proteínas reportadas como fosfolipasas A2 en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	62
Tabla 10	<i>Características de las proteínas reportadas como ureasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022</i>	63

ÍNDICE DE FIGURAS

<i>Figura 1.</i> Número de proteínas reportadas en <i>Prosopis pallida</i> , otros <i>Prosopis</i> , <i>Caesalpinioideae</i> y <i>Fabaceas</i> . Trujillo, 2022.....	30
<i>Figura 2.</i> Porcentaje de proteína revisas en la familia <i>Fabaceae</i> . Trujillo, 2022.	31
<i>Figura 3.</i> Porcentaje de proteína revisas en la subfamilia <i>Caesalpinioideae</i> . Trujillo, 2022.....	31
<i>Figura 4.</i> Porcentaje de proteína revisas en el género <i>Prosopis</i> . Trujillo, 2022.	32
<i>Figura 5.</i> Porcentaje de proteína revisas en <i>Prosopis pallida</i> . Trujillo, 2022.	32
<i>Figura 6.</i> Grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en especies de la subfamilia <i>Caesalpinioideae</i> . Trujillo, 2022.	33
<i>Figura 7.</i> Participación en términos porcentuales de los grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en especies de la subfamilia <i>Caesalpinioideae</i> . Trujillo, 2022.	34
<i>Figura 8.</i> Especies de la subfamilia <i>Caesalpinioideae</i> donde se han reportado proteínas ligadas a resistencia de plantas a insectos. Trujillo, 2022.	35
<i>Figura 9.</i> Participación en términos porcentuales de los grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en <i>Senna tora</i> . Trujillo, 2022. Fuente: Uniprot. Elaboración propia.....	36
<i>Figura 10.</i> Participación en términos porcentuales de los grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en otras especies. Trujillo, 2022.....	36
<i>Figura 11.</i> Inhibidor de alfa-amilasa DR4 (Fragment). Trujillo, 2022.....	63
<i>Figura 12.</i> Lectina específica de manosa/glucosa. Trujillo, 2022.	64
<i>Figura 13.</i> Lectina (DRL) (Fragmento). Trujillo, 2022.....	64
<i>Figura 14.</i> Inhibidor de tripsina (CITI) (Fragmento). Trujillo, 2022.....	64

I. INTRODUCCIÓN

En el Perú existe cerca de 3 millones de hectáreas de bosques secos ubicados en la costa norte del país (SERFOR, 2015). En esta área geográfica una de las especies más relevantes es el algarrobo (*Prosopis pallida* K.), un árbol de la familia Fabaceae que proporciona leña, madera, carbón y frutos que son utilizados para obtención de harinas, algarrobinas y otros derivados (Cuentas y col., 2017). Los frutos son ricos en proteínas, fibras, minerales, azúcares y vitaminas del grupo B (Espinoza y col. 2014). Así pues, las exportaciones realizadas para el año 2017 de los diferentes productos obtenidos a partir del algarrobo alcanzaron una suma cerca de los USD 400 000 FOB (Trademap, 2019). Más aún, la cantidad de madera que se consigue en periodos de 15 años es de alrededor de 100 ton/ha (FAO, 2014), en promedio representa un valor monetario de USD 200 000, es decir, que en el país anualmente es posible un flujo de efectivo de USD 40 billones en la economía nacional debido a transacciones relativas a la venta de madera de algarrobo (Kees y col., 2016). Por otro lado, se ha reportado que para la costa norte del país cerca del 40 % de las familias de zonas rurales están vinculada directamente a esta especie (Correo, 2019). Ahora bien, el ecosistema donde encontramos algarrobo reúne una enorme diversidad de organismos que han ido evolucionando en conjunto, de hecho, estamos tratando con un área natural. En el caso particular de artrópodos se han reportado una asociación de 129 especies de insectos repartida en diferentes órdenes y familias. La categoría de insectos plagas en términos relativos es la más numerosa respecto al grupo, lo que indica, que en algarrobo es posible encontrar 44% de insectos que están causando o pueden causar un daño significativo (Juárez y col.,

2016). A decir verdad, un problema que está preocupando a las comunidades campesinas y en general a las entidades involucrados con esta especie forestal es el declinamiento de los árboles, cuya causa biótica involucra a 2 plagas claves. La primera se trata de un insecto de la familia Psyllidae, *Heteropsylla texana* conocido comúnmente como el Psílido del algarrobo. Este insecto se ubica en brotes tiernos y foliolos succionando la savia de la planta e inyectando saliva fitotóxica. En consecuencia, defolia la planta, encrespa los brotes, altera el crecimiento, causa un marchitamiento que es análogo a una muerte regresiva y en última instancia genera la muerte de la planta (Mormontoy, 2015). La segunda plaga pertenece a la familia Cecidomyiidae, *Enallodiplosis discordis*, cuyas larvas se encuentran en los foliolos del árbol realizando raspaduras a fin de alimentarse, esto genera que estos tejidos se necrosen y se produzca una defoliación intensa del árbol afectado (Llontop y col, 2014).

En ese contexto, las especies forestales como el algarrobo han sido poco estudiadas a nivel genético o proteómico y básicamente se desconoce mucho acerca de su potencialidad. De hecho, es inimaginable montar un programa de mejoramiento genético para especies de ciclos tan largos. No obstante, con los avances en biotecnología y biología molecular, actualmente se puede realizar una serie de estudios en el ámbito de ómicas que aporten información relevante sobre las características de selección con el objeto de predecir con mayor fiabilidad las poblaciones elites a establecer. Por tanto, se han reportado una serie de proteínas relacionadas a la respuesta defensiva que tienen de las plantas frente al ataque de agentes exógenos como los insectos fitófagos. Estas proteínas son expresadas por diferentes genes de resistencia cuyas secuencias nucleónicas en el ADN pueden

servir como marcadores moleculares de modo de poder utilizarlos como herramientas en la identificación de materiales promisorios que respondan mejor a la infestación de las plagas claves como *Heteropsylla texana* o *Enallodiplosis discordis*.

Con base en lo anterior, el objetivo del trabajo fue caracterizar molecularmente la resistencia de algarrobo *Prosopis pallida* K. (Fabaceae) a plagas claves.

II. MARCO TEORICO

2.1. El Algarrobo

2.1.1. Clasificación científica

Reino: Plantae

Subreino: Traqueobionta

Superdivisión: Spermatophyta

División: Magnoliophyta

Clase: Magnoliopsida

Subclase: Rosidae

Orden: Fabales

Familia: Fabaceae

Género: *Prosopis* L.

Especie: *Prosopis pallida* (Humb. & Bonpl. ex Willd.) Knuth
(USDA, 2020).

2.1.2. Morfología

El algarrobo puede llegar a tener una altura entre 3 -18 m, sus ramas presentan espinas en los nudos con longitudes de hasta 4 cm, el tronco es vigoroso oscilando en diámetros de 40-80 cm, inclusive puede lograr diámetros de 2 m en estado de madures avanzada. Las hojas son compuestas bipinnadas con disposición alterna, así pues, los folíolos son lineales obtusos y mucronado, tienen dimensiones de 3 x 8 y en la ramificación de cada par existen glándulas cupuliformes. Asimismo, las flores están agrupadas en inflorescencias de 8-14 cm de largo y 2.3 cm de ancho. Son hermafroditas subsésiles de color amarillo-

verdoso, el cáliz es sublobado, agudo y los pétalos son lanceolados de 2-3 cm de largo, poseen 10 estambres que sobresalen la corola. Ahora bien, los frutos son alargados, rectos o medios curvos y apiculados, de color amarillo paja y con 10-28 cm de largo y 11-13 cm de ancho. Las semillas son de color pardo, son ovoides con una longitud y ancho de 6-7 mm y 2-4 mm, respectivamente y llegar a pesar ente 0.25 – 0.30 g (Caravia, 2013).

2.1.3. Distribución geográfica

- **Distribución mundial**

Esta especie es oriunda de los desiertos costeros del Perú, Ecuador y Colombia. Actualmente, debido a su introducción desde hace aproximadamente 2 siglos, se encuentra distribuida en Bolivia, Puerto Rico, Hawai, Brasil, Sudáfrica, Pakistán, India, Australia y en el Sahara. Así pues, en estos países la especie se ha asilvestrado y en muchos lugares está siendo cultivada (Dostert y col., 2012). Por otro lado, el género *Prosopis* ha sido encontrado en 129 países alrededor del mundo (Persia y col., 2016).

- **Distribución nacional**

En el Perú se ha reportado su presencia en 13 departamento que van desde Tacna hasta Tumbes, no obstante, se cree que existe una restricción en la costa norte del país que va desde Ancash hasta Tumbes observándose un mayor número de algarrobos en el valle de Jequetepeque (Dostert y col., 2012)

2.1.4. Biología

Esta especie posee características únicas que le permiten habitar ambientes donde ninguna otra tendría opción de hacerlo. Así pues, un árbol de algarrobo empieza a producir semilla entre el segundo y quinto año, verano en zonas subtropicales y todo el año en el trópico, incrementándose conforme va ganando altura. Cada inflorescencia agrupa entre 200-400 flores, asimismo, se pueden encontrar una o varias decenas de vainas por inflorescencia y en cada vaina de 15-30 semillas. Estas vainas son indehiscentes y suelen caer al suelo cuando alcanzan la madurez sirviendo de alimento para el ganado u animales silvestres. Si es consumido por algún animal se produce una especie de escarificación de la semilla que al ser defecada se encuentra en condiciones de germinar tan pronto como encuentre la humedad necesaria. No obstante, si las vainas se mantienen en el suelo estas se descomponen y la semilla pasa al suelo donde se almacena con una fuerte dormancia esperando condiciones óptimas para germinar. Además, estas vainas tienen la capacidad de flotar en agua lo que significa que puede ser transportadas hacia otros lugares. En efecto, una vez germinada la semilla, termina por aparecer la plántula que tiende a formar su raíz a una tasa acelerada, al llegar a la adultez ha alcanzado una profundidad de hasta 80 m que le permite tomar el agua desde la napa freática, asimismo, sus raíces laterales se extienden hasta 30 m para aprovechar las precipitaciones que se producen en ciertas épocas. Así pues, el algarrobo es una especie muy longeva, existiendo reportes

de individuos que han alcanzado una edad promedio de 33-44 años e inclusive se han registrado periodos de hasta 1000 años. (Klinken y col., 2009).

2.1.5. Fisiología del algarrobo

Es capaz de succionar el agua que se encuentra retenido muy fuertemente en los sólidos del suelo y debido a la baja resistencia que ejercen sus estructuras puede redistribuirla muy rápidamente hacia los órganos que se encuentren activos. Asimismo, al realizar ajustes osmóticos las células permanecen turgentes manteniéndose con vida en periodos largos de estrés hídrico, las estomas son muy sensibles a los déficits de presión de vapor de agua, sin embargo, pueden estar abiertos en niveles muy bajos de potencial hídrico continuando así con los procesos fotosintéticos. No obstante, si se llegan a cerrar el enfriamiento de las hojas se produce gracias a las características diminutas de los folíolos (Gallaber y col, 2010). Así pues, esta dinámica transpiratoria es la que permite que la planta se encuentre realizando fotosíntesis todo el tiempo logrando un Intercambio Neto de Carbono (INC) de hasta $40 \text{ mg CO}_2 \text{ dm}^{-2} \cdot \text{h}^{-1}$ superando a cualquier planta en el desierto inclusive se ha determinado que a un valor de irradiancia de $1780 \mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ es recién en donde se alcanza la saturación lumínica (Passera, 2000).

2.1.6. Hábitat natural

- **Climáticos**

La altitud en la que se puede desarrollar es desde el nivel del mar hasta los 800 MSNMM. No obstante, hay mejores resultados en altitudes entre los 50-400 MSNMM. Existe una evaporación máxima excesiva que está alrededor de los 114 mm/mes así como un fotoperiodo de 8/16 y una velocidad del viento de 17 km/hora. En cuanto a la temperatura, cuando está descendiendo por debajo de los 5°C se produce la muerte de árbol por congelación de los fluidos internos. Así pues, es adecuado un clima templado con tendencia al calor y sin presencia de sequías extremas (Valdivia, 2018).

- **Edáficos**

En definitiva, las condiciones edáficas no son una limitante para el establecimiento de esta especie, pudiendo encontrarse algarrobos en diferentes tipos de suelos como arenosos, arcillosos, pedregosos, superficiales, calcáreos e inclusive salinos. De igual manera ocurre con la topografía del terreno pudiendo ser esta desde plana hasta ondulada. Esto, sin duda, no sería posible sin la característica de su sistema radicular que le permite obtener agua de capas muy profundas, reportándose extensiones de pivotes de hasta 50 m (Valdivia, 2018).

- **Fenología**

En relación a las fases fenológicas de *Prosopis pallida* se describen 6 etapas, las mismas que se comentan a continuación:

Defoliación: pérdida de hojas parcial o totalmente de manera paulatina.

Foliación: aparición de hojas en la planta.

Inflorescencia: sucede la presencia de agrupación de flores en racimos con forma de espigas.

Floración: se produce la apertura de las flores presentes en las inflorescencias.

Fructificación: aparecen las primeras vainas con longitud de 1-2 cm.

Maduración: los frutos adoptan un color amarillo paja o amarillo marrón (MINAGRI, 2012).

2.1.7. Valor nutricional del algarrobo

La pulpa está constituida por el exocarpo y el mesocarpo que en conjunto representa el 56 % del peso del fruto, así pues, se ha investigado esta fracción encontrándose una cantidad de fibra soluble e insoluble de 1.6 % y 30.6% respectivamente. Además, 2.2 % de proteínas, sacarosa en 46.35 % y una cantidad considerables de minerales y otras sustancias (Rochina, 2016). En el Tabla N°1 podemos observar la composición química de la fruta.

Tabla 1*Composición química de la pulpa de fruta de Prosopis pallida*

Componentes	g/100 g en base seca
Sacarosa	46.35
Fibra dietaria total	32.33
Insoluble	30.60
Soluble	1.62
Proteína	8.11
Azúcar reductor	2.14
Pectina	0.80
Grasa	0.77
Polifenoles solubles totales	0.82
Minerales	mg/100 g en base seca
Potasio	2650
Sodio	113
Calcio	75.9
Magnesio	90.4
Hierro	33.0

Fuente: Grados, N. (2013).

2.1.8. Características de la madera

La albura y el duramen son de color crema y marrón oscuro, respectivamente. Los anillos están diferenciados por ligeras bandas oscuras irregulares, la madera posee un olor aromático. Además, el grano es entrecruzado, cuenta con resistencia moderada, textura fina, brillo medio y una densidad de 730 kg/m³ (Casas, 2014).

2.1.9. Usos

Son muchos los fines que se les da a los productos y subproductos del árbol, la madera es considerablemente dura por lo que es utilizada en trabajos de construcción civil, así como en la elaboración de una

infinidad de utensilios. El carbón vegetal de esta especie es muy demanda por las pollerías de las ciudades más desarrolladas del país, asimismo los pobladores utilizan la ramas y troncos como fuente de leña para sus casas, panaderías u ladrilleras (Llanos, 2010). Por otro lado, las hojas y frutos son una excelente fuente de alimento para el ganado caprino y vacuno, además de los frutos se obtiene la algarrobina y la harina de algarrobo que son aprovechados en la alimentación humana (Quispe, 2014).

2.2. Plagas claves

2.2.1. *Heteropsylla texana* Crawford

2.2.1.1. Taxonomía

Reino: Animal

Filo: Arthropoda

Clase: Insecta

Orden: Hemiptera

Familia: Psyllidae

Subfamilia: Ciriacreminae

Género: Cryptotermes

Especie *Heteropsylla texana* Crawford (NCBI, 2019).

2.2.1.2. Morfología de los Psílicos

Los adultos miden de 1 a 10 mm y se parecen mucho a las cigarritas, tiene ojos compuestos bien desarrollados y 3 ocelos. El protórax es menos robusto que el mesotórax. Las alas anteriores son bifurcadas en las venas M y CUI. Las alas

posteriores son más cortas y membranosas. Por otro lado, las patas posteriores propias para el salto; tienen 2-tarsos segmentados, las metacoxas están rígidamente fijadas al metatórax y, a menudo lleva un cuerno posterior, el meracanthus. Los dos primeros esternitos abdominales, se reducen resultando en una clara separación del tórax y abdomen. El abdomen tiene a menudo una placa caudal esclerotizada con el anillo circunanal y el ano, los cuales son terminales o ventrales. Asimismo, tienen el abdomen relativamente reducido, presentando los órganos reproductores externos notablemente desarrollados. A pesar de que los machos y las hembras son aparentemente semejantes, es fácil reconocerlas por el aspecto de sus respectivas gónadas; en las hembras es puntiaguda para atrás, los machos el ápice del abdomen se muestra con el vértice hacia arriba. Los estadios ninfales en su forma adulta son aplanadas dorsoventralmente. Así pues, los primeros 3 estadios ninfales están provistas de tecas alares por lo general unas tantas alargadas, dispuestos horizontalmente a los lados del tórax (Díaz, 2011).

2.2.1.3. Hospederos

Según los experimentos llevados por (Donnelly, 2002) los hospederos de este insecto son *Posopis pallida*, *P. glandulosa*, *P. velutina* y *Dichrostachys spinaca*. Además, se

ha reportado en plantas de *Atamisquea emarginata*, *Monarda citriodora*, *Pithecolobium sp.*, *Prosopis chilensis*, *Prosopis juliflora* y *Sphaeralcea angustifolia* (Psyl'list, 2019).

2.2.1.4. Biología de los Psílicos

Este grupo de insectos tiene una metamorfosis incompleta, es decir, en su vida pasa por 3 estados de desarrollo, huevos, ninfa y adulto. Los huevos, dependiendo de la especie, son colocados en brotes tiernos, en la grieta de la corteza o en las hojas. Existe 5 estadios ninfales, estas secretan una cera que las protege de la desecación y mielecilla como resultado de su alimentación. Su saliva contiene sustancias fitotóxicas que altera la homeostasis de su hospedador y en el proceso puede hacer la función de vector transmitiendo algún fitopatógeno. En el caso del voltinismo, este va depender de la ubicación geográfica, así, para el hemisferio sur son polivoltinas y las generaciones son superpuestas y para el hemisferio norte son univoltinas con generaciones discretas. Además, otra característica interesante es que son específicas de su hospedero, por no decir que son manófagas y pues, se reproducen sexualmente (Díaz, 2011).

2.2.1.5. Distribución geográfica

En cuanto a su distribución a nivel internacional se ha registrado su presencia, aparte de Perú, en Estados Unidos,

México, Costa Rica, Nicaragua y El Salvador (Psyl'list, 2019).

2.2.1.6. Daño

Este insecto se ubica en los brotes tiernos, folíolos, inflorescencias y frutos tiernos. Allí se alimenta succionando la savia desde el floema lo que en consecuencia resulta en brotes necrosados, parecido a una muerte regresiva, defoliación y debido a que las ninfas inyectan saliva fitotóxica distorsiona la fisiología del cultivo causando alteraciones en el crecimiento, observado como un encrespamiento de los brotes y debilitamiento en general. En efecto, sin una medida de control el insecto llega a provocar la muerte de la planta sin ningún reparo (CONAF, 2019).

2.2.2. *Enallodiplosis discordis*

2.2.2.1. *Taxonomia*

Reino: Animal

Filo: Arthropoda

Clase: Insecta

Orden: Diptera

Familia: Cecidomyiidae

Subfamilia: Cecidomyiinae

Género: *Enallodiplosis*

Especie: *Enallodiplosis discordis* Gagné (ADW, 2022).

2.2.2.2. Morfología

2.2.2.2.1. Larva

Primer Instar

En este estado la larva tiene una longitud de 0.21 a 0.30 mm, 0.26 mm en promedio. Es de color translucido al inicio que luego vira a amarillo crema, el cuerpo es elipsoidal, convexo arriba con carena longitudinal dorsal en cada segmento. Abajo es plano y su segmentación es inconspicua. Posee una cabeza grande con un par de mandíbulas estiliformes alargadas. Asimismo, cuenta con 2 pares de espiráculos de los cuales el primero se ubica anteriormente en el protórax y otro dorsalmente en el octavo segmento abdominal (Gagné y Whaley, 2020).

Segundo Instar

La larva de segundo instar mide de 0.70 a 0.82 mm, 0.75 mm en promedio. Su color va desde amarillo crema oscuro a rojo pálido. Cuerpo ovoide arriba, plano abajo, con segmentación inconspicua pero definida por el sistema perineustico y el patrón papilar. La cabeza está orientada ventralmente y posee un par de mandíbulas estiliformes alargadas. Los espiráculos ubicados en el octavo segmento abdominal son más grandes, presenta seis papilas dorsales con setas largas y gruesas presentes en todos los segmentos torácicos y abdominales, excepto

2 en el octavo segmento abdominal. Dos pares de papilas pleurales presentes en los segmentos abdominales torácico y del primero al octavo, el más dorsal de cada par con una seta similar a la de las setas dorsales, la diminuta seta pleural más ventral, apenas más largo que el ancho de la base de la papila. Ocho papilas terminales, las 4 más dorsales con setas tan largas como las setas dorsales, las 4 más ventrales sin setas. Papilas en el vientre no aparentes (Gagné y Whaley, 2020).

Tercer Instar

Las larvas en tercer instar poseen una longitud de 1.1 a 2.4 mm, 1.8 mm en promedio. El color va de amarillo a rojo, el cuerpo es en forma de uso y aplanado ligeramente dorsoventralmente, la segmentación es conspicua con cuarteto deseudópodos en la parte ventral del primer al séptimo segmento abdominal, tegumento completamente cubierto de verrugas. Cabeza orientada ventralmente, con un par alargado de mandíbulas estiliformes, apodemas cefálicos tan largos como la cápsula de la cabeza. Espátula con porción anterior extruida triangular, el eje posterior más débil, estrecho, de longitud variable. Papilas como para el plan básico de Cecidomyiidi. Las 6 papilas dorsales con largas setas presentes en todos los segmentos torácicos y

abdominales, excepto 2 en el octavo segmento abdominal. Papilas pleurales con setas tan largas como las papilas dorsales. Segmento terminal con 8 papilas: 6 con setas tan largas como la anterior dorsal y pleurales, 2 con setas algo más cortas. Protórax con un par de papilas esternales y, a cada lado de la línea media, un par de papilas laterales, una con setas cortas, la otra sin ninguna, y una papila ventral con setas cortas. Papilas ventrales y esternales no aparentes en el cuerpo posterior al primer segmento abdominal. Ano bien definido en venter (Gagné y Whaley, 2020).

2.2.2.2.2. Adultos

Hembra

En los adultos se presenta un dimorfismo donde las hembras se caracterizan por ser de color naranja con una longitud de 0.83 mm en promedio y una extensión alar de 2.4 mm. Sus antenas cuentan con 7 flagelos, el abdomen es ovalado y normalmente pululan por las hojas del algarrobo (Chipana, 2019).

Macho

El macho tiene una longitud en promedio de 1.1 mm y una extensión alar de 1.9 mm, abdomen de forma alargada. Asimismo, el cuerpo es de color un poco más oscuro que las hembras, sus antenas están compuestas

por 24 flagelos y el su abdomen es de forma alargada.

Usualmente se encuentran volando por la hoja rasca en la base de los árboles (Chinapa, 2019).

2.2.2.3. Comportamiento

Oviposición

Las hembras de *E. discordis* caminan entre las hojas ubicadas cerca al raquis y los folíolos o pinnas, depositando de 50 a 80 huevos en los foliólulos. Estos huevos son translúcidos de color amarillo pálido a blanco, oblongos en forma y de 50 um de tamaño. Las hembras ovipositan los huevos en las parte superior e inferior de los foliolulos. No obstante, cuando se avecinan meses caluros las partes bajas son las más preferidas. Una vez que la hembra logra ovipositar los huevos, estos eclosionan después de 1-3 días; permaneciendo la larva en el mismo lugar. Luego de 2-3 días las larvas alcanzan una longitud de 150 a 200 um con un color translucido amarillo pálido. La densidad larval va de 1 a 3 larvas por foliolulo, aunque en condiciones severas este puede llegar hasta 20 larvas por foliolulo; lo que equivale a 440 larvas por hoja (Whaley y col., 2020).

Desarrollo

El desarrollo se produce alrededor de todo el año, sin embargo, en los meses calurosos que van de octubre hasta

abril se produce con mayor intensidad (Whaley y col., 2020).

Alimentación

Se ha observado que la larva es más activa durante la noche, abandona su posición diurna desde el segundo instar y migra hacia el lado abaxial de los foliolulos a fin de alimentarse y mudar. El hecho que la larva se movilice, está condicionado a la desecación u caída de los foliolulos. Así, para alimentarse esta tiende a desplegarse alrededor de los folioloulos e incluso atravesar las pinnas o foliolos. Este movimiento se realiza en horas de la noche y en la mañana, dado que esto coincide con bajas temperaturas, alta humedad relativa, mayor turgencia de las hojas, alta apertura estomatal y mejor flujo de la savia. Así pues, se cree que esta estrategia del insecto se debe al hecho de evitar la desecación y aprovechar las tasas metabólicas más altas del *Prosopis* a fin de alimentarse más eficientemente (Whaley y col., 2020).

Pupación

La larva en tercer instar una vez llegada la tarde procede a ubicarse en la parte distal de los foliolos, en donde se arquea hacia adelante y hacia atrás de modo de dejarse caer al suelo tras el anochecer, lo que se presume lo hace a fin de evitar la desecación y la predación por parte de las hormigas. Una vez aquí excava entre la hoja rasca y se profundiza alrededor de

15 – 25 mm. Durante un periodo de 12 horas la larva forma un cocón rudimentario, luego de 48 horas la pupa se torna de color anaranjado oscuro, con ojos negros y una longitud de 1-1.2 mm. Luego se completada la pupación, la pupa se torna de color marrón oscuro después de 60 a 70 horas (Whaley y col., 2020).

Emergencia y reproducción

Los adultos emergen a los 2 a 3 días en horas del amanecer desde las 5:45 a 6: 00 am y continúan hasta las 8:00 am. Los machos son atraídos por las hembras a través de feromonas y de manera visual por el abdomen rojo de las hembras, se cree que para liberar las feromonas las hembras despliegan su ovipositor al igual que otras especies de Cercidomyiidae, así pues, una vez que este proceso termina, la hembra retrae el ovipositor y deja de emitir la feromona. Los machos pululan alrededor de las hembras en pequeños grupos que se alternan libremente (5 a 15 cm de ancho) compitiendo por aparearse, la cópula dura aproximadamente de 2 a 4 segundos. La hembra parece aparearse solo una vez, pero los machos la bombardean. La hembra permanece en posición durante 5 a 20 minutos después de la cópula hasta que puede volar con las alas completamente extendidas, luego de lo cual vuela directamente hacia arriba, en espiral hasta encontrar el follaje

del árbol, a las 9:30 am ya casi todas las hembras han ascendido al follaje del algarrobo (Whaley y col., 2020).

2.2.2.4. Daño

Una vez que la larva elige su punto de alimentación esta se fija en dicho lugar y empieza a raspar el tejido a fin de alimentarse, esto produce que el foliólulo se necrose de una manera radial desde el punto de alimentación hasta abarcar toda la superficie, lo que posteriormente produce defoliación del árbol (Sánchez, 2021).

2.3. Genes de resistencia a plagas

Las plantas poseen una serie de genes ligados a la resistencia frente al ataque de agentes exógenos como insectos fitófagos, virus, bacterias, hongos, nematodos o caracoles. Así pues, por citar algunos ejemplos, en tomate se ha reportado un gen llamado Mi. 1-2 que le confiere resistencia frente a *Macrosiphum euphorbiae* y en trigo los genes Pto y Pti1 reducen los datos por *Diuraphis noxia* (Smith y Boyko, 2007)

2.3.1. Mecanismo de resistencia en las plantas

Las plantas han desarrollado diversas estrategias de defensa contra condiciones de estrés biótico y abiótico. Para defenderse del daño ocasionado por la herida y el ataque por insectos o microorganismos patógenos, las plantas sintetizan enzimas que degradan la pared celular de microorganismos o que tienen la capacidad de inactivar tóxicos de origen microbiano. La composición y la estructura de la pared celular vegetal también cambian, formando una barrera más

rígida y menos digerible para insectos. Estas respuestas de defensa a su vez, se combinan con el desarrollo de estructuras contra sus depredadores, tales como las espinas, las espigas, los tricomas y los pelos glandulares. Así mismo y como parte de la protección química, otra estrategia utilizada por las plantas es la producción de metabolitos secundarios (MS) con actividad antimicrobiana, en contra de herbívoros, o con actividad antioxidante (Dotor y Cabezas., 2014).

2.3.2. Tipos de resistencia

Las defensas de las plantas pueden ser directas o indirectas. Son directas cuando solo tiene lugar la interacción antagónica entre la planta y el insecto fitófago e indirectas cuando participan otros organismos represores del agresor, asimismo las defensas directas se dividen, artificialmente, en constitutivas e inducidas (Álvarez, 2015), constitutivas por el hecho de estar activas todo el tiempo, las mismas que van desde pelos glandulares y espinas hasta compuestos químicos repelentes, antinutritivos o toxinas, e inducidas cuando solo se generan después de producido un daño. No obstante, desde el punto de vista de activación la defensa indirecta es una defensa inducida (Zavala, 2010).

- **Defensas directas**

Una de las defensas contra insectos es la de los inhibidores de las proteasas digestivas. Estas proteínas inhibidoras, al ser ingeridas por lo insectos, inhiben la actividad de las enzimas (proteasas) encargadas de digerir las proteínas y disminuyen la asimilación

de aminoácidos por parte del insecto afectando su supervivencia, crecimiento y fecundidad (Zavala, 2010).

- **Defensas indirectas**

Frente al ataque de insectos las plantas responden produciendo compuestos volátiles, que atraen a insectos predadores o parasitoides que se alimentan del insecto agresor (Zavala, 2010).

2.3.3. Resistencia sistémica inducida

Es una respuesta natural en las plantas donde el objetivo principal es la protección contra el ataque de agentes extraños. Así, dentro de las características encontradas es que actúa a nivel local, sistémico y en un amplio espectro de organismos. Asimismo, este fenómeno conlleva al incremento de los niveles de ácido jasmónico con la posterior expresión de genes relacionados con la resistencia (Sotelo, 2017).

2.3.4. Jasmonatos

Los jasmonatos son todas aquellas derivaciones del ácido jasmónico incluyendo este último, se les ha encontrado un rol muy importante en cuanto a la señalización en situaciones de estrés biótico y abiótico. Estos compuestos pertenecen a la familia de las oxilipinas, ya que se derivan de ácidos grasos polinsaturados. Asimismo, uno de los más caracterizados ha sido el ácido jasmónico cuya estructura puede ser modificada dando origen a otros jasmonatos con funciones distintas, como el metil-jasmonato y el jasmonoil-soleucina implicados en la

comunicación celular y señalización per se respectivamente (Garnica y col., 2012).

2.3.5. Biosíntesis de los jasmonatos

La biosíntesis de los jasmonatos inicia tras liberarse ácido linoleico de los cloroplastos. Así pues, por la acción de la lipoxigenasa (LOX2), la aleno óxido sintasa (AOS) y la Aleno óxido ciclasa este compuesto es oxigenado, oxidado y ciclado respectivamente. Como resultado se obtiene el ácido 12-oxo-fitodienóico (OPDA), que luego se exporta al peroxisoma donde es reducido por la ácido oxo-fitodienóico reductasa 3 (OPR3). En seguida, pasa por 3 procesos de β -oxidación obteniéndose finalmente el ácido jasmónico (AJ). Ahora bien, una vez que el ácido jasmónico es transportado hacia el citosol, este se metila y se convierte en metil-jasmonato (MeJA) que se caracteriza por ser volátil. Asimismo, el ácido jasmónico se conjuga con isoleucina y forma jasmonoil-isoleucina (JA-Ile), el compuesto activo de los jasmonatos. (Garnica y col., 2012).

2.3.6. Inhibidores de proteasas

Una de las defensas contra insectos es la de los inhibidores de las proteasas digestivas. Estas proteínas inhibidoras, al ser ingeridas por los insectos, inhiben la actividad de las enzimas (proteasas) encargadas de digerir las proteínas y disminuyen la asimilación de aminoácidos por parte del insecto afectando su supervivencia, crecimiento y fecundidad (Zavala, 2010).

2.3.7. Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

La reacción en cadena de la polimerasa más conocida como PCR por sus siglas en inglés, es una técnica usada en biología molecular para multiplicar desoxirribosa a partir de muestras muy pequeñas, el equipo donde se lleva la reacción es un termociclador y los reactivos necesarios son cebadores, DNTPs, Taq, Mg²⁺, H₂O libre de nucleasas y buffers. Así, el proceso ocurre básicamente en 3 etapas: desnaturalización (95 °C), hibridación (50-60 °C) y extensión (72 °C). Actualmente existe dos tipos de PCR, PCR de punto final y PCR en tiempo real (qPCR), la diferencia fundamental es que en la primera no es posible cuantificar la cantidad de copias amplificadas y es necesario realizar pasos adicionales para revelar el éxito de la reacción (electroforesis). En cambio en la qPCR se monitorea cada ciclo de reacción pudiendo saber con exactitud la cantidad de amplicones y el éxito de la reacción conforme esta va ocurriendo sin acudir a pasos adicionales (Tamay y col., 2013)

2.3.8. Técnicas en la separación de macromoléculas

- **Electroforesis**

La electroforesis es una técnica utilizada muy a menudo en la separación de macromoléculas cargadas como las proteínas o el ADN, así pues, basa su funcionalidad en la emigración que sufren las moléculas tras ser sometidas en un campo eléctrico continuo, produciéndose una atracción por parte del cátodo y ánodo sobre

moléculas con cargas positivas o negativas, respectivamente (Jiang y col., 2014).

- **Electroforesis monodimensional (SDS-PAGE)**

En este tipo de electroforesis en gel de poliacrilamida se tiene en cuenta una sola propiedad, es decir, las proteínas únicamente se separan en función de su peso molecular (MW), así pues, se hace uso de un detergente dodecil sulfato de sodio (SDS) que al unirse a las proteínas genera que estas se desnaturalicen por completo, anulando las interacciones no covalentes. El resultado de esto es la adquisición de una misma carga eléctrica por todos los complejos proteína-SDS. Además, para averiguar el peso molecular de la proteína en estudio se utilizan marcadores con peso molecular conocido con el cual se realiza una contrastación (Giménez, 2018).

- **Electroforesis bidimensional (2D-PAGE)**

En la 2D-PAGE se trabaja con dos dimensiones, punto isoeléctrico y peso molecular. El primer paso es separar las proteínas a través de su punto isoeléctrico (pI), para ello se utiliza el isoelectrofonque (IEF) que consiste en formar tanto un gradiente de pH como de potenciales, así, debido al anfoterismo de las proteínas, la movilidad de estas hacia los cátodos o ánodos dependerá si el pH en la región donde se encuentra está por debajo o por encima de su punto isoeléctrico. En la segunda dimensión se realiza una discriminación de las proteínas en función de su tamaño utilizando la técnica SDS-PAGE. Por otro lado, aunque

se ha podido revelar proteínas que antes no se podía visualizar aún se presentan ciertas limitaciones en el análisis de proteínas hidrofóbicas y aquellas que poseen pH extremos (Delgado, 2018).

2.3.9. Marcadores moleculares

Un marcador molecular es cualquier sustancia característica de un organismo o de un proceso controlado a nivel genético, el marcador con el que se trabaja con mayor confiabilidad es el ADN. En este caso se evalúa el polimorfismo existente de secuencias de pares de bases presentes en los genomas de individuos de una población, y que justamente tiende a identificarlos (Azofeifa, 2006).

2.3.10. Microsatélites o secuencias simples repetidas (SSR)

Los microsatélites son secuencias repetidas en tándem de 1 a 5 pares de bases (pb), distribuidas por todo el genoma de forma al azar y en regiones codificantes y no codificantes. Son útiles para evaluar el polimorfismo entre individuos, para ello se hace uso de la técnica de la PRC (Arif y col., 2009).

2.3.11. Polimorfismo de nucleótido único (SNP)

Un SNP es una variación de un nucleótido en una secuencia determinada. Se sabe que no todas las variaciones son consideradas SNPs, la premisa es que esto ocurra en una frecuencia mayor al 1 % en la población. Estos marcadores están distribuidos uniformemente por el genoma, son abundantes y estables genéticamente. Por otra parte, las variaciones ocurren por transición o transversión, es decir, en el primer caso se refiere a una sustitución entre purina-purina o

pirimidina-pirimidina, lo segundo hace referencia a la sustitución tipo purina-pirimidina o pirimidina-purina. Se creía que estos fenómenos ocurrían de manera equivalentes. No obstante, se ha demostrado que hay una predominancia de las transiciones (Munnier, 2015).

2.3.12. Secuenciamiento del ADN

La desoxirribosa se sabe es una hebra de doble hélice compuesta por cuatro nucleótidos, es decir, adenina, guanina, timina y citosina. Así, el secuenciamiento del ADN consiste en averiguar el orden exacto de estos nucleótidos. En efecto, esta información nos permite conocer determinados procesos que van desde la deducción de una proteína hasta la detección de mutaciones. Para tal caso, es necesario contar con ciertos reactivos como la polimerasa, DNTPs, DDNTPs y cebadores. Entonces, a la cadena molde que queremos secuenciar se le hibrida el cebador y la polimerasa empieza a colocar DNTPs de modo que alarga la cadena complementaria hasta el punto en que la polimerasa coloca un DDNTP lo que significa la finalización de la síntesis, de echo los DDNTPs están marcado con fluoroforos de diferentes colores. Posteriormente, las secuencias son sometidas a un tipo de electroforesis en un tubo ultra capilar para luego ser incididas con un rayo láser que estimula a los DDNTPs marcados, emitiendo de esta manera una longitud de onda conocida que va distinguiendo cada nucleótido dando el orden en que se encuentran los nucleótidos (Thieman y col., 2010).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

En la búsqueda de la información se utilizó bases de datos biológicas como NCBI, EMBL, DDBJ, Uniprot, Swiss prot o PDB donde se encuentran depositados genomas, proteomas, secuencias de genes, proteínas, cromosomas, factores de transcripción, etcétera de la mayoría de organismos existentes en el planeta. Así, en el caso de las palabras de búsqueda utilizadas fueron “Fabaceae” “Caesalpinioideae” “Prosopis” “Prosopis pallida”. Estas palabras claves permitieron filtrar en Uniprot las proteínas reportadas en relación al grupo de interés. Ahora bien, dado que la familia Fabaceae contiene una cantidad exorbitante de proteínas descritas y al hecho que a nivel de especie en *Prosopis pallida* se encuentra una escasa información referente a proteínas de interés, se optó por trabajar a nivel de la subfamilia Caesalpinioideae, la cual incluye especies del género *Prosopis*, así como especies mucho más relacionadas a *Prosopis pallida*. Una vez que la información estuvo compilada en un archivo Excel se procedió a procesar todas las proteínas reportadas a nivel de subfamilia. En este caso se tuvo que realizar una búsqueda adicional para encontrar palabras claves de búsqueda de proteínas vinculadas con resistencia de plantas a insectos fitófagos. Así pues, en la obtención de las palabras claves de búsqueda se navegó en Google Scholar (GS) con palabras claves como “Plant defense” “Plant resistance” “Plant toxic proteins”. Lo que proporciono palabras claves como “Urease” “Phospholipase A2” “Allene oxide synthase” “Amylase inhibitor” “Lipoxygenase” “Glutathione S-transferase” “Trypsin inhibitor” “Lectins” “Peroxidase”, las mismas que con la ayuda de la opción de filtros avanzados y criterios de búsqueda en Excel sirvió para analizar mejor la información extraída de Uniprot.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Proteínas estudiadas en la familia Fabaceae

Como se puede observar en la Figura 1, en las bases de datos que almacenan información de proteínas como Uniprot se encuentran reportadas 1,223,278 proteínas para la familia Fabaceae. Una cantidad exorbitante dado que aquí se encuentran muchas especies de importancia alimenticia y económica. Así pues, estas proteínas están repartidas en 3 subfamilias, es decir, Caesalpinioideae, Mimosoideae y Papilionoideae (Galé y col., 2017). Curiosamente, la atención de los científicos recae menos en algunas de ellas, es así que para el caso de la subfamilia Caesalpinioideae solo se reportan 66,511 proteínas estudiadas. Ahora bien, en el caso de las proteínas reportadas en el género *Prosopis*, solo se encuentran 442 y para la especie *Prosopis pallida* solo 5 proteínas.

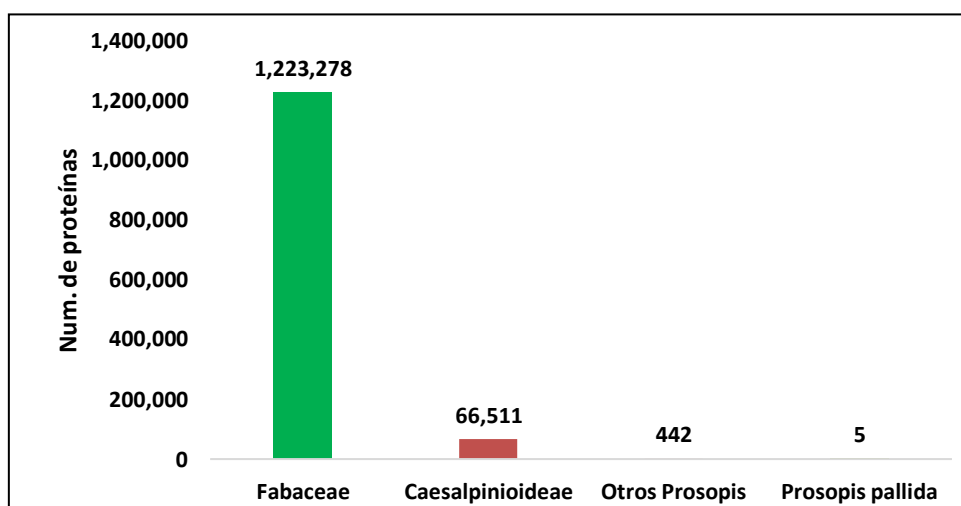


Figura 1. Número de proteínas reportadas en *Prosopis pallida*, otros *Prosopis*, *Caesalpinioideae* y *Fabaceae*. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot). Elaboración propia.

Por otro lado, si bien es cierto que podemos encontrar una buena cantidad de proteínas asociadas a especies de la familia Fabaceae, como que se puede verificar en la Figura 2, solo una pequeña parte ha sido revisada (0.17%). Lo mismo ocurre para el caso de la subfamilia Caesalpinioideae (0.06%) (Figura 3), el género *Prosopis* (0.67%) (Figura 4) y la especie *Prosopis pallida* (0.0%) (Figura 5).

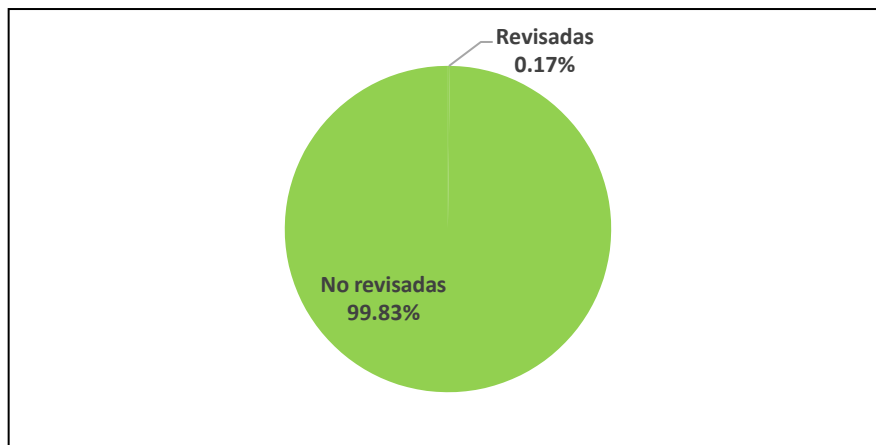


Figura 2. Porcentaje de proteína revisas en la familia Fabaceae. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

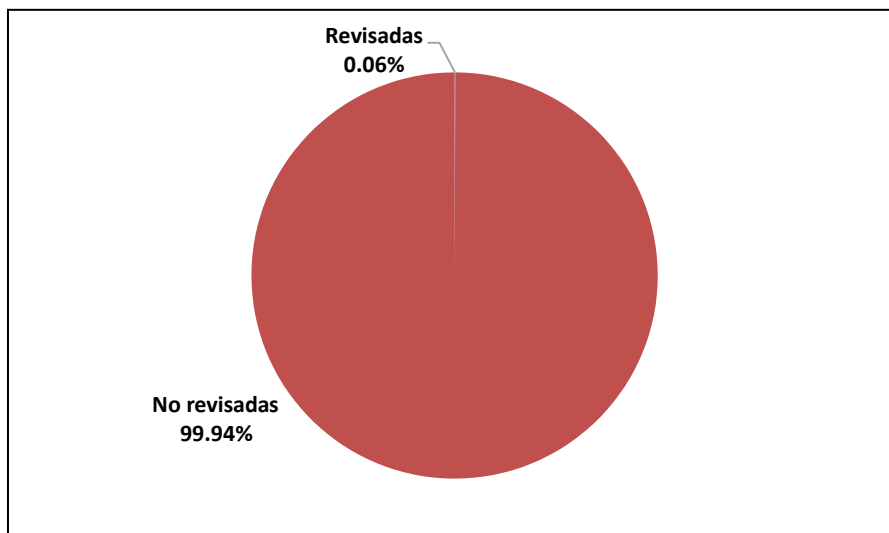


Figura 3. Porcentaje de proteína revisas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo, 2022.

(Fuente: Uniprot). Elaboración propia.

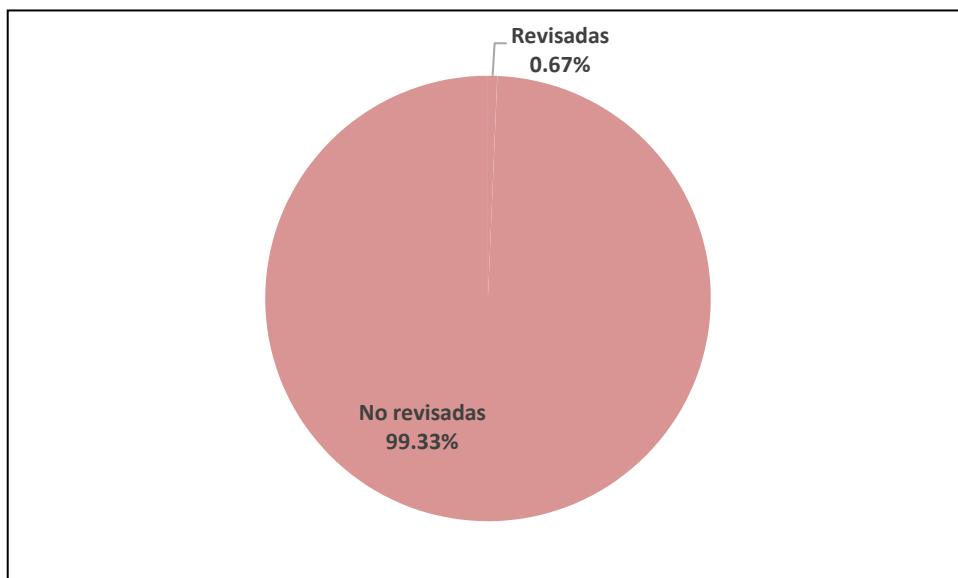


Figura 4. Porcentaje de proteína revisas en el género *Prosopis*. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

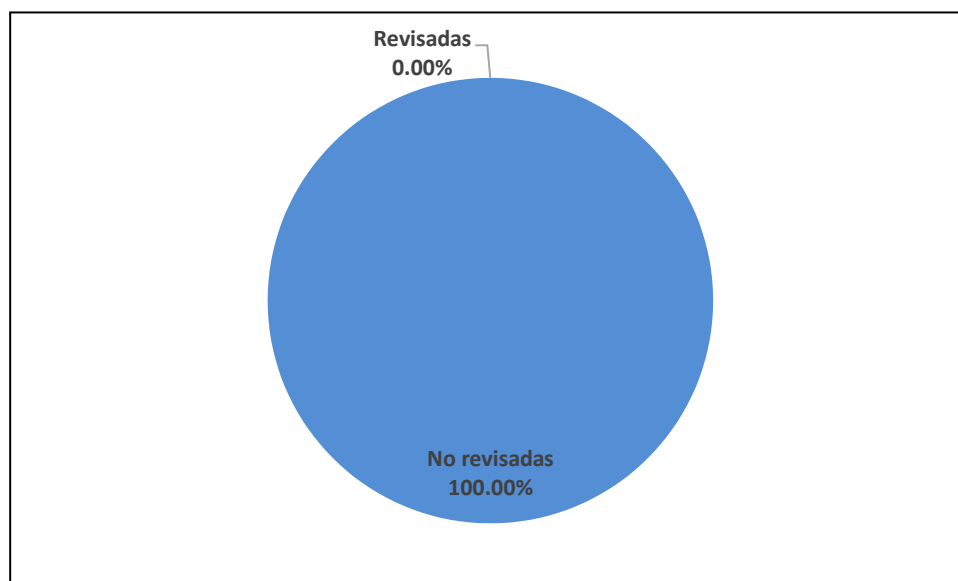


Figura 5. Porcentaje de proteína revisas en *Prosopis pallida*. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

4.2. Correlación de las proteínas vs función

En relación a la escasa información presente en las bases de datos de proteínas pertenecientes a especies del género *Prosopis*, así como a la abundante información a nivel de familia. Se optó por trabajar a nivel de la subespecie *Caesalpinioideae* que de acuerdo a la Figura 1 alberga 66,511 proteínas reportadas. En esta subfamilia podemos encontrar a la especie *Prosopis pallida*, así como a otras especies de *Prosopis* que han sido estudiadas a nivel proteómico. Cabe resaltar que muchas de las funciones de las proteínas contenidas a nivel de subfamilia están ligadas a funciones básicas como la fotosíntesis, respiración celular, osmoregulación, etcétera. Dado nuestro interés hemos identificado las proteínas que se encuentran estrechamente relacionadas a la defensa natural de las plantas, llámese resistencia. Así pues, como se observa en la Figura 06, se ha encontrado 339 proteínas repartidas en 9 clases o categorías de este tipo de proteínas, donde dichas categorías pertenecen a peroxidasas (121), lectinas (111), inhibidores de tripsina (43), glutatión transferasas (30), lipoxigenasas (19), inhibidoras de amilasas (7), aleno oxidasa sintasa (4), fosforilasas (3) y ureasas (1).

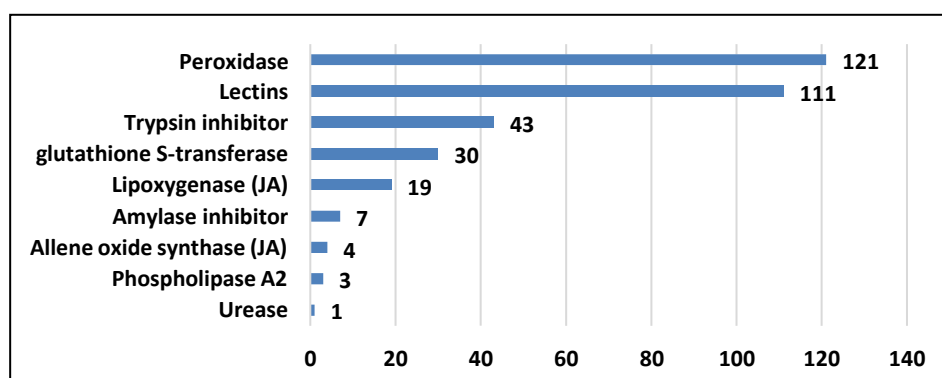


Figura 6. Grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en especies de la subfamilia *Caesalpinioideae*. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

En la Figura 7 podemos observar que la categoría que más proteínas alberga son las peroxidadas representando el 35.7 % de proteínas de defensa natural reportadas. Seguida de las lectinas, inhibidores de tripsina, glutatión transferasa y lipoxigenasas con 32.7%, 12.7%, 8.8% y 5.6 %, respectivamente. Los inhibidores de amilasa, aleno óxido sintasa, fosforilasa y ureasa solo representan el 2.1%, 1.2%, 0.9% y 0.3%, respectivamente.

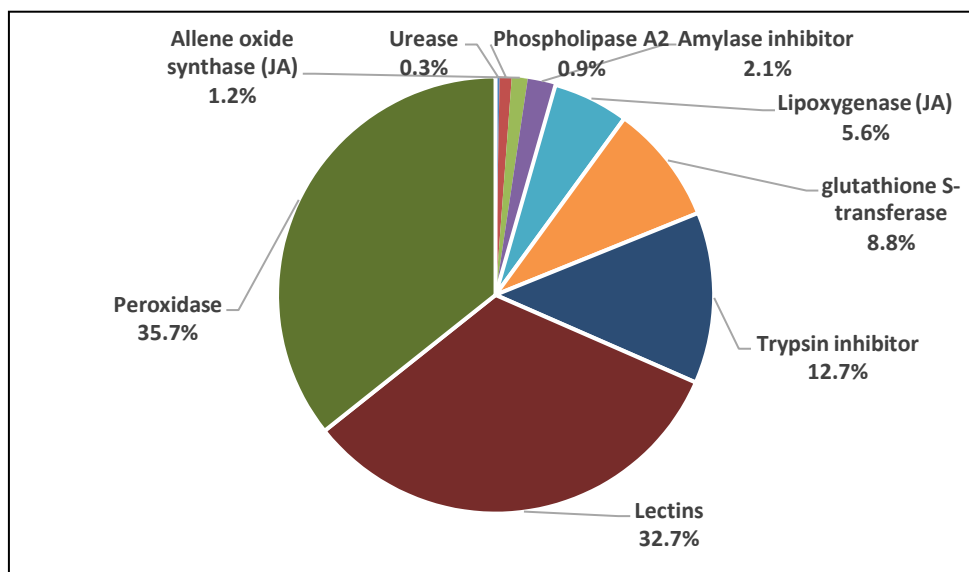


Figura 7. Participación en términos porcentuales de los grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en especies de la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

Así pues, como se puede constatar en la Figura 8 todas estas proteínas se han encontrado en 19 especies vegetales, las mismas que son *Senna tora*, *Delonix regia*, *Leucaena leucocephala*, *Senna obtusifolia*, *Albizia julibrissin*, *Adenanthera pavonina*, *Prosopis juliflora*, *Cassia leiandra*, *Albizia kalkora*, *Enterolobium contortisiliquum*, *Inga vera*, *Acacia confusa*, *Archidendron ellipticum*, *Inga laurina*, *Parkia platycephala*, *Vachellia farnesiana*, *Parkia pendula*, *Acacia sp.*, *Acacia mangium*. Dentro de las cuales la más estudiadas,

dado la cantidad de proteínas reportadas, ha sido *Senna tora* con 307 proteínas registradas en Uniprot que representa el 90.6% de las proteínas totales. En efecto, el 9.4% restante se reparte en las otras especies, incluyendo a *Prosopis juliflora* con 2 proteínas.

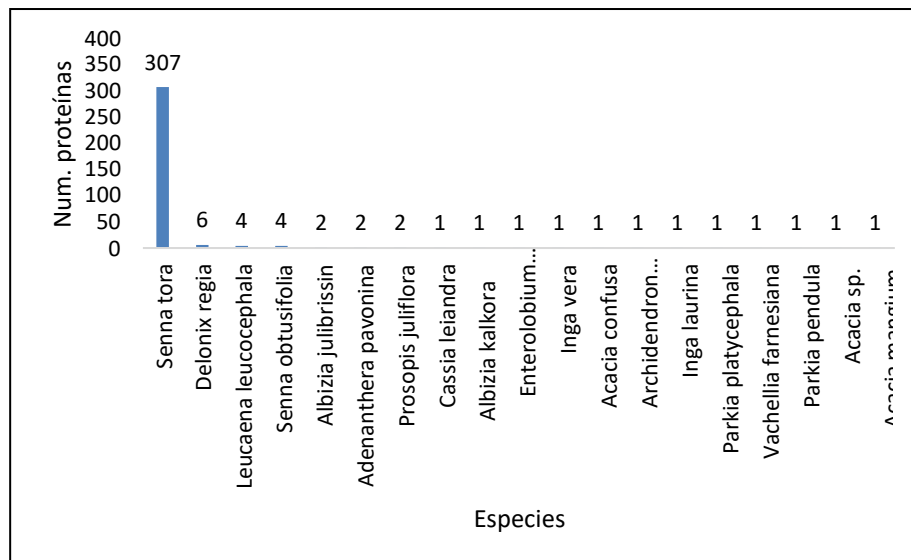


Figura 8. Especies de la subfamilia Caesalpinioideae donde se han reportado proteínas ligadas a resistencia de plantas a insectos. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

En tal sentido, como se puede observar en la Figura 9 la categoría de proteínas registradas en *Senna tora* que más proteínas alberga es la de peroxidasa con 37.8%, seguida por las lectinas (34.5%), glutatión transferasas (9.8%), inhibidores de tripsina (8.5%), lipoxigenasa (5.9%), aleno oxido sintasa (1.3%), inhibidor de amilasas (1%), fosfolipasas (1%) y ureasas (0.3%).

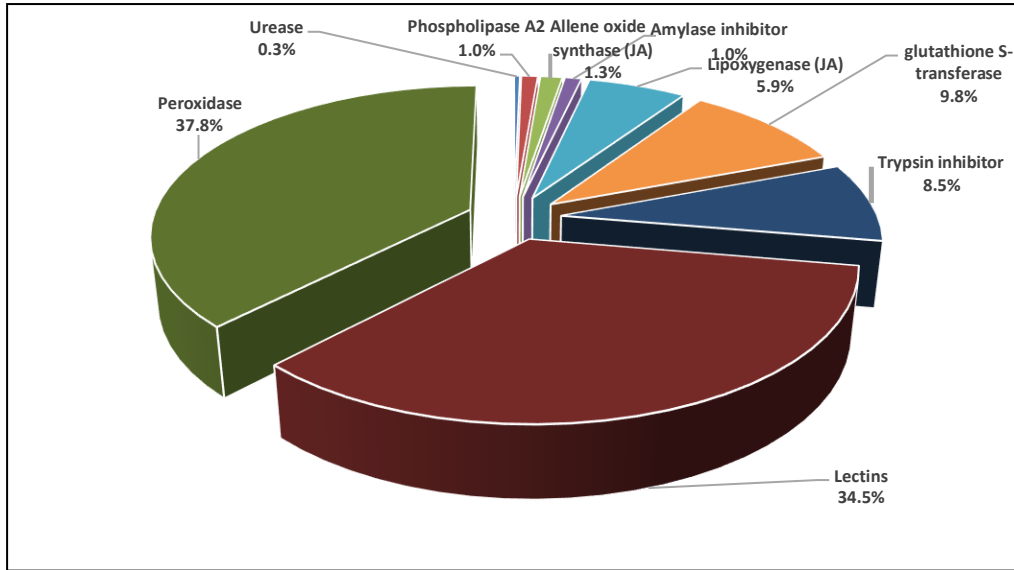


Figura 9. Participación en términos porcentuales de los grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en *Senna tora*. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

Por el contrario, en la Figura 10 podemos ver la que para las especies restantes las proteínas más representativas son las inhibidoras de tripsina con 54.5 %, seguida de las lectinas (15.2), peroxidadas (15.2%), inhibidoras de amilasas (12.1%) y lipoxygenasas (3%).

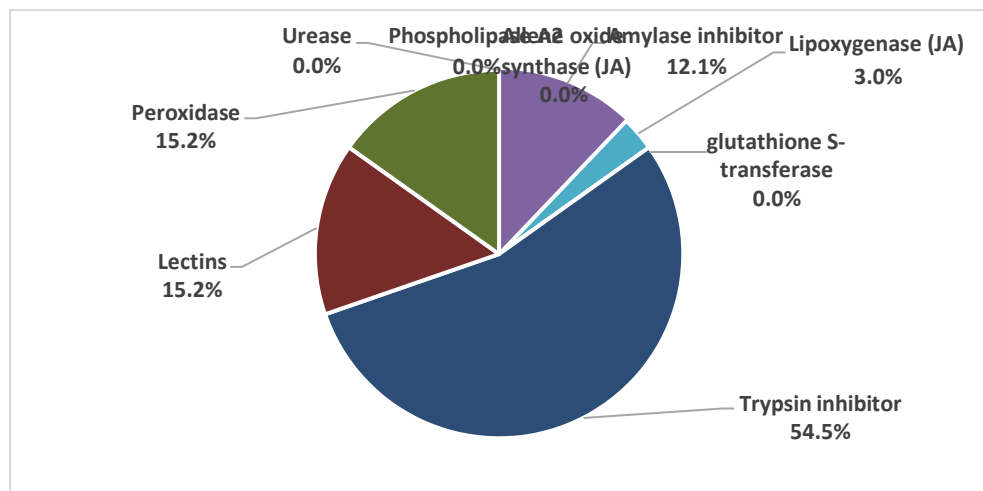


Figura 10. Participación en términos porcentuales de los grupos de proteínas relacionadas con defensa natural reportadas en otras especies. Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot. Elaboración propia.

4.3. Descripción de las proteínas

- **Aleno óxido sintasa**

De acuerdo con Ali y col. (2020) las aleno óxido sintasas son proteínas involucradas en la síntesis de ácido jasmónico, una hormona encargada de señalar las rutas metabólicas responsables de la respuesta de las plantas contra ataques exógenos (Ruan y col., 2019). Así, a la fecha se han reportado 4 proteínas de este tipo, cuyos identificadores se pueden obtener en la Tabla 2, A0A835CI74, A0A834T8X4, A0A834WN82, A0A834W9U1. Estas son proteínas que como tal han sido estudiadas en *Senna tora* y no se han curado ni manual ni in-silicamento por lo que su función no está aún determinada. No obstante, lo más probable en cuanto a este aspecto es su relación con la activación de las defensas naturales de la planta tras su participación en la biosíntesis de ácido jasmónico.

Tabla 2

Características de las proteínas reportadas como aleno óxido sintasa en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
A0A835CI74	Similar a la aleno óxido sintasa 3	G2W53_003198	494	55,524	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T8X4	Aleno óxido sintasa 1, cloroplástico	G2W53_031512	525	59,539	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WN82	Aleno óxido sintasa 1, cloroplástico	G2W53_012048	524	59,031	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W9U1	Similar a la aleno óxido sintasa 3	G2W53_031912	474	53,302	<i>Senna tora</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Inhibidor de amilasa**

Estas proteínas tienen un rol sumamente importante en la respuesta de las plantas al ataque de insectos, debido a que se encargan de inhibir diferentes enzimas que tienen como función hidrolizar el almidón que se encuentra

en las plantas, perjudicando así las funciones vitales de los insectos invasores con consecuencias críticas en la reducción de las demandas alimenticias u muerte del individuo (Li y col., 2021). Como se puede observar en la Tabla 3 se han reportado 7 proteínas de este tipo tanto en *Delonix regia* (4) y *Senna tora* (2), para los cual sus entradas son P86367, P86365 P86366, P86364, A0A834WBI8, A0A834T5M3, A0A834WAP3. Por citar el primer identificador (P86367) se trata de un inhibidor de alfa-amilasa con una secuencia de 22 aminoácidos y un peso molecular de 2,312 Da. Asimismo, la función principal que se le ha asignado es justamente la inhibir alfa-amilasas de insectos. Por lo que queda claro su enorme importancia en la participación de la respuesta defensiva de las plantas.

Tabla 3

Características de las proteínas reportadas como inhibidores de amilasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
P86367	Inhibidor de alfa-amilasa DR4 (Fragmento)	No reportado	22	2,312	<i>Delonix regia</i>	Inhibición de alfa-amilasas de insectos
P86365	Inhibidor de alfa-amilasa DR2 (Fragmento)	No reportado	14	1,483	<i>Delonix regia</i>	Inhibición de alfa-amilasas de insectos
P86366	Inhibidor de alfa-amilasa DR3 (Fragmento)	No reportado	19	2,071	<i>Delonix regia</i>	Inhibición de alfa-amilasas de insectos
P86364	Inhibidor alfa-amilasa DR1 (Fragmento)	No reportado	16	1,744	<i>Delonix regia</i>	Inhibición de alfa-amilasas de insectos
A0A834WBI8	Inhibidor de alfa-amilasa/transportador de lípidos/familia de proteínas de almacenamiento de semillas	G2W53_030351	105	11,695	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T5M3	Inhibidor de alfa-amilasa/transportador de lípidos/familia de proteínas de almacenamiento de semillas	G2W53_030352	105	11,695	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WAP3	Inhibidor de alfa-amilasa/transportador de lípidos/familia de proteínas de almacenamiento de semillas	G2W53_030349	190	20,975	<i>Senna tora</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Glutación S-transferasa**

Estas enzimas se han encontrado formando parte de la detoxificación de agentes nocivos en las plantas, participando en la formación de conjugados entre los compuestos originales y el glutatión, para luego ser enviado al sistema vacuolar en donde ocurre su metabolización en sustancias menos tóxicas (Zhang y Yang, 2021). En la Tabla 4 observamos que se han reportado 30 proteínas ligadas a este tipo de enzimas. Los identificadores encontrados en Uniprot son A0A834T485, A0A834ST48, A0A834W4H4, A0A834WCN7, A0A834W7M4, A0A834SL14, A0A834T6Y8, A0A834W9V9, A0A834SF43, A0A834WH46, A0A834TKL2, A0A834TM69, A0A834TKD9, A0A834SU15, A0A834WJ31, A0A835CGY2, A0A834T8V2, A0A834STL9, A0A834TYP5, A0A835CCV3, A0A834T5R2, A0A834SUT3, A0A834SSU0, A0A834SRR3, A0A834TK14, A0A834SU47, A0A834STM8, A0A834WUP3, A0A834TZ61, A0A834SRJ0. Así pues, estas entradas han sido reportados en *Senna tora* y a la fecha aún no se ha descrito la función específica de cada una de ellas. Sin embargo, el tamaño de las proteínas va de 48 a 478 y la masa molecular de 5,538 Da – 53,920 Da.

Tabla 4

Características de las proteínas reportadas como glutatión S-transferasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
A0A834T485	Glutatión S-transferasa similar a U17	G2W53_035947	233	25,949	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834ST48	Glutatión S-transferasa similar a U17	G2W53_035959	131	14,632	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W4H4	Glutatión S-transferasa U7	G2W53_037577	48	5,538	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WCN7	Glutatión S-transferasa putativa	G2W53_023950	262	29,568	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W7M4	Glutatión S-transferasa similar a DHAR2	G2W53_032344	220	24,505	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SL14	Glutatión S-transferasa L3	G2W53_043619	187	20,912	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834T6Y8	Glutación S-transferasa similar a U19	G2W53_030267	138	15,854	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W9V9	Glutación S-transferasa similar a U17	G2W53_035952	135	14,938	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SF43	Familia de proteínas glutación S-transferasa	G2W53_040471	333	38,098	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WH46	Glutación S-transferasa putativa	G2W53_020661	121	13,884	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TKL2	Glutación S-transferasa parC putativa	G2W53_020665	119	13,783	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TM69	Glutación S-transferasa putativa	G2W53_025399	216	24,571	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TKD9	Glutación S-transferasa parC putativa	G2W53_020664	220	25,216	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SU15	Glutación S-transferasa U17	G2W53_035949	69	7,861	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WJ31	Glutación S-transferasa, dominio de proteína amino-terminal	G2W53_023119	244	27,418	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CGY2	Glutación S-transferasa similar a U9	G2W53_006939	150	16,822	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T8V2	Glutación S-transferasa 3 microsomal	G2W53_030255	150	16,851	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834STL9	Glutación S-transferasa similar a U17	G2W53_035946	335	37,808	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TYP5	Glutación S-transferasa similar a TCHQD	G2W53_012130	267	31,777	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CCV3	Glutación S-transferasa putativa	G2W53_009581	254	29,375	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T5R2	Glutación S-transferasa similar a T1	G2W53_037012	478	53,920	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SUT3	Glutación S-transferasa similar a U10	G2W53_035873	249	28,187	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SSU0	Glutación S-transferasa similar a U17	G2W53_035960	278	31,901	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SRR3	Glutación S-transferasa similar a U17	G2W53_035958	457	52,260	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TK14	Glutación S-transferasa putativa	G2W53_020663	116	13,422	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SU47	Glutación S-transferasa U9	G2W53_036009	205	23,091	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834STM8	Glutación S-transferasa similar a U17	G2W53_035961	178	19,825	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WUP3	Glutación S-transferasa 1	G2W53_014771	147	16,520	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TZ61	Glutación S-transferasa DHAR3, similar a cloroplástico	G2W53_013425	270	30,008	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SRJ0	Glutación S-transferasa similar a U17	G2W53_035944 G2W53_035956	266	29,664	<i>Senna tora</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Lectinas**

Las lectinas son proteínas que tienen la característica de formar conjugados con carbohidratos presentes en diferentes organismos como los insectos, aquí se ha visto que pueden interferir con la síntesis de quitina y con la absorción de nutrientes dado que se ven afectadas ciertas enzimas responsables de la digestión (Vandenborre y col., 2011). En la Tabla 5. Se puede constatar que se han reportado 111 proteínas de este tipo, encontradas en *Parkia platycephala*, *Delonix regia*, *Vachellia farnesiana*, *Parkia pendula*, *Senna tora* y *Acacia sp.* Así pues, los identificadores que se encuentran depositados en Uniprot son P83304, P83511, P84849, C0HLR9, A0A834WRW7, A0A834WUF0, A0A834TZE9, A0A834XEX1, A0A835CKE3, A0A834XGX9, A0A835C9N0, A0A834XDE5, A0A834W4W8, A0A834TL08, A0A834XH25, A0A834X9N8, A0A834XEK6,

A0A834TKI2, A0A834U2Q1, A0A834U0Z4, A0A834STB4, A0A835CEW7, A0A834X6T3A0A834TIN0, A0A834XD67, A0A834TJ75, A0A835C4H9, A0A834SHP6, A0A834WLM5, A0A834SQ32, A0A834XJZ2, A0A834W9K6, A0A834XJ64, A0A834W8Y9, A0A834XK33, A0A834SVL3, A0A834X821, A0A834T4I4, A0A834XD16, A0A835CJ06, A0A834XD47, A0A834XIV7, A0A834TU68, A0A834SDX5, A0A834T6S5, A0A834WDV6, A0A834XCM8, A0A834TEY3, A0A834XFB2, A0A834T0J7, A0A834T2C2, A0A834TCG4, A0A834WGX0, A0A834T1X6, A0A834TKJ4, A0A835CI05, A0A834XJ51, A0A834WEY8, A0A834W4I6, A0A834SIG8, A0A834W6G5, A0A834XF61, A0A834TL23, A0A834X9C6, A0A834T7D5, A0A834SRI5, A0A835CGC2, A0A834SL86, A0A834WPH5, A0A834XFJ4, A0A834XFB3, A0A834T158, A0A834TS01, A0A835CH88, A0A834T4T6, A0A834W1P5, A0A835C8I9, A0A835CL44, A0A834T2U8, A0A834X415, A0A834T372, A0A835CHZ6, A0A834W6E2, A0A834SRB3, A0A834XGW6, A0A834SY56, A0A834TTG9, A0A834TL12, A0A834X0J4, A0A834TYI3, A0A834U361, A0A834TIF3, A0A834TWE7, A0A834WL35, A0A834TX72, A0A835CK76, A0A834WAQ3, A0A834XBU8, A0A834WMZI, A0A834XG52, A0A834TXF2, A0A834W489, A0A834T1G8, A0A834T5U0, A0A834WD34, A0A834XHC7, A0A834W1S8, A0A834SJ06, A0A835CNE6, A0A834U418, I3VZ39. Por otro lado, si bien muchas de estas carecen de una asignación a nivel funcional, en el caso de la entrada C0HLR9, lectina específica a manosa y glucosa (PpeL) en una proteína de un tamaño de 447 y una masa de 47, 411 Da, cuya función descrita incluye tener actividad microbiana.

Tabla 5

Características de las proteínas reportadas como lectinas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
P83304	Lectina específica a manosa y glucosa (Fragmento)	No reportado	447	47,521	<i>Parkia platycephala</i>	Muestra actividad aglutinante frente a eritrocitos de conejo.
P83511	Lectina (DRL) (Fragmento)	No reportado	16	1,816	<i>Delonix regia</i>	Lectina específica de glucosa.
P84849	Lectina (AFAL)	No reportado	225	25,063	<i>Vachellia farnesiana</i>	Lectina fijadora de quitina. Aglutina eritrocitos de conejo, pero no eritrocitos humanos.
C0HLR9	Lectina específica a manosa y glucosa (PpeL)	No reportado	447	47,411	<i>Parkia pendula</i>	Muestra actividad aglutinante frente a eritrocitos humanos y de conejo. También muestra actividad antimicrobiana contra <i>L.infantum</i> .
A0A834WRW7	Dominio de lectina tipo-L putative que contiene receptor de quinasa S.5	G2W53_012619	600	65,366	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WUF0	Proteína que contiene el dominio Pkinase_Tyr/Proteína que contiene el dominio similar a malectina	G2W53_014822	146	16,087	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TZE9	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_020255	656	72,336	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XEX1	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005335	570	63,983	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CKE3	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 isoforma X1 tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_000235	237	26,402	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XGX9	Dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor cinasa IX.1	G2W53_005341	1308	145,647	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835C9N0	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_010625	174	19,304	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XDE5	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_004495	643	72,424	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W4W8	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_036255	544	60,565	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TL08	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020935	72	8,039	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XH25	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_002044	76	8,474	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X9N8	Dominio de lectina tipo L que contiene receptor quinasa VII.1	G2W53_002575	279	32,226	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XEK6	Dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor cinasa IX.1	G2W53_005333	1210	134,561	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834TKI2	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020933	1858	206,934	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U2Q1	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.7	G2W53_013734	259	28,657	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U0Z4	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_012704	81	9,347	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834STB4	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_036155	531	58,787	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CEW7	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_008091	170	19,945	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X6T3	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasa de lectina del locus S	G2W53_007502	244	27,850	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TIN0	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020947	74	8,133	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XD67	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005337	579	65,500	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TJ75	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020939	181	20,085	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835C4H9	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VII.2	G2W53_015309	360	39,555	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SHP6	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_042898	1078	121,886	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WLM5	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.7	G2W53_018796	163	17,418	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SQ32	Serina/treonina-proteína quinasa RLK1 tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_039054	423	46,101	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XJZ2	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_002042	762	86,256	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W9K6	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_028236	636	70,278	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XJ64	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa IV.1	G2W53_002368	994	109,941	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W8Y9	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa IV.1 similar	G2W53_033934	92	10,859	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XK33	Dominio de lectina que contiene el receptor quinasa VI.3	G2W53_002191	608	67,228	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SVL3	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_036278	706	78,330	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X821	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasa de lectina del locus S	G2W53_008202	382	43,430	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834T4I4	Dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor cinasa IX.1	G2W53_036157	189	20,917	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XD16	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005338	663	75,111	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CJ06	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005344	627	71,116	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XD47	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_004435	56	6,222	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XIV7	Dominio de lectina que contiene el receptor quinasa VI.3	G2W53_002190	572	62,586	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TU68	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasas de lectina del locus S	G2W53_022318	214	24,424	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SDX5	Lectina similar a la ricina B R40G3	G2W53_040615	326	36,896	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T6S5	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VIII.1 similar	G2W53_030339	349	38,361	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WDV6	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_024402	159	17,897	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XCM8	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005336	502	56,601	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TEY3	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa S.6	G2W53_025282	608	67,865	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XFB2	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a S.4	G2W53_001128	167	18,797	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T0J7	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 isoforma X2 tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_028237	519	57,859	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T2C2	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 isoforma X2 tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_028239	201	22,663	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TCG4	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VIII.1	G2W53_024051	783	84,673	<i>Senna tora</i>	Proteína de unión al ADN que reconoce específicamente un elemento negativo (SIF) dentro del promotor RPS1.
A0A834WGX0	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VII.2	G2W53_021124	206	22,901	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T1X6	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_028238	609	67,373	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TKJ4	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020940	585	65,376	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CI05	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_004429	664	74,272	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834XJ51	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa IV.1 similar	G2W53_002370	673	75,464	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WEY8	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_026290	111	12,507	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W4I6	Serina/treonina-proteína quinasa LECRK2 similar a receptor S de lectina tipo G	G2W53_036163	627	70,113	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SIG8	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_043258	1070	119,806	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W6G5	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VII.2	G2W53_038100	658	73,893	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XF61	Serina/treonina-proteína quinasa SD2-5 similar a receptor S de lectina tipo G	G2W53_000164	548	61,369	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TL23	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020949	180	19,806	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X9C6	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_008381	247	28,337	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T7D5	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.7	G2W53_029445	209	23,752	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SRI5	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_035300	832	94,376	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CGC2	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasas de lectina del locus S	G2W53_004184	212	24,038	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SL86	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_038105	2385	265,808	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WPH5	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_018000	138	15,372	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XFJ4	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005334	611	68,504	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XFB3	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_000239	485	55,274	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T158	Serina/treonina-proteína quinasa LECRK2 similar a receptor S de lectina tipo G	G2W53_034751	671	76,111	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TS01	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020938	93	10,404	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CH88	Dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor cinasa IX.1	G2W53_005339	1331	148,689	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T4T6	Similar a lectina 3 relacionada con Jacalin	G2W53_030082	489	54,109	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834W1P5	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_038009	148	16,402	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835C8I9	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasa de lectina del locus S	G2W53_014715	359	40,840	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CL44	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005345	1103	124,108	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T2U8	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_028240	486	53,140	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X4I5	Tirosina-proteína quinasa tipo C tipo receptor de lectina	G2W53_006061	554	62,620	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T372	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_028241	558	62,785	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CHZ6	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_005342	507	57,903	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W6E2	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_038010	73	8,466	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SRB3	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VIII.2 similar	G2W53_035853	73	8,055	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XGW6	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_002043	306	34,890	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SY56	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasa de lectina del locus S	G2W53_032862	375	42,131	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TTG9	Serina/treonina-proteína quinasa SD2-2 similar a receptor S de lectina tipo G	G2W53_017239	83	8,934	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TL12	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020934	632	70,216	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X0J4	Supuesta proteína de la familia de proteínas quinasa de lectina del locus S	G2W53_010147	360	41,623	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TYI3	Serina/treonina-proteína quinasa LECRK3 similar a receptor S de lectina tipo G	G2W53_019624	949	106,916	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U361	Proteína relacionada con lectina	G2W53_020423	169	18,324	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TIF3	Serina/treonina-proteína quinasa SD1-1 similar a receptor S de lectina tipo G	G2W53_020937	75	8,728	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TWE7	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_020328	589	66,172	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WL35	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_026289	141	15,937	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834TX72	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_012701	630	70,645	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CK76	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_004445	582	65,567	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WAQ3	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a S.4	G2W53_030379	719	79,430	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XBU8	Serina/treonina-proteína quinasa B120 tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_004437	253	29,088	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WMZ1	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_020943	82	9,049	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XG52	Serina/treonina-proteína quinasa CES101 similar al receptor S de lectina tipo G	G2W53_000241	972	109,766	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TXF2	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_012703	314	35,944	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W489	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a S.4	G2W53_042800	688	76,198	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T1G8	Serina/treonina-proteína quinasa tipo lectina tipo G tipo receptor S	G2W53_033033	1124	126,629	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T5U0	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.7	G2W53_029949	682	75,421	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WD34	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene el receptor quinasa S.5	G2W53_024400	576	64,363	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XHC7	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VIII.2	G2W53_002328	328	36,410	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W1S8	Supuesto dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VII.2	G2W53_038099	684	76,115	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SJ06	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa VIII.1	G2W53_043588	600	64,838	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CNE6	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a S.4	G2W53_002367	670	73,628	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U418	Dominio de lectina de tipo L que contiene receptor quinasa similar a IX.1	G2W53_012702	972	110,481	<i>Senna tora</i>	No reportado
I3VZ39	Lectina mutante (Fragmento)	No reportado	120	13,039	<i>Acacia sp.</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Inhibidor de tripsina**

Este tipo de proteínas se han estudiado son responsables de inhibir las proteasas presentes en los insectos (Bendre y col., 2018) es por ello que su función es vital en los fenómenos de defensa natural de las plantas (Zhu-Salzman y Zeng, 2015). En este hecho, se han reportado 43 proteínas aisladas de *Cassia leiandra*, *Albizia julibrissin*, *Albizia kalkora*, *Enterolobium contortisiliquum*, *Leucaena leucocephala*, *Adenantha pavonina*, *Inga vera*, *Acacia confusa*, *Archidendron ellipticum*, *Prosopis juliflora*, *Inga laurina*, *Senna tora*, *Delonix regia*, *Senna obtusifolia*. En la Tabla 6 observamos todas las proteínas reportadas que pertenecen a esta categoría, las mismas que son C0HK48, P24925, P85498, P24927, P86451, P83036, P09941, C0HKQ3, P24924, P84890, P32734, P09942, P32733, J9PZR2, A0A834WDQ1, A0A834T297, A0A834T034, A0A834X3F1, A0A834SZA4, A0A834TPK5, A0A834W7M5, A0A834T2Z5, A0A834WF35, A0A834T168, A0A834T0H3, A0A834WDM7, A0A834W8V0, A0A834WBS7, A0A834WI81, A0A834T1B3, A0A834TAT3, A0A834T095, Q1L611, A0A834SDI1, A0A834WEH6, A0A835CCN6, A0A834SF51, A0A834T1N2, A0A834T371, A0A834T132, A0A834WBV8, A0A097P6E1, A0A1S5QKM9. Así pues, aunque en la mayoría de estas proteínas aún no se conoce con exactitud su función, dado que no se han descrito, en el caso de una proteína encontrada en *Prosopis juliflora* cuya entrada es P32733, posee un tamaño de 137 y una masa de 15, 459 Da. Su función descrita es la inhibición de la proteasa tripsina.

Tabla 6

Características de las proteínas reportadas como inhibidores de tripsina en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
COHK48	Inhibidor de tripsina (CITI) (EC 3.4.21.4) (Fragmento)	No reportado	40	4,097	<i>Cassia leiandra</i>	Inhibición de tripsina
P24925	Inhibidor de tripsina cadena A (Fragmento)	No reportado	20	2,193	<i>Albizia julibrissin</i>	Inhibe tripsina y alfa-quimotripsina
P85498	Inhibidor de la cadena alfa de la tripsina tipo Kunitz (AKTI) (Fragmentos)	No reportado	53	5,631	<i>Albizia kalkora</i>	Inhibición de tripsina
P24927	Inhibidor de tripsina cadena B (Fragmento)	No reportado	15	1,705	<i>Albizia julibrissin</i>	Inhibe tripsina y alfa-quimotripsina
P86451	Inhibidor de tripsina (EcTI) [Dividido en: cadena alfa del inhibidor de tripsina; cadena beta del inhibidor de tripsina]	No reportado	174	19,457	<i>Enterolobium contortisiliquum</i>	Inhibe tripsina y quimotripsina
P83036	Inhibidor de tripsina (LTI) (LITI) (Inhibidor de la tripsina tipo Kunitz LITI) [Dividido en: cadena alfa del inhibidor de tripsina; Inhibidor de tripsina cadena beta]	No reportado	179	20,104	<i>Leucaena leucocephala</i>	Inhibe la actividad de la tripsina, la plasmina, la calicreína plasmática humana, la quimotripsina y el factor XIIa.
P09941	Inhibidor de tripsina cadena alfa DE5	No reportado	138	15,688	<i>Adenantha pavonina</i>	Inhibición de la tripsina
COHKQ3	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz IVTI (Fragmento)	No reportado	29	2,953	<i>Inga vera</i>	Inhibe la tripsina bovina pero no la quimotripsina.
P24924	Inhibidor de tripsina [Dividido en: cadena A del inhibidor de tripsina; Inhibidor de tripsina cadena B]	ACTI	176	19,584	<i>Acacia confusa</i>	Inhibe la tripsina y la alfa-quimotripsina
P84890	Inhibidor de tripsina AeTI (Fragmento)	No reportado	20	2,239	<i>Archidendron ellipticum</i>	Inhibe competitivamente la tripsina estequiométricamente en una relación molar de 1:1.
P32734	Cadena beta del inhibidor de la tripsina tipo Kunitz	No reportado	38	4,313	<i>Prosopis juliflora</i>	Inhibición de la tripsina
P09942	Inhibidor de tripsina cadena beta DE5	No reportado	38	4,229	<i>Adenantha pavonina</i>	Inhibición de la tripsina
P32733	Inhibidor de la cadena alfa de la tripsina tipo Kunitz	No reportado	137	15,469	<i>Prosopis juliflora</i>	Inhibición de la tripsina
J9PZR2	Inhibidor de tripsina de Kunitz (Fragmento)	No reportado	178	19,636	<i>Inga laurina</i>	No reportado

A0A834W DQ1	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz similar a KTI1	G2W53_0344 00	200	21,602	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 297	Inhibidor de tripsina tipo B	G2W53_0343 06	272	29,625	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 034	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz KTI1	G2W53_0343 15	376	41,976	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X 3F1	Inhibidor de la inter-alfa-tripsina, isoforma X1 similar a la cadena pesada 4	G2W53_0060 25	760	84,216	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834S ZA4	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz similar a KTI1	G2W53_0344 04	177	19,329	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T PK5	Inhibidor de tripsina 2 de Kunitz	G2W53_0227 70	60	6,358	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W 7M5	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz KTI1	G2W53_0343 11	431	46,420	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 2Z5	Inhibidor de tripsina tipo B	G2W53_0343 07	172	19,499	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W F35	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz similar a cadena alfa	G2W53_0257 52	207	22,676	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 168	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz similar a cadena alfa	G2W53_0343 19	233	25,564	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 0H3	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz KTI1	G2W53_0344 06	518	57,696	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W DM7	Inhibidor de tripsina 1	G2W53_0343 10	195	21,498	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W 8V0	Inhibidor de tripsina DE-3	G2W53_0344 03	60	6,640	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W BS7	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz KTI1	G2W53_0343 12	371	40,203	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W I81	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz similar a cadena alfa	G2W53_0257 51	208	22,910	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 1B3	Inhibidor de la tripsina de Kunitz	G2W53_0343 94	528	57,697	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T AT3	Inhibidor de tripsina DE5 cadena alfa	G2W53_0343 05	224	24,833	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 095	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz KTI1	G2W53_0344 05	215	23,592	<i>Senna tora</i>	No reportado
Q1L611	Inhibidor de tripsina (Fragmento) Tipo 2 del	No reportado	187	20,309	<i>Delonix regia</i>	No reportado
A0A834S DII	inhibidor de la tripsina de Kunitz	G2W53_0404 87	399	44,396	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W EH6	Tipo 2 del inhibidor de la tripsina de Kunitz	G2W53_0257 50	410	44,175	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835C CN6	Inhibidor de la inter-alfa-tripsina, isoforma X1 similar a la cadena pesada 4	G2W53_0116 80	910	101,382	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834S F51	Tipo 2 del inhibidor de la tripsina de Kunitz	G2W53_0404 86	252	27,565	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T 1N2	Proteína 2 similar al inhibidor de la tripsina de tipo Kunitz	G2W53_0343 03	478	53,304	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834T371	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz similar a KTII	G2W53_034397	434	47,168	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T132	Proteína 2 similar al inhibidor de la tripsina de tipo Kunitz	G2W53_034302	246	26,905	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WBV8	Inhibidor de tripsina tipo Kunitz KTII	G2W53_034402	98	10,883	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A097P6E1	Inhibidor de tripsina 1 (EC 1.2.3.4)	TI1	212	23,070	<i>Senna obtusifolia</i>	No reportado
A0A1S5QKM9	Inhibidor de tripsina 2 (Fragmento)	TI2	157	17,173	<i>Senna obtusifolia</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Lipoxigenasa**

Las lipooxigenasas son enzimas que participan en la síntesis de ácido jasmónico. Además, de otras funciones en procesos oxidativos (Ali y col., 2020). En la Tabla 7 podemos observar que se han descrito 19 proteínas de esta categoría. Así, sus identificadores son A0A834XHW2, A0A834SQ67, A0A835CHN4, A0A834XGV0, A0A834XEE3, A0A834XFP8, A0A834XGN7, A0A834X2U7, A0A834T9X3, A0A835CKK6, A0A834T582, A0A834WM20, A0A834WSU8, A0A834SKD4, W0TQK9, A0A834SJC5, A0A834X8D2, A0A835CF17, A0A834WDQ4. Las especies donde se han encontrado son *Senna tora* y *Acacia mangium*. En el caso de una de ellas cuya entrada es W0TQK9, tiene por tamaño 925 y una masa de 104, 599 Da. La función que se le atribuye es la de intervenir en el crecimiento y desarrollo vegetal, respuesta a la senescencia y al de defensa vegetal.

Tabla 7

Características de las proteínas reportadas como lipoxigenasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
A0A834XHW2	Lipoxigenasa	G2W53_000443	740	84,933	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834SQ67	Lipoxigenasa	G2W53_044223	596	68,122	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A835CHN4	Lipoxigenasa	G2W53_000441	733	82,986	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834XGV0	Linoleato putativo 9S-lipoxigenasa 5	G2W53_001924	991	113,307	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XE E3	Lipoxigenasa	G2W53_000442	713	81,121	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834XF P8	Lipoxigenasa	G2W53_000510	915	103,341	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834XGN7	Lipoxigenasa	G2W53_001923	747	86,780	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834X2U7	Lipoxigenasa	G2W53_005758	608	68,822	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834T9X3	Linoleato putativo 9S-lipoxigenasa 5	G2W53_023354	342	39,336	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CKK6	Semilla de linoleato 9S-lipoxigenasa-3	G2W53_000445	205	23,432	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T582	Lipoxigenasa	G2W53_027991	872	98,693	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834WM20	Lipoxigenasa	G2W53_017052	675	77,366	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas

A0A834W SU8	Linoleato 13S- lipoxigenasa 2- 1, cloroplástico	G2W53_013877	130	14,277	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SK D4	Linoleato 13S- lipoxigenasa 2- 1, similar a cloroplástico	G2W53_037535	306	34,634	<i>Senna tora</i>	No reportado
W0TQK9	Lipoxigenasa	No reportado	925	104,599	<i>Acacia mangium</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas
A0A834SJ C5	Linoleato 13S- lipoxigenasa 2- 1, cloroplástico	G2W53_037536	176	19,685	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X8 D2	Lipoxigenasa 3, similar a cloroplástico	G2W53_002574	334	38,335	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CF 17	Lipoxigenasa 6, cloroplástico	G2W53_008256	136	15,128	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W DQ4	Lipoxigenasa	G2W53_029435	663	74,890	<i>Senna tora</i>	Crecimiento y desarrollo, resistencia a plagas y respuesta a heridas

- **Peroxidasas**

Las peroxidasas son enzimas vinculadas con la síntesis de lignina, respuesta hipersensible y por su participación en el estrés oxidativo (Mello y Silva-Filho, 2002). En la Tabla 8 podemos observar que se ha reportado 121 proteínas de este tipo cuyos identificadores son E2DRH6, B3V2Z3, A0A834SYN0, A0A834T8R2, A0A834T705, A0A834TG96, A0A834TM32, A0A834W6B9, A0A834TD69, A0A834TVI9, A0A834T9B9, A0A834SKF2, A0A834WP61, A0A834SSX7, A0A835CE12, A0A834VYA6, A0A834T0M5, A0A834W4A0, A0A834W6L5, A0A834WFF4, A0A835C5X6, A0A835CGG7, A0A834TD95, A0A834X5E9, A0A834TVJ6, A0A834W3T2, A0A834WBM4, A0A834U236, A0A834WCG1, A0A834SYG6,

A0A834T5D1, A0A834SU61, A0A834SHJ7, A0A834SIC9,
A0A834T677, A0A834SZA6, A0A834W0T9, A0A834T0F9,
A0A834TFM0, A0A835CD42, A0A834SFH3, A0A834XC51,
A0A834XIS8, A0A834SKQ9, A0A834SJY2, A0A834WW33, E2DRH5,
A0A834U157, A0A834WMP0, A0A834SEN9, A0A834SXZ4,
A0A834U400, A0A834SVU8, A0A834T074, A0A834TJ23,
A0A834WBS4, A0A834TN01, A0A834VZ48, A0A834T6Z7,
A0A834X8U1, A0A835C884, A0A834T856, A0A834W9X6,
A0A835CFR6, A0A834TK04, A0A834X2J5, A0A834TFI3,
A0A834TBZ5, A0A834SJ51, A0A834SZ03, A0A834T7A0,
A0A834SSZ5, A0A834W7N8, A0A834SR45, A0A834WGA4,
A0A834U0B6, A0A834T6I6, A0A834VYS4, A0A834X9K3,
A0A834WS35, A0A834WF32, A0A834STV7, A0A834X2F0,
A0A834XCL3, A0A834SY80, A0A834SVR2, A0A834SKG1,
A0A834T2S3, A0A834W7A6, A0A834TPU2, A0A834WEX9,
A0A834TRP9, A0A834XJ79, A0A834WVR9, A0A834TZW6,
A0A834X510, A0A834TX89, A0A834XCF3, A0A834VYG8,
A0A834SW96, A0A834W9T7, A0A834TY31, A0A834T698,
A0A834TUU0, A0A834U043, A0A834TX80, A0A834TT87,
A0A835CAX6, A0A834X9Q1, A0A834SVK2, A0A834WW43,
A0A834TBZ6, A0A834WVI8, A0A834SWM2, A0A834TYI9,
A0A834SYW6, A0A834WX10, A0A835CC04, A0A835CFJ2,
A0A2L0P0C0, A0A2L0WTB7. Asimismo, estas entradas se han

registrado en *Leucaena leucocephala*, *Senna tora* y *Senna obtusifolia*. La

función que se les atribuye alguna de ellas es su participación en la respuesta al estrés como a las heridas, el ataque de patógenos y el estrés oxidativo.

Tabla 8

Características de las proteínas reportadas como peroxidasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
E2DRH6	Peroxidasa	LBPOX1 POX	316	33,943	<i>Leucaena leucocephala</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
B3V2Z3	Peroxidasa	LBPox	316	34,206	<i>Leucaena leucocephala</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SY N0	Peroxidasa	G2W53_032638	396	44,059	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T8 R2	Peroxidasa	G2W53_031154	330	36,521	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T7 05	Peroxidasa	G2W53_030175	321	34,638	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T G96	Peroxidasa	G2W53_026061	405	45,493	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T M32	L-ascorbato peroxidasa	G2W53_021615	245	26,770	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W 6B9	Peroxidasa	G2W53_032451	346	37,416	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T D69	Peroxidasa	G2W53_025085	192	21,707	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T VI9	L-ascorbato peroxidasa 3	G2W53_020141	306	33,328	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T9 B9	Peroxidasa	G2W53_033300	110	11,660	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SK F2	Peroxidasa similar a 60	G2W53_041748	60	6,868	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W P61	Peroxidasa	G2W53_013143	327	35,169	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SS X7	Peroxidasa	G2W53_041955	176	20,131	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A835CE12	L-ascorbato peroxidasa, citosólico	G2W53_007788	117	13,800	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834VYA6	Peroxidasa	G2W53_041749	169	18,677	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T0M5	Peroxidasa	G2W53_033182	166	18,050	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W4A0	Peroxidasa	G2W53_042815	327	35,744	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W6L5	Peroxidasa	G2W53_032781	313	34,044	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834WFF4	Peroxidasa	G2W53_024398	332	35,062	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A835C5X6	Peroxidasa 51	G2W53_015729	267	28,671	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835C GG7	L-ascorbato peroxidasa	G2W53_003497	285	31,490	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TD95	Cloruro peroxidasa	G2W53_025472	347	38,314	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X5E9	Peroxidasa 54	G2W53_006365	255	27,945	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TVJ6	Peroxidasa	G2W53_020156	316	34,400	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W3T2	Glutación peroxidasa	G2W53_043882	170	19,092	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WBM4	Glutación peroxidasa	G2W53_031279	235	25,865	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U236	Glutación peroxidasa	G2W53_019448	164	18,185	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WCG1	Peroxidasa	G2W53_023710	321	35,415	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SYG6	Glutación peroxidasa	G2W53_037015	244	26,881	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T5D1	Peroxidasa	G2W53_029754	553	61,193	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SU61	Peroxidasa	G2W53_036544	328	36,270	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SHJ7	Peroxidasa	G2W53_042797	319	34,835	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SIC9	Peroxidasa	G2W53_043262	557	61,919	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T677	Peroxidasa	G2W53_029744	424	47,863	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834SZ A6	Peroxidasa	G2W53_032641	355	39,470	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W 0T9	Peroxidasa	G2W53_040822	234	26,087	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T0 F9	Peroxidasa	G2W53_032403	281	31,032	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834TF M0	Peroxidasa	G2W53_026732	325	35,893	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A835C D42	Peroxidasa	G2W53_006501	327	35,857	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SF H3	Peroxidasa similar a 60	G2W53_041919	60	6,810	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X C51	Peroxidasa	G2W53_004030	133	14,473	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XI S8	Peroxidasa	G2W53_002145	248	26,673	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SK Q9	Peroxidasa	G2W53_041913	116	13,402	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SJ Y2	Peroxidasa	G2W53_041403	134	15,000	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W W33	Peroxidasa	G2W53_016158	323	34,889	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
E2DRH5	Peroxidasa	LBPOX2	316	34,033	<i>Leucaena leucocephala</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834U1 57	Proteína SOBREEXPRESADORA DE PEROXIDASA CATIONICA 3	G2W53_012609	355	40,452	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W MP0	Peroxidasa	G2W53_020613	342	38,194	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SE N9	Peroxidasa	G2W53_044583	116	13,542	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SX Z4	Peroxidasa	G2W53_033296	62	6,730	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U4 00	Peroxidasa	G2W53_012627	339	36,987	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SV U8	Peroxidasa	G2W53_032379	320	34,656	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T0 74	Peroxidasa	G2W53_033181	62	6,702	<i>Senna tora</i>	No reportado

A0A834TJ 23	Peroxidasa	G2W53_021266	346	38,116	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W BS4	Peroxidasa	G2W53_032390	497	54,193	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T N01	Peroxidasa	G2W53_016612	301	31,774	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834V Z48	Peroxidasa	G2W53_041918	174	19,235	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T6 Z7	Peroxidasa	G2W53_030179	328	34,986	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834X8 U1	Peroxidasa	G2W53_002563	408	45,112	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A835C8 84	Peroxidasa	G2W53_015733	378	41,593	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T8 56	Peroxidasa	G2W53_029746	229	25,841	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W 9X6	Peroxidasa	G2W53_029749	210	23,542	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835CF R6	Glutación peroxidasa	G2W53_005619	178	20,294	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T K04	Peroxidasa	G2W53_021667	116	13,212	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X2 J5	Peroxidasa	G2W53_005652	327	36,432	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834TF I3	Peroxidasa	G2W53_025657	335	37,053	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834TB Z5	Glutación peroxidasa	G2W53_023751	175	19,608	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SJ 51	Peroxidasa	G2W53_043587	332	37,259	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SZ 03	Peroxidasa	G2W53_033297	164	17,812	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T7 A0	Peroxidasa	G2W53_032175	107	12,217	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SS Z5	Peroxidasa	G2W53_041985	195	21,656	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W 7N8	Peroxidasa	G2W53_032404	262	28,531	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos

A0A834SR45	Peroxidasa	G2W53_037978	329	36,017	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834WGA4	Peroxidasa	G2W53_023711	726	81,362	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834U0B6	Peroxidasa	G2W53_013225	319	34,545	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T6I6	Peroxidasa	G2W53_030176	327	35,848	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834VYS4	Peroxidasa	G2W53_040821	307	32,840	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834X9K3	Proteína de fusión multifuncional [Incluye: D-aminoacil-tRNA desacilasa; peroxidasa	G2W53_002616	398	43,878	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834WS35	Hidroperóxido de fosfolípidos glutatión peroxidasa	G2W53_019723	144	16,051	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WF32	Peroxidasa	G2W53_024053	310	34,958	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834STV7	Peroxidasa	G2W53_036364	316	34,081	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834X2F0	Peroxidasa	G2W53_005594	329	35,945	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834XCL3	Peroxidasa	G2W53_004902	322	34,216	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SY80	Peroxidasa	G2W53_032383	309	33,592	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SVR2	Peroxidasa	G2W53_032141	271	31,308	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SKG1	Peroxidasa	G2W53_037493	305	34,248	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos and oxidative stress

A0A834T2 S3	Peroxidasa	G2W53_034202	321	35,696	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W 7A6	Peroxidasa	G2W53_035159	98	11,119	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TP U2	Peroxidasa	G2W53_022509	479	53,712	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W EX9	Supuesta L-ascorbato peroxidasa 6, isoforma cloroplástica/mitocondrial X1	G2W53_030815	52	5,766	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TR P9	Fosfatasa ácida/proteína relacionada con haloperoxidasa dependiente de vanadio	G2W53_017346	305	33,290	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834XJ 79	Peroxidasa	G2W53_002144	323	35,441	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W VR9	Peroxidasa	G2W53_015739	378	41,507	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834TZ W6	Peroxidasa	G2W53_020555	326	36,221	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834X5 10	Peroxidasa	G2W53_006362	344	36,910	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T X89	Peroxidasa	G2W53_011962	1239	137,924	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834X CF3	Peroxidasa	G2W53_004903	140	15,079	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834V YG8	Peroxidasa	G2W53_041914	120	13,035	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834S W96	Peroxidasa	G2W53_032381	321	34,912	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W 9T7	Peroxidasa	G2W53_031897	623	68,153	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834T Y31	Peroxidasa	G2W53_013226	319	34,579	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T6 98	Peroxidasa	G2W53_029755	384	42,261	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos

A0A834T UU0	Peroxidasa	G2W53_019697	335	38,107	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834U0 43	Peroxidasa	G2W53_011874	315	34,196	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T X80	L-ascorbato peroxidasa	G2W53_012150	635	71,669	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834TT 87	Peroxidasa	G2W53_021673	169	18,478	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A835C AX6	Peroxidasa	G2W53_011288	349	38,736	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834X9 Q1	Peroxidasa	G2W53_004031	139	15,062	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834SV K2	Peroxidasa	G2W53_036654	325	35,583	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W W43	Peroxidasa	G2W53_015736	378	41,567	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834TB Z6	Peroxidasa	G2W53_024688	317	34,298	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834W VI8	Peroxidasa	G2W53_015741	282	30,516	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834S WM2	Peroxidasa	G2W53_032380	313	33,990	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834T YI9	Peroxidasa	G2W53_012712	326	35,496	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A834SY W6	Peroxidasa	G2W53_032387	274	29,720	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834W X10	Peroxidasa	G2W53_008764	300	32,260	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A835C C04	Proteína de fusión multifuncional [Incluye: peroxidasa; Fosfo-2-dehidro-3-desoxiheptonato aldolasa]	G2W53_009116	338	37,297	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos

A0A835CF J2	Peroxidasa	G2W53_008123	322	35,159	<i>Senna tora</i>	Respuesta al estrés oxidativo, heridas y ataque de patógenos
A0A2L0P0 C0	L-ascorbato peroxidasa (Fragmento)	No reportado	120	12,879	<i>Senna obtusifolia</i>	No reportado
A0A2L0W TB7	Peroxidasa (Fragmento)	POD	65	7,084	<i>Senna obtusifolia</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Fosfolipasas A2**

Las fosfolipasas participan en la activación de mensajeros secundarios tras la respuesta al ataque de agentes foráneos como los insectos (Fujikawa y col., 2012). Así, en la Tabla 9 se puede observar se reportan en Uniprot 3 proteínas, cuyos identificadores son A0A834T2F3, A0A834WKU3 y A0A834WFX1. A estas proteínas aún no se les ha asignado una función específica.

Tabla 9

Características de las proteínas reportadas como fosfolipasas A2 en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
A0A834T2F3	Similar a la fosfolipasa A2-alfa	G2W53_034904	155	17,126	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WKU3	Similar a la fosfolipasa A2-alfa	G2W53_026004	46	5,132	<i>Senna tora</i>	No reportado
A0A834WFX1	Fosfolipasa A2	G2W53_029613	243	28,207	<i>Senna tora</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Ureasas**

Las ureasas al ser ingeridas por los insectos fitófagos son proteolizadas por las enzimas digestivas presentes en sus intestinos lo que termina en la producción de péptidos que en conjunto con las proteínas intactas se comportan como sustancias neurotóxicas para estos y que además afectan muchas funciones fisiológicas dentro de las cuales están la diuresis, la inmunidad y la contracción de los músculos (Carlini y Ligabue-Braun,

2016). Como se puede verificar en la Tabla 10 se ha reportado una proteína de este tipo en la especie *Senna tora*, cuya entrada corresponde a A0A834X8D5, misma que tiene una longitud de 807 y una masa de 87,013 Da. La función aún no ha sido reportada como específica.

Tabla 10

Características de las proteínas reportadas como ureasas en la subfamilia Caesalpinioideae. Trujillo. 2022.

Entrada	Nombre de las proteínas	Nombre de los genes	Longitud de la secuencia	Masa molecular (Da)	Organismo	Función
A0A834X8D5	Ureasa (EC 3.5.1.5) (Urea amidohidrolasa)	G2W53_008254	807	87,013	<i>Senna tora</i>	No reportado

Fuente: Uniprot.

- **Estructura de proteínas**

Las estructuras 3D de la mayoría de proteínas reportadas para la familia Caesalpinioideae aún no han sido estudiadas de manera experimental. No obstante, para algunas de ellas existen predicciones desarrolladas en AlphaFold. En efecto, estas predicciones disponibles en Uniprot se visualizaron en QuteMol y como se puede observar se presentan en las Figuras 9, 10, 11 y 12 como de un inhibidor de alfa-amilasa, lectina específica de manosa/glucosa, lectina (DRL) (Fragmento) y un inhibidor de tripsina (CITI) (Fragmento), respectivamente.

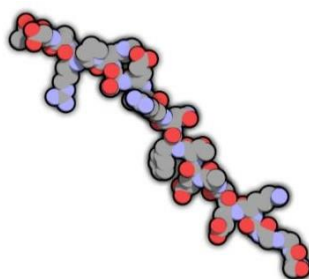


Figura 11. Inhibidor de alfa-amilasa DR4 (Fragment). Trujillo, 2022.

Fuente: Uniprot.

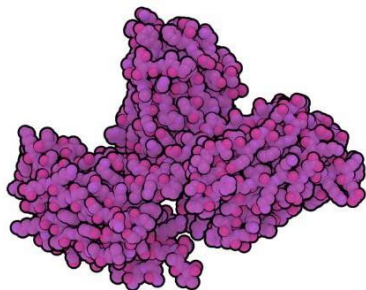


Figura 12. Lectina específica de manosa/glucosa. Trujillo, 2022.
Fuente: Uniprot.

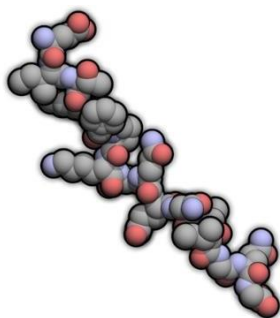


Figura 13. Lectina (DRL) (Fragmento). Trujillo, 2022
Fuente: Uniprot.

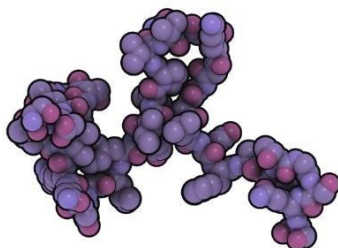


Figura 14. Inhibidor de tripsina (CITI) (Fragmento). Trujillo, 2022.
Fuente: Uniprot

V. CONCLUSIONES

- 5.1. La especie *Prosopis pallida* ha sido poco estudiada a nivel molecular por lo que existe escasa información relacionada a la parte genómica y proteómica. En ese sentido, se encontró que solo han sido reportadas 5 proteínas para esta especie. No obstante, estas proteínas no están relacionadas con la defensa natural de los árboles a plagas, participando más bien en procesos básicos como la fotosíntesis a nivel de cloroplastos.
- 5.2. A nivel de la subfamilia Caesalpinioideae se determinó que existen 9 grupos de proteínas reportadas (ureasas, fosfolipasas A2, Aleno óxido sintasas, inhibidores de amilasas, lipoxigenasas, glutatión S-transferasas, inhibidores de tripsina, lectinas, peroxidadas) cuyas funciones están relacionas con defensa natural a plagas.
- 5.3. Se encontró que la especie más cercana a *P. pallida* donde se han estudiado y reportado proteínas entomotóxicas fue *Prosopis juliflora*. Estas proteínas mencionadas se tratan de 2 inhibidores de proteasas que pueden ser utilizadas como marcadores moleculares para realizar una la selección temprana de plántulas elites de *P. pallida* a establecer.

VI. RECOMENDACIONES

- 6.1. Realizar ensayos de expresión génica diferencial en ambientes controlados con *Heteropsylla texana* y *Enallodiplosis discorsis* para determinar los genes que se expresan de manera preponderante cuando estas plagas realizan daños en los árboles de algarrobo (*Prosopis pallida*).
- 6.2. Analizar las proteínas expresadas en *Prosopis pallida* y homologar los resultados con genes ortólogos estudiados en especies modelo como *Arabidopsis thaliana* para predecir con cierta precisión la función que desempeñan en la planta.
- 6.3. Utilizar las proteínas reportadas en *Prosopis juliflora* como marcadores bioquímicos a fin de realizar una selección temprana de plántulas elites a establecer.
- 6.4. Diseñar microsatélites teniendo en cuenta los genes que han sido estudiados a la fecha en las especies más cercanas a *Prosopis pallida*. A fin de generar poblaciones que sean resistentes a las plagas claves como *H. texana* y *E. discordis*, cuyo comportamiento puede ser afectado por inhibidores de proteasas, lectinas, ureasas, etc.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADW (20 de marzo de 2022). Taxonomía de *Enallodiplosis discordis*.
- Ali MS, Baek K-H. (2020) Jasmonic Acid Signaling Pathway in Response to Abiotic Stresses in Plants. *International Journal of Molecular Sciences*. 21(2): 621.
- Álvarez, G. M. (2015). Resistencia a insectos en tomate (*Solanum* spp.). *Cultivos Tropicales*. 36(2): 100-110.
- Arif, I. A. and Khan, H. A. (2009). Molecular markers for biodiversity analysis of wildlife animals: a brief review. *Animal Biodiversity and Conservation*. 32:9-17.
- Azofeifa, D. A. (2006). Uso de marcadores moleculares en plantas; aplicaciones en frutales del trópico. *Agronomía Mesoamericana* 17: 221-242
- Bendre, A. D., Ramasamy, S. and Suresh, C.G. (2018). Analysis of Kunitz inhibitors from plants for comprehensive structural and functional insights. *International Journal of Biological Macromolecules*. 113: 933-943.
- Caravia, E. F. (2013). evaluación de medios de cultivo para la micropropagación de algarrobo tropical (*Prosopis pallida*) H.B.K. Quito, Pichincha. Tesis de grado previa a la obtención del título de ingeniero agrónomo. Universidad Central del Ecuador. Facultad de Ciencias Agrícolas. Carrera de Ingeniería Agronómica. 81 pp.
- Carlini, C.R. and Ligabue-Braun, R. (2016). Ureases as multifunctional toxic proteins: A review. *Toxicon*. 110: 90-109
- Casas, V. C. H. (2014). Industria artesanal del carbón vegetal en el Perú. Tesis para optar el título de Ingeniero Forestal. Universidad Nacional de Cajamarca. Facultad de Ciencias agrarias. Escuela Académico Profesional de Ingeniería Foresta Sección Jaén. 84 pp.
- Chipana, A. K. G. (2019). Ocurrencia estacional de un Cecidomyiidae en algarrobo (*Prosopis pallida*) H.B.K. en Pacasmayo – PERU. Tesis para optar el título de Ingeniero Agrónomo. Universidad Nacional Agraria La Molina. Facultad de Agronomía. 98 pp.
- CONAF (13 de mayo de 2019). Daño de *Heteropsylla texana* en algarrobo. http://www.conaf.cl/wpcontent/files_mf/1382468768RNPampaTamarugal.pdf.
- Correo (8 de abril de 2019). Población beneficiada con el algarrobo. <https://diariocorreo.pe/peru/el-algarrobo-es-el-sustento-economico-de-fam-45688/>
- Cuentas, R. M. A. y Salazar, T. A. I. (2017). De la especie al ecosistema; del ecosistema a la sociedad: revalorizando el algarrobo (*Prosopis*

pallida) y el reto de su conservación en Lambayeque y en la costa norte del Perú. *Espacio y Desarrollo*. 30:129-150.

- Delgado, G. I. (2018). Desarrollo de método HPLC 2D off-line para análisis cualitativo de proteínas mediante Q-TOF-MS. Tesis presentada para optar el grado de máster en Técnicas Cromatográficas Aplicadas. Navarrabiomed Fundación Miguel Servet. 30 pp.
- Díaz, R. F. E. (2011). Distribución altitudinal de Psílidos (Hemiptera) en relictos de *Polylepis* (rosales) en la microcuenca de Pumamarca, san Sebastian-cusco. Tesis para optar al título profesional De biólogo. Universidad Nacional de San Antonio abad del Cusco. Facultad de Ciencias Biológicas. Carrera Profesional de Biología. 80 pp.
- Donnelly, G. P. (2002). The host range and biology of the mesquite psyllid *Heteropsylla texana*. *Bio Control*. 47:363-371.
- Dostert, N., Roque, J., Cano, A., La Torre, M. I. y Weigend, M. (2012). Hoja botánica: Algarrobo. GIZ. Perú.
- Dotor, R.M.Y. y Cabezas, G.M. (2014). Mecanismos de Resistencia Sistémica en Plantas. *Cascavel*. 3(2): 1-19.
- Espinoza, J. y Díaz L. (2014). Desarrollo de negocios utilizando algarrobo orgánico en la asociación de comuneros “Sequion Olmos”. *Rev. del Instituto de Investigación (RIIGEO), FIGMMG-UNMSM*. 17:59-67.
- FAO. (2014). Los bosques y el cambio climático en el Perú: situación y perspectivas. Autor. Perú.
- Fujikawa, Y., Fujikawa, R., Iijima, N. and Esaka, M. (2012). Characterization of Secretory Phospholipase A2 with Phospholipase A1 Activity in Tobacco, *Nicotiana tabacum* (L.). *Lipids*. 47: 303–312.
- Gagné, R.J. and Whaley, O.Q. (2020). The Larva of *Enallodiplosis discordis* (Diptera: Cecidomyiidae: Cecidomyiinae), a Pest of *Prosopis* spp. (Fabaceae) in Peru and Chile. *Proceedings of the Entomological Society of Washington*. 122(1): 243-247.
- Galé, M. L. A., Ortega, S. J. H. y Martínez, C. D. J. (2017). Subfamilias Caesalpinioideae y Papilionoideae (Leguminosae) en tres subregiones del departamento de sucre, Colombia. Trabajo para optar al título de biólogo. Universidad de Sucre. Facultad de Educación y Ciencias. Programa de Biología. 100 pp.
- Gallaber, T. and Merlín, M. (2010). Biology and impacts of pacific island invasive species *Prosopis pallida* and *Prosopis juliflora* (Algarroba, Mesquite, Kiawe) (Fabaceae). *Pacific Science*. 64:489–526.
- Garnica, V. A., Raya, G. J., López, B. J. y Beltrán, P. E. (2012). Señalización del ácido jasmónico y el óxido nítrico durante el desarrollo de *Arabidopsis thaliana*. *Ciencia Nicolaita*. 55: 28 - 45.
- Giménez, A. M. V. (2018). Métodos electroforéticos especificados en la

- farmacopea europea para el control de calidad de hemoderivados. Trabajo fin de grado. Universidad Complutense. Facultad de Farmacia. 18 pp.
- Grados, N. (2013). New Approaches to Industrialization of Algarrobo Pods in Peru. University of Piura. Faculty of Engineering - Laboratory of Chemistry. 1:3-42. cuarias. Carrera de Ingeniería Zootécnica. 98 pp.
- https://animaldiversity.org/accounts/Enallodiplosis_discordis/classification/#Enallodiplosis_discordis
- Jiang, B., Tsao, R., Li, Y. and Miao, M. (2014). Food safety: Food analysis technologies/techniques. Encyclopedia of Agriculture and Food Systems. 3:273-288.
- Juárez, N. G., Grados, Q. N. and Cruz A. G. (2016). Insects associated to *Prosopis pallida* (Humb.& Bonpl. ex.Wild.) at the campus of University of Piura, Peru. Zonas Áridas 16: 28-51.
- Kees, S. M. y Michela, J. F. (2016). Aspectos de la producción primaria y el mercadeo del algarrobo en Chaco, Argentina. INTA. Argentina. 16 pp.
- Klinken, R. D., Hoffmann, J. H., Zimmermann, H. G. and Roberts, A. P. (2009). *Prosopis* species (Leguminosae). ResearchGate. 1: 353-377.
- Li, H., Zhou, H., Zhang, J., Fu, X., Ying, Z. and Liu, X.. (2021). Proteinaceous α -amylase inhibitors: purification, detection methods, types and mechanisms. International Journal of Food Properties, 24(1): 277-290.
- Llanos, A. M. E. (2010). Determinación de biomasa aérea total del algarrobo *Prosopis pallida* (H&B. ex. Willd.) H.B.K. var. *pallida ferreira* en los bosques secos de la comunidad campesina José Ignacio Lavara Pasapera del departamento de Piura. Tesis para optar el título de ingeniero forestal. Universidad Nacional Agraria La Molina. Facultad de Ciencias Forestales. 130 pp.
- Llontop, Ll. J. A., Chávez, S. D. y Díaz, P. A. (2014). *Enallodiplosis discordis* (Diptera: Cecidomyiidae) plaga del algarrobo asociada al cambio climático en la costa norte de Perú. LVI Convención Nacional De Entomología. Universidad Nacional Pedro Ruíz Gallo. Lambayeque.
- Mello, M. O. and Silva-Filho, M.C.(2002). Plant-insect interactions: an evolutionary arms race between two distinct defense mechanisms. Plant Physiology. 14(2): 71-81.
- MINAGRI. (2012). Manual de observaciones fenológicas. Autor. Lima. 99 pp.
- Mormontoy, S. D., (2015). Infestación, daños y enemigos naturales del "Psílido del algarrobo" *Heteropsylla texana* Crawford (Hemiptera-Psyllidae) en el bosque seco de la comunidad de Tongorrape- Motupe-Lambayeque. Tesis para optar el título de ingeniero forestal. Universidad Nacional Agraria La Molina. Facultad de Ciencias

Forestales. 81 pp.

- Munnier, G. N. A. (2015). Identificación y validación de Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) distribuidos en el genoma de *Eucalyptus globulus*. Tesis para optar al grado de Magister en Ciencias Forestales. Universidad de Concepción. Dirección de postgrado. Facultad de Ciencias Forestales- Programa de Magister en Ciencias Forestales. 53 pp.
- NCBI (10 de mayo de 2019). Taxonomía de *Heteropsylla texaca* <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=121850>.
- Passera, C. B. (2000). Physiology of *Prosopis spp.* *Multequina*. 9: 53-80.
- Persia, F. A., Rinaldini, E., Hapon, H. M. and Gamarra, L. C. (2016). Overview of genus *Prosopis* toxicity reports and its beneficial biomedical properties. *Journal of Clinical Toxicology*. 6:1-7.
- Psyl'list (13 de mayo de 2019). Distribución geográfica de *Heteropsylla texana*. <https://www.hemipteradatabases.org/psyllist/?card=taxon&db=psylles&id=526&rank=species&lang=es>
- Quispe, M. J. F. (2014). Análisis de germinación de la semilla botánica de algarrobo (*Prosopis pallida* Kunth) utilizando cinco tratamientos pre germinativos. Tesis para optar el título profesional de ingeniero forestal. Universidad Nacional de Cajamarca. Facultad de ciencias agrarias. Escuela Académico Profesional de Ingeniería Forestal. 88 pp.
- QuteMol (17 de febrero de 2022). Visualización de estructuras de proteínas. <http://qutemol.sourceforge.net>
- Rochina, R. S. G. (2016). Utilización de harina de *Prosopis pallida* (algarrobo) en la alimentación de conejos neozelandés en la etapa de crecimiento y engorde. Tesis para optar el título de ingeniero zootecnista. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Facultad de Ciencias Pe
- Ruan, J., Zhou, Y., Zhou, M., Yan, J., Khurshid, M., Weng, W., Cheng, J. and Kaixuan Zhang, K. (2019). Jasmonic Acid Signaling Pathway in Plants. *Int. J. Mol. Sci.* 20: 2479.
- Sánchez, A. D. (2021). Efecto de los extractos hidroalcohólicos de *Azadirachta indica*, *Eucalyptus globulus* y *Allium sativum* sobre larvas de *Enallodiplosis discordis* plaga del algarrobo en campo. Tesis para optar el título profesional de Biólogo. Universidad Nacional de Trujillo. Facultad de Ciencias Biológicas. Escuela Profesional de Ciencias Biológicas. 55 pp.
- SERFOR. (2015). Interpretación de la dinámica de la deforestación en el Perú y lecciones aprendidas para reducirla. Autor. Perú.

- Smith, C. M. and Boyko, E.V.(2007). The molecular bases of plant resistance and defense responses to aphid feeding: current status. *Entomologia Experimentalis et Applicata*. 122: 1–16, 2007.
- Sotelo, P. A. F. (2017). Uso se activadores de defensa para el manejo de *Delia platura* (Meigen) (Díptera: Anthomyiidae) en semillas de chocho (*Lupinus mutabilis* (Sweet)). Tesis para optar el título de Ingeniero Agrónomo. Universidad Central del Ecuador. Facultad de Ciencias Agrícolas. Carrera de Ingeniería Agronómica. 110 pp.
- Tamay, D. L., Ibarra, C. y Velasquillo C. (2013). Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Investigación en Discapacidad*. 2:70-78.
- Thieman, W. J. y Palladino, M. A. (2010). *Introducción a la biotecnología*. Pearson. España. 406 pp.
- Trademap (07 de mayo de 2019). Exportaciones de productos derivados de algarrobo.
https://www.trademap.org/Country_SelProductCountry_TS.aspx?nvpm=3%7c604%7c%7c%7c121292%7c%7c%7c6%7c1%7c1%7c2%7c2%7c1%7c2%7c1%7c1.
- Uniprot (12 de enero de 2022). Proteínas reportadas en la subfamilia Caesalpinioideae.
<https://www.uniprot.org/uniprot/?query=Caesalpinioideae&sort=score>.
- USDA (03 de marzo de 2020). Clasificación científica del algarrobo.
<https://plants.usda.gov/core/profile?symbol=PRPA4>
- Valdivia, M. M. A. (2018). Evaluacion de la poblacion de *Prosopis pallida* var. *armata* (“huarango”) para conservacion y manejo en cuatro quebradas del distrito de Yarabamba (Arequipa, 2015). Tesis presentada para optar el grado académico de doctor en biología ambiental. Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Escuela de Posgrado. Unidad de Posgrado de la Facultad de Ciencias Biológicas. 110 pp.
- Vandenborre, G., Guy, S. and Van Damme, J.M. (2011). Plant lectins as defense proteins against phytophagous insects. *Phytochemistry*. 72: 1538–1550.
- Whaley, O. Q., Borda, C., Moat, J., Wilkinson, T., Bravo, S. A., Gagné, R. J. (2020). Ecology and diagnosis of *Enallodiplosis discordis* (Diptera:Cecidomyiidae): A fierce new defoliator with direct repercussions for loss of *Prosopis* dry forest and livelihoods in Peru. *Revista peruana de biología* 27(4): 451 – 482.
- Zavala, J. A. (2010). Respuestas inmunológicas de las plantas frente al ataque de insectos. *Ciencia Hoy*. 20(117): 53- 59.
- Zhang, J.J. and Yang, H. (2021). Metabolism and detoxification of pesticides

in plants. *Science of the Total Environment*. 790:- 148034.

Zhu-Salzman, K. and Zeng, R. (2015). Insect Response to Plant Defensive Protease Inhibitors. *Annu. Rev. Entomol.* 60: 233-252.