



Pontificia Universidad
Católica del Ecuador

Genómica comparativa entre *Burkholderia plantarii* y *Paraburkholderia sacchari*, para identificación de genes productores de biopolímeros (PHA).

Maestría en Biología Computacional

Sebastián Andrés Chile Miranda

Ing. Flores Flor, Francisco Javier PhD.

Tutor

Febrero 2024

Derechos de autor

Yo, SEBASTIÁN ANDRÉS CHILE MIRANDA, con cédula de identidad N° 1723208474, declaro que este trabajo de titulación *“Genómica comparativa entre Burkholderia plantarii y Paraburkholderia sacchari, para identificación de genes productores de biopolímeros (PHA).”* ha sido desarrollado considerando los métodos de investigación existentes, así como también se ha respetado los derechos intelectuales de terceros considerándose en las citas bibliográficas.

Consecuentemente declaro que este trabajo es de mi autoría, en virtud de ello me declaro responsable del contenido, veracidad y alcance del trabajo mencionado.

Quito, Febrero de 2024.

Aprobación del director del Trabajo de Titulación



FACULTAD DE INGENIERÍA MAESTRÍA EN BIOLOGÍA COMPUTACIONAL MODALIDAD VIRTUAL

Quito, 16 de febrero de 2024

Sr.
Mgt. Charles Escobar
DECANO
FACULTAD DE INGENIERÍA
PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR

De mis consideraciones:

Se envía el Informe correspondiente a la tutoría realizada al Trabajo de Titulación que se detalla a continuación:

TITULO DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR	Genómica comparativa entre <i>Burkholderia plantarii</i> y <i>Paraburkholderia sacchari</i> , para identificación de genes productores de biopolímeros (PHA).	
DIRECTOR	Nombre	Cédula
	Francisco Javier Flores Flor	1713443479
ESTUDIANTE(S)	Nombre	Cédula
	Sebastián Andrés Chile Miranda	1723208474

Se informa que el trabajo ha cumplido con todos los parámetros establecidos, mediante el cual el Maestrante demuestra el desarrollo de competencias en el campo de conocimiento de su profesión y presenta una propuesta en el área de conocimiento, con un nivel de argumentación coherente.

Dando por concluida esta tutoría de trabajo de titulación, CERTIFICO, para los fines pertinentes, que el Maestrante está apto para continuar con el proceso de LECTURA-EVALUACIÓN.

Atentamente,


Digitally signed by
FRANCISCO JAVIER
FLORES FLOR
Date: 2024.02.16
08:10:12 -05'00'

DIRECTOR/TUTOR DE TRABAJO DE TITULACIÓN

Hoja de evidencia antiplagio (Informe Turnitin)

16/2/24, 08:17

Turnitin Originality Report

 Turnitin Originality Report

Tesis by SEBASTIÁN ANDRÉS CHILE MIRANDA
 From Tesis (METAGENÓMICA - P1762-TEÓRICO-FRACTICO-PV017-05-N02 (Moodle PP))

Similarity Index	Similarity by Source
8%	Internet Sources: 8% Publications: 1% Student Papers: 1%

Processed on 15-Feb-2024 07:58 -05
 ID: 2295436471
 Word Count: 7200

sources:

- 1 2% match (Internet from 04-Feb-2022)
<https://anaconda.org/Kronopt/festaparser>
- 2 2% match (Internet from 14-Dec-2020)
<https://www.pathogenomics.sfu.ca/islandviewer/>
- 3 1% match (Internet from 12-Nov-2022)
<http://repositorio.espe.edu.ec/xmlui/bitstream/handle/21000/23026/T-ESPE-044032.pdf?isAllowed=y&sequence=1>
- 4 1% match (Internet from 10-Dec-2022)
<http://repositorio.espe.edu.ec/spui/bitstream/21000/12814/1/T-ESPE-053715.pdf>
- 5 1% match (Internet from 04-Aug-2023)
<http://repositorio.utn.edu.ec/bitstream/123456789/14415/2/03%20BIO%20059%20TRABAJO%20DE%20GRADO.pdf>
- 6 1% match ()
[Bernabeu, Pamela. "Caracterización de la colonización y promoción del crecimiento vegetal por Burkholderia tropica en gramíneas", 2017](#)

paper text:

Genómica comparativa entre Burkholderia plantarii y Paraburkholderia sacchari, para identificación de genes productores de biopolímeros (PHA). Maestría en Biología Computacional Sebastián Andrés Chile Miranda Ing. Flores Flor, Francisco Javier PhD. Tutor Febrero 2024 Derechos de autor Yo, SEBASTIÁN ANDRÉS CHILE MIRANDA.

4 con cédula de identidad N° 1723208474, declaro que este trabajo de titulación "Genómica comparativa entre Burkholderia plantarii y

Paraburkholderia sacchari, para identificación de genes productores de biopolímeros (PHA)."

4 ha sido desarrollado considerando los métodos de investigación existentes, así como también se ha respetado los derechos intelectuales de terceros considerándose en las citas bibliográficas. Consecuentemente declaro que este trabajo es de mi autoría, en virtud de ello me declaro responsable del contenido, veracidad y alcance

del trabajo mencionado. Quito, Febrero de 2024. Aprobación del director del Trabajo de Titulación Hoja de evidencia antiplagio (Informe Turnitin) Dedicatoria A mis queridas abuelitas, quienes han sido faros de amor, sabiduría y fortaleza a lo largo de mi vida. A través de sus historias y enseñanzas, han marcado la vida de todos quienes las conocen. Cada paso en este camino académico lleva consigo la luz de su legado. A mí mismo, por la persistencia y dedicación, por los momentos de aprendizaje y crecimiento que han dado forma a esta travesía. Este logro es un tributo a su amor inquebrantable y a mi propia determinación. Con gratitud eterna a todas las personas que han dejado huellas imborrables en mi corazón. Agradecimientos Quiero expresar nuevamente mi profunda gratitud a mis padres, quienes han sido fuentes inagotables de apoyo, inspiración y aliento. Su sacrificio, amor incondicional y sabios consejos han sido los pilares que me han sostenido en el transcurso de mi vida. Este logro es tanto de ustedes como mío. A Abigail, por ser mi compañera de vida y por el apoyo y el cariño que me brinda. Su amor y paciencia han sido una guía que ilumina los días más difíciles y regocija con alegría en los días de calma. A Patrick y Ceci, por acogerme con amor en su familia y por su constante apoyo. Agradezco la generosidad con la que han compartido su sabiduría y amistad, contribuyendo significativamente a mi crecimiento personal y profesional. A todos aquellos que, de alguna manera, han formado parte de este camino, ya sea con palabras de aliento, gestos de amistad o enseñanzas valiosas, les dedico mi más sincero agradecimiento. Este logro no habría sido posible sin el respaldo de cada uno de ustedes. Índice General Derechos de

autor.....	2
Aprobación del director del Trabajo de Titulación	3
Hoja de evidencia antiplagio (Informe Turnitin)	4
Dedicatoria	5
Agradecimientos	6
Resumen y abstract	9
Objetivos	10
2.1 General	10
2.2 Específicos	10
3 Introducción	10
4 Revisión de la literatura	13
5 Metodología	17
5.1 Descripción de la ruta	17

https://www.turnitin.com/newreport_printview.asp?eq=0&eb=1&esm=-1&oid=2295436471&sid=0&n=0&m=0&svr=6&r=52.09278904950408&lang=en... 1/9

Dedicatoria

A mis queridas abuelitas, quienes han sido faros de amor, sabiduría y fortaleza a lo largo de mi vida. A través de sus historias y enseñanzas, han marcado la vida de todos quienes las conocen. Cada paso en este camino académico lleva consigo la luz de su legado.

A mí mismo, por la persistencia y dedicación, por los momentos de aprendizaje y crecimiento que han dado forma a esta travesía.

Este logro es un tributo a su amor inquebrantable y a mi propia determinación.

Con gratitud eterna a todas las personas que han dejado huellas imborrables en mi corazón.

Agradecimientos

Quiero expresar nuevamente mi profunda gratitud a mis padres, quienes han sido fuentes inagotables de apoyo, inspiración y aliento. Su sacrificio, amor incondicional y sabios consejos han sido los pilares que me han sostenido en el transcurso de mi vida. Este logro es tanto de ustedes como mío.

A Abigail, por ser mi compañera de vida y por el apoyo y el cariño que me brinda. Su amor y paciencia han sido una guía que ilumina los días más difíciles y regocija con alegría en los días de calma.

A Patrick y Ceci, por acogerme con amor en su familia y por su constante apoyo. Agradezco la generosidad con la que han compartido su sabiduría y amistad, contribuyendo significativamente a mi crecimiento personal y profesional.

A todos aquellos que, de alguna manera, han formado parte de este camino, ya sea con palabras de aliento, gestos de amistad o enseñanzas valiosas, les dedico mi más sincero agradecimiento. Este logro no habría sido posible sin el respaldo de cada uno de ustedes.

Índice General

Derechos de autor	2
Aprobación del director del Trabajo de Titulación	3
Hoja de evidencia antiplagio (Informe Turnitin)	4
Dedicatoria.....	5
Agradecimientos	6
1 Resumen y abstract.....	9
2 Objetivos.....	11
2.1 General.....	11
2.2 Específicos.....	11
3 Introducción.....	11
4 Revisión de la literatura	14
5 Metodología.....	17
5.1 Descripción de la ruta metabólica de la biosíntesis de PHA	17
5.2 Búsqueda de genomas en base de datos.....	18
5.3 Script Python.....	20
6 Resultados.....	24
7 Análisis de resultados	34
8 Discusión	34
9 Conclusiones y Recomendaciones	35
10 Referencias	37
11 Anexos.....	40

Índice de Tablas

Tabla 1. Genes involucrados en la expresión de acetil-CoA C-acetiltransferasa (phaA)	18
Tabla 2. Genes involucrados en la expresión de cetoacetil-CoA reductasa (phaB)	19
Tabla 3. Genes involucrados en la expresión de PHA sintasa (phaC).....	19
Tabla 4. Genes involucrados en la expresión de tiolasa	19

Índice de Anexos

Enlace para ejecutar Jupyternotebook con el script de Python:	40
---	----

1 Resumen y abstract

Este trabajo de titulación se centra en el análisis genómico de las bacterias *Paraburkholderia sacchari*, cepa LMG19450 y *Burkholderia plantarii*, cepa ATCC 4373, con el objetivo de identificar algunos de los genes asociados a la síntesis de polihidroxicanoatos (PHA). Los PHA son polímeros biodegradables con aplicaciones en la producción de bioplásticos, y su síntesis en bacterias ofrece grandes oportunidades para la sostenibilidad ambiental.

Mediante el uso de herramienta bioinformática Biopython, se llevó a cabo la comparación de los genomas de *Paraburkholderia sacchari*, cepa LMG19450 y *Burkholderia plantarii*, cepa ATCC 4373, versus los genes involucrados en la biosíntesis de PHA y en la expresión de Tiolasa.

Los resultados revelan la presencia de genes relacionados con la síntesis de PHA y con la expresión de tiolasa en *Paraburkholderia sacchari*, cepa LMG19450. Dentro del análisis computacional se debe considerar la diversidad genómica y las variantes genéticas que podrían influir en la capacidad de las bacterias para producir PHA tales como: la aparición de transferencia horizontal de genes y la existencia de genes homólogos.

En este trabajo se desarrolló una herramienta bioinformática para la búsqueda de secuencias, y se la usó para encontrar genes involucrados en la síntesis de PHA en *Paraburkholderia*, proporcionando información valiosa para futuras aplicaciones biotecnológicas y computacionales. Este proyecto resalta la potencial contribución de las bacterias estudiadas en la producción sostenible de materiales plásticos biodegradables.

This thesis focuses on the genomic analysis of the bacteria *Paraburkholderia sacchari*, strain LMG19450 and *Burkholderia plantarii*, strain ATCC 4373, with the aim of identifying some of the genes associated with the synthesis of polyhydroxyalkanoates (PHAs). PHAs are biodegradable polymers with applications in the production of bioplastics, and their synthesis in bacteria offers great opportunities for environmental sustainability. Using the bioinformatics tool Biopython, the genomes of *Paraburkholderia sacchari*, strain LMG19450 and *Burkholderia plantarii*, strain ATCC 4373, were compared with the genes involved in PHA biosynthesis and thiolase expression. The results reveal the presence of genes related to PHA synthesis and thiolase expression in *Paraburkholderia sacchari*, strain LMG19450. Within the computational analysis, the genomic diversity and genetic variants that could influence the ability of bacteria to produce PHA must be considered, such as the occurrence of horizontal gene transfer and the existence of homologous genes. In this work, a bioinformatics tool for sequence search was developed, and it was used to find genes involved in the synthesis of PHA in *Paraburkholderia*, providing valuable information for future biotechnological and computational applications. This project highlights the potential contribution of the bacteria studied in the sustainable production of biodegradable plastic materials.

2 Objetivos.

2.1 General

Realizar una comparación genómica entre *Burkholderia plantarii* y *Paraburkholderia sacchari*, para identificación de genes productores de biopolímeros (PHA).

2.2 Específicos

Buscar genomas de las especies *Burkholderia plantarii* y *Paraburkholderia sacchari* en base de datos NCBI.

Identificar y descargar genes encargados de la síntesis de PHA.

Realizar un JupyterNotebook para cotejar los genes encargados de la síntesis de PHA, con los genomas de las especies *Burkholderia plantarii* y *Paraburkholderia sacchari*

3 Introducción.

El género bacteriano *Burkholderia* engloba a un grupo de bacterias multifuncionales. El género *Paraburkholderia* se creó recientemente para dar cabida a las especies que anteriormente formaban parte del género *Burkholderia*, que contiene especies patógenas para plantas, humanos y animales (Sawana et al., 2014).

También se ha descubierto que, el género *Paraburkholderia*, posee genomas con un gran número de grupos de genes biosintéticos (BGC, por sus siglas en inglés) que codifican múltiples metabolitos bioactivos especializados, incluyendo productos naturales antimicrobianos (Petrova & Mahenthiralingam, 2022). Las especies de *Paraburkholderia* están asociadas a plantas y al medio ambiente, y se han identificado como posibles agentes de biocontrol debido a su diversidad de BGC para metabolitos antimicrobianos (Petrova et al., 2022). En general, *Burkholderia* y *Paraburkholderia* presentan una variedad de características, incluyendo la promoción del crecimiento de las plantas, la producción de metabolitos bioactivos y aplicaciones potenciales en bioproducción y biorrefinerías (Oliveira-Filho et al., 2021).

Paraburkholderia sacchari es una bacteria gramnegativa que tiene el potencial para producir moléculas de alto valor a escala industrial, por ejemplo: ácido xilónico, xilitol y poli-3-hidroxi-butirato [P (3HB)], a partir de fuentes de carbono renovables tales como: glucosa, sacarosa, xilosa, arabinosa. Esta bacteria puede producir copolímeros híbridos de polihidroxi-alcanoatos (PHA), los cuales son biopolímeros renovables que presentan propiedades de interés como: biodegradabilidad, biocompatibilidad, baja citotoxicidad, convirtiéndolos en sustitutos ideales para los plásticos derivados del petróleo (Guamán et al., 2018).

A través de la comparación genómica se pretende identificar homólogos de genes que codifican la biosíntesis de los PHA, ya que el género *Paraburkholderia* está dotado de una gran diversidad ecológica y versatilidad metabólica, con gran potencial agrobiotecnológico, pero se debe seguir un camino cauteloso para eliminar cualquier posibilidad de patogenicidad en mamíferos y la posible transferencia de genes de virulencia de los miembros del género *Burkholderia* (Kaur et al., 2017)

La identificación de genes biosintéticos en *Paraburkholderia* es crucial por diversas razones. En primer lugar, las especies de *Paraburkholderia* tienen el potencial de producir productos naturales bioactivos con propiedades antimicrobianas, lo que las hace valiosas para aplicaciones biotecnológicas como el biocontrol y la biorremediación (Petrova et al., 2022; Zheng et al., 2020). En general, identificar genes biosintéticos en *Paraburkholderia* es fundamental para aprovechar su potencial biotecnológico y comprender sus funciones ecológicas. La identificación y caracterización de estos genes podría conducir al descubrimiento de nuevos metabolitos bioactivos y al desarrollo de nuevos fármacos (Paulitsch et al., 2020). Además, *Paraburkholderia* tiene una gran cantidad de grupos de genes biosintéticos crípticos, lo que sugiere la presencia de estructuras novedosas que podrían tener aplicaciones terapéuticas (Webster et al., 2019).

La identificación de los genes responsables de la síntesis de PHA en los genomas bacterianos presenta varios desafíos, uno de ellos es la necesidad de aislar y caracterizar nuevas cepas productoras de PHA, y esto se puede lograr mediante métodos de cultivo y no cultivo, por

ejemplo, el cultivo líquido que no forma colonias (NCFLC) mediante el cultivo por dilución hasta la extinción (DTE) y la selección de células que no pueden crecer en medios sólidos (Alsaadi et al., 2022). Otro desafío es que existe abundante diversidad de genes que expresan PHA sintasa (phaC), y que codifican las enzimas implicadas en la síntesis de la PHA. Estos genes se pueden identificar mediante métodos de secuenciación por PCR o análisis de la secuencia del genoma completo (Reddy et al., 2020; Tan et al., 2020). Además, la presencia de múltiples grupos de genes asociados a los PHA y la aparición de eventos de transferencia horizontal de genes, complican aún más la identificación de dichos genes involucrados en la biosíntesis de PHA (Cai et al., 2011). La búsqueda de diversos genes presentes en el ciclo de biosíntesis de los PHA, dentro de bibliotecas metagenómicas, puede ayudar a identificar nuevos genes para la síntesis del PHA, ya que permite descubrir proteínas funcionales que podrían haber sido excluidas mediante otros métodos de selección (Cheng et al., 2017).

La biología computacional desempeña un papel transcendental en el campo de la genómica comparativa y en la predicción de genes relacionados con funciones específicas. Esta rama científica nos facilita el análisis de grandes cantidades de datos genómicos y proporciona información sobre la función de los genes. Con ayuda de métodos computacionales, tales como herramientas de búsqueda de similitud entre secuencias y máquinas vectoriales de soporte (SVM, por sus siglas en inglés), se puede deducir la función de los genes basándose en búsquedas dentro de bases de datos y otras métricas. Dichos enfoques son particularmente útiles cuando los datos experimentales son limitados o no están disponibles. Además, la genómica comparativa permite la identificación de regiones y estructuras conservadas en los genomas, que pueden usarse para predecir la función de los genes. Sin embargo, los métodos computacionales existentes poseen limitaciones al momento de predecir con precisión la función de las proteínas. Por lo tanto, es necesario seguir desarrollando las herramientas computacionales y la integración de los datos ómicos para mejorar la predicción de las funciones genéticas (Kihara, 2019; Kuan Loh et al., 2018; Prezza et al., 2022).

Biopython es una herramienta que puede servir dentro de la genómica comparativa al proporcionar un conjunto de módulos de Python con implementaciones de algoritmos necesarios para el procesamiento de secuencias genómicas (Nikolić et al., 2022). Las funcionalidades que ofrece Biopython, incluye la capacidad de analizar secuencias genómicas, encontrar similitudes entre secuencias, identificar características inherentes tales como: la simetría del complemento inverso de 3 a 9 bases sucesivas, el sesgo y la múltiple fraccionalidad de la distribución de las bases nitrogenadas en función de la distancia (Takeda & Nakahara, 2009), y la periodicidad de aproximadamente 3 -10 bases, que diferencian las regiones codificantes de las regiones no codificantes (Pérez Alquicira et al., 2022); detectar variaciones en las secuencias y analizar la diversidad genética (Russell & Fiddes, 2021).

4 Revisión de la literatura

El género *Burkholderia* perteneciente a la clase Betaproteobacteria, incluye más de 100 especies de bacterias gramnegativas, aeróbicas, en forma de bastón cuya información ha sido recopilada en la base de datos LPSN (www.bacterio.net/burkholderia.html). Dicho género se dividió en dos géneros según su agrupamiento filogenético: el género que agrupa a patógenos de animales y vegetales se nombra de igual manera (*Burkholderia*), mientras que el nuevo género se denomina *Paraburkholderia* donde se encuentran incluidas las bacterias ambientales aisladas del suelo, el agua y los endófitos. El género *Paraburkholderia* comparte características morfológicas y metabólicas con el género *Burkholderia* (Dobritsa & Samadpour, 2016; Sawana et al., 2014).

Estas bacterias se han encontrado en varios nichos ecológicos, como por ejemplo en la rizosfera del arroz, donde se ha observado que pueden promover el crecimiento de las plantas (Wallner et al., 2022b). También se han utilizado en aplicaciones biotecnológicas como la biorremediación y la síntesis de polihidroxicanoatos (Alvarez-Santullano et al., 2020). Las especies de *Burkholderia* son conocidas por su capacidad para generar productos naturales con una diversidad estructural y funcional, dotándolas de importancia en la ecología y en la búsqueda de nuevos compuestos bioactivos (Wallner et al., 2022a). Por otro lado, se ha descubierto que las

especies de *Paraburkholderia* establecen relaciones simbióticas con plantas de la familia Fabaceae y fijan el nitrógeno atmosférico, lo que contribuye a la fijación biológica del nitrógeno (BNF) (Gallant et al., 2020).

Los PHA son poliésteres biodegradables situados al interior de las células, que en presencia de un exceso de carbono y en bajas concentraciones de nutrientes, actúan como reservas de energía (Pan et al., 2012). Los PHA se clasifican según el número de átomos de carbono en las unidades monoméricas. La primera clase corresponde a los PHA de cadena corta (scl-PHA, C3-C5), que incluye polihidroxibutirato (PHB) y polihidroxibutirato-co-hidroxivalerato (PHBV) empleados en investigación y desarrollo de ingeniería de tejidos, la ciencia de los biomateriales y los envases biodegradables (Rivera-Briso & Serrano-Aroca, 2018). La segunda clase está asignada para los PHA de cadena media (mcl-PHA, C6-C14) (Keshavarz & Roy, 2010).

Se han realizado diversos estudios orientados a identificar los genes que participan en la biosíntesis de los PHA. Por ejemplo, Reddy et al. identificaron cuatro genes (*phaA*, *phaB*, *phaC*, *phaJ*) involucrados en la síntesis de PHA en la especie bacteriana *Bacillus* sp. CYR1 (Reddy et al., 2020). Asimismo, Alsaadi et al. emplearon un enfoque de no cultivo para identificar genes de la PHA sintasa (*phaC*) en metagenomas bacterianos asociados a esponjas, y un enfoque de cultivo para identificar genes de *phaC* en cepas bacterianas asociadas a sedimentos (Alsaadi et al., 2022). Además, Idi revisó diversos procesos para la identificación y caracterización de PHA, entre los que se incluye el uso de técnicas como resonancia magnética nuclear, la espectroscopia infrarroja de transformada de Fourier y cromatografía (Idi, 2019). Máčalová y sus colegas encontraron genes de PHA sintasa (incluyendo *phaC*) en varias cepas bacterianas e identificaron el género *Pseudomonas* como un posible productor de PHA (Máčalová et al., 2023). Por su parte, Raheb y su equipo investigaron la producción de PHA en la cepa nativa de *Pseudomonas putida*, identificando un nuevo gen de PHA sintasa, *phaC1* (Raheb et al., 2013) Estos estudios ayudan a comprender los genes involucrados en la biosíntesis de PHA y el potencial de producción de PHA por diferentes cepas bacterianas.

Con respecto a la producción de PHA en bacterias del género *Burkholderia*, se han realizado diversos estudios desde la década de 1990 (Hang et al., 2002). Una conclusión importante que sale a partir de dichos estudios es que se puede modificar el azúcar empleado como fuente de carbono para ajustar las propiedades estructurales de PHB y su rendimiento como componente de andamios electrohilados, y de esta manera, adaptarse mejor a aplicaciones biomédicas específicas (Sanhueza et al., 2020). Por ejemplo, Sriyapai y colaboradores realizaron un estudio para la producción y optimización de PHA en *Paraburkholderia* sp. PFN29, como una bacteria con gran potencial para futuras aplicaciones industriales (Sriyapai et al., 2022).

Por otro lado, la tiolasa es una enzima que desempeña un papel clave en la biosíntesis de PHA a partir de monómeros de plásticos degradados. Cataliza la condensación de moléculas de acetyl-CoA para formar acetoacetyl-CoA, que es un paso fundamental en la vía de biosíntesis de PHA. Dada su importancia en la vía metabólica de producción de PHA, la actividad de la tiolasa se puede regular para optimizar el rendimiento y las propiedades de PHA. (Zhang et al., 2023).

Burkholderia sensu lato es una colección de géneros estrechamente relacionados dentro de la familia Burkholderiaceae. Incluye especies de importancia ambiental, industrial, biotecnológica y clínica. Un análisis de 194 genomas de *Burkholderia sensu lato* muestra que todas las cepas poseen los genes *phaC*, *phaA* y *phaB* necesarios para la síntesis de PHA, y que el gen *phaC* está generalmente presente en al menos dos copias (Alvarez-Santullano et al., 2021). En la mayor parte de las especies pertenecientes a los géneros *Paraburkholderia* y *Burkholderia*, se ha identificado la presencia de PHA cortas (Scl-PHA), que son sintetizadas por las PHA sintasas de clase I. También se ha logrado describir las vías de síntesis de PHA y el metabolismo del sustrato en *Paraburkholderia* y *Burkholderia* (Wallner et al., 2023). Estos estudios indican que existe un alto grado de redundancia genética, y que puede atribuirse a las capas reguladoras complejas que proporcionan un ajuste fino basado en sustratos y condiciones fisiológicas (Alvarez-Santullano et al., 2020).

Las herramientas bioinformáticas basadas en Python que se utilizan usualmente para el análisis genómico, anotación de genes y predicción de funciones en bacterias incluyen: SAP (Urhan et al., 2023), una herramienta de predicción de funciones genéticas que emplea incrustaciones de proteínas e incorpora sintenia conservada en todo el reino bacteriano. KEMET (Palù et al., 2022) es una biblioteca de Python de código abierto que se enfoca en el análisis de las redes de reacciones metabólicas para identificar ortólogos ausentes en los genomas microbianos. Pyrodigal (Larralde, 2022) es un paquete de Python que proporciona enlaces y una interfaz para localizar ORF ab initio de alto rendimiento, utilizado para predecir regiones que codifican proteínas en secuencias genómicas.

Biopython proporciona varias funcionalidades para el análisis genómico, la anotación de genes y la predicción de funciones en bacterias, incluidas las búsquedas por similitud de secuencias, como BLAST (Urhan et al., 2023), los modelos de Markov con perfiles ocultos (Law et al., 2021) y la extracción de características numéricas (Grigson & Edwards, 2023). Además, Biopython incorpora la sintenia conservada en todo el reino bacteriano mediante un enfoque basado en operones, que mejora la predicción de la función génica (Mishra et al., 2020).

5 Metodología

5.1 Descripción de la ruta metabólica de la biosíntesis de PHA

1. Acumulación de Precursores:

- Las bacterias acumulan precursores metabólicos, como acetil-CoA y propionil-CoA, a través de rutas metabólicas como la beta-oxidación de ácidos grasos y el catabolismo de aminoácidos (Magdouli et al., 2015).

2. Formación de Monómeros:

- Los precursores se convierten en monómeros de PHA, principalmente polihidroxibutirato (PHB), mediante la acción de enzimas específicas, como la acetoacil-CoA reductasa (phaB) y la PHA sintasa (phaC) (Naik et al., 2008).

3. Polimerización:

- Los monómeros de PHA se polimerizan para formar cadenas lineales o ramificadas utilizando la enzima PHA sintasa (Naik et al., 2008).

4. Acumulación de Gránulos de PHA:

- Los polímeros resultantes se acumulan en el citoplasma en forma de gránulos de PHA, que actúan como reservas de carbono y energía para la bacteria en condiciones de limitación nutricional (Naik et al., 2008).

5.2 Búsqueda de genomas en base de datos

Identificamos el genoma de referencia del organismo *Paraburkholderia sacchari* (Adhesión: JTDB000000000), cepa LMG19450 en la base de datos GeneBank del NCBI. También se almacenó la secuencia del organismo *Burkholderia plantarii* (Adhesión: PRJNA237833), cepa ATCC 4373 para realizar la comparación de los genes de interés.

Se obtuvieron las secuencias de los genes encargados del proceso de biosíntesis de polihidroxicanoatos (Alexandrino et al., 2015):

Tabla 1. Genes involucrados en la expresión de acetil-CoA C-acetiltransferasa (*phaA*)

Locación Genómica	Orientación	Nombre	Longitud (aa)
JTDB02000003.1:402 498-403676	+	acetyl-CoA C- acetyltransferase	392
JTDB02000007.1:311 572-312753	+	acetyl-CoA C- acetyltransferase	393
JTDB02000010.1:129 880-131034	-	acetyl-CoA C- acetyltransferase	384
JTDB02000014.1:135 547-135739	-	acetyl-CoA C- acetyltransferase	63
JTDB02000018.1:836 38-83837	+	acetyl-CoA C- acetyltransferase	67

Tabla 2. Genes involucrados en la expresión de cetoacetyl-CoA reductasa (phaB)

Locación Genómica	Orientación	Nombre	Longitud (aa)
JTDB02000009.1:427 46-43492	+	acetoacetyl-CoA reductase	248
JTDB02000014.1:134 529-135272	-	acetoacetyl-CoA reductase	247

Tabla 3. Genes involucrados en la expresión de PHA sintasa (phaC)

Locación Genómica	Orientación	Nombre	Longitud (aa)
JTDB02000001.1:787 252-788943	-	class I poly(R)- hydroxyalkanoic acid synthase	563
JTDB02000007.1:309 591-311429	+	class I poly(R)- hydroxyalkanoic acid synthase	612

Y de los genes encargados de la síntesis de tiolasa (Alexandrino et al., 2015):

Tabla 4. Genes involucrados en la expresión de tiolasa

Locación Genómica	Orientación	Nombre	Longitud (aa)
JTDB02000001.1:356 110-357312	+	3-oxoadipil-CoA tiolasa	400
JTDB02000001.1:6 68659-669822	+	proteína que contiene dominio tiolasa	387

JTDB02000002.1:1 222014-1223183	+	proteína de la familia de las tiolasas	389
JTDB02000006.1:5 9358-60554	-	proteína de la familia de las tiolasas	398
JTDB02000013.1:1 63440-164642	-	3-oxoadipil-CoA tiolasa	400

5.3 Script Python

Se elaboró un Jupyter Notebook en Python con ayuda de las librerías Biopython y Fastaparser.

El código consistió en ejecutar comandos para poder leer: secuencias en formato FASTA, con sus respectivos identificadores.

Posteriormente se ejecutó un código para comparar las secuencias del genoma objetivo (*P. sacchari* y *B. plantarii*) versus las secuencias de los genes identificados como precursores de polihidroxicanoatos (phaA, phaB, phaC y Tiolasa), para identificar secuencias idénticas de estos genes en los genomas objetivo:

```
# %% [markdown]
# Importamos las bibliotecas necesarias

# %%
import Bio
import fastaparser

# %% [markdown]
# Utilizamos la herramienta Seq.IO para leer archivos formato FASTA e imprimimos su descripción:

# %%
from Bio import SeqIO
for record in SeqIO.parse("sequence2.fasta", "fasta"):
```

```

print(record.description)

# %%
from Bio import SeqIO
for record in SeqIO.parse("sequence.fasta","fasta"):
    print(record.description)

# %% [markdown]
# Extraemos la secuencia de nucleótidos de cada especie y la almacenamos como un
STRING:

# %%
with open("sequence.fasta") as fasta_file:
    parser = fastaparser.Reader(fasta_file)
    for seq in parser:
        print('ID:', seq.id)
        print('Descripción:', seq.description)
        print('Secuencia:', seq.sequence_as_string())
        print ()

pbs = seq.sequence_as_string()
pbs1 = seq.description

# %%
with open("sequence2.fasta") as fasta_file:
    parser = fastaparser.Reader(fasta_file)
    for seq in parser:
        print('ID:', seq.id)
        print('Descripción:', seq.description)
        print('Secuencia:', seq.sequence_as_string())
        print ()

bp = seq.sequence_as_string()
bp1 = seq.description

# %% [markdown]
# verificamos la longitud de cada secuencia:

# %%
len(pbs)

# %%
len(bp)

# %% [markdown]

```

```

# Importamos la información de los genes sintetizadores de polihidroxicanoatos (pha)
y almacenamos sus secuencias como un STRING

# %%
phaa = []
with open("phaA.fasta") as fasta_file:
    parser = fastaparser.Reader(fasta_file)
    for seq in parser:
        print('ID:', seq.id)
        print('Descripción:', seq.description)
        print('Secuencia:', seq.sequence_as_string())
        print ()
        phaaa = seq.sequence_as_string()
        phaa.append(phaaa)

# %%
phab = []
with open("phaB.fasta") as fasta_file:
    parser = fastaparser.Reader(fasta_file)
    for seq in parser:
        print('ID:', seq.id)
        print('Descripción:', seq.description)
        print('Secuencia:', seq.sequence_as_string())
        print ()
        phb = seq.sequence_as_string()
        phab.append(phb)

# %%
phac = []
with open("phaC.fasta") as fasta_file:
    parser = fastaparser.Reader(fasta_file)
    for seq in parser:
        print('ID:', seq.id)
        print('Descripción:', seq.description)
        print('Secuencia:', seq.sequence_as_string())
        print ()
        phc = seq.sequence_as_string()
        phac.append(phc)

# %% [markdown]
# Importamos la información de los genes que expresan tiolasa y almacenamos sus
secuencias como un STRING

# %%
tiolasa = []
with open("tiolasa5.fasta") as fasta_file:
    parser = fastaparser.Reader(fasta_file)
    for seq in parser:

```

```

    print('ID:', seq.id)
    print('Descripción:', seq.description)
    print('Secuencia:', seq.sequence_as_string())
    print ()
    tio = seq.sequence_as_string()
    tiolasa.append(tio)

# %% [markdown]
# Verificamos si alguno de los genes sintetizadores de tiolasa se encuentran en la
especie: Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450

# %%
for elemento in tiolasa:
    if elemento in pbs:
        print(f"La secuencia:{elemento} está en", pbs1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento} NO está en", pbs1)

# %% [markdown]
# Verificamos si alguno de los genes sintetizadores de PHA se encuentran en la
especie: Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450

# %%
for elemento in phaa:
    if elemento in pbs:
        print(f"La secuencia:{elemento} está en", pbs1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento} NO está en", pbs1)

# %%
for elemento in phab:
    if elemento in pbs:
        print(f"La secuencia:{elemento} está en", pbs1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento} NO está en", pbs1)

# %%
for elemento in phac:
    if elemento in pbs:
        print(f"La secuencia:{elemento} está en", pbs1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento} NO está en", pbs1)

# %% [markdown]
# Verificamos si alguno de los genes que expresan tiolasa se encuentran en la especie:
Burkholderia plantarii strain ATCC 43733

# %%

```

```

for elemento in tiolasa:
    if elemento in bp:
        print(f"La secuencia:{elemento}, está presente en", bp1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento}, NO está en", bp1)

# %% [markdown]
# Verificamos si alguno de los genes sintetizadores de PHA se encuentran en la
especie: Burkholderia plantarii strain ATCC 43733

# %%
for elemento in phaa:
    if elemento in bp:
        print(f"La secuencia:{elemento}, está en", bp1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento}, NO está en",bp1)

# %%
for elemento in phab:
    if elemento in bp:
        print(f"La secuencia:{elemento}, está presente en", bp1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento}, NO está en", bp1)

# %%
for elemento in phac:
    if elemento in bp:
        print(f"La secuencia:{elemento}, está presente en", bp1)
    else:
        print(f"La secuencia:{elemento}, NO está en", bp1)

```

6 Resultados

Se analizaron los genomas de dos especies bacterianas: *Paraburkholderia sacchari* strain LMG 19450 y *Burkholderia plantarii* strain ATCC 4373, en busca genes idénticos a los estipulados en las tablas 1,2,3,4 y 5 ,involucrados de la biosíntesis de PHA:

Como resultado, se obtuvo que en *P. sacchari* están presentes los genes involucrados tanto en la expresión de Tiolasa, así como de phaA, phaB y phaC:

Genes de expresión de Tiolasa:

La secuencia:ATGACGGAAGCATTTCATTTGCGACGCGATACGCACGCCGATCGGCCGCTACGCGGGCGCCCTTGCAGGTTTCGCGCCGACGACCTCGGGCGGTGCCGCTCAAGGCGCTCATGGAGCGCAACAAAGAGGTGGACTGGGCGGTAATCGACGACGTGATTTACGGCTGCGCGAACCAGGCGGGCGAAGATAATCGTAACGTGCGCGCA TGTCGTCGCTGCTGGCGGGCCTGCCGACGAGTGCAGGTTGACGGTGAACCGGCTGTGCGGCTCGGGTATGGATGCCATCGGCATTGCCGCACGCGCGCTCAAGTC CGGCGAGACGGGGCTGATGATCGCGGGCGGCGTGGAGAGCATGAGCCGCGCGCCGTTTCGTGATGGGCAAGGCGGCAAGCGCCTTCGCCCAGACGCGCCATCTACGAC ACGACCATCGGCTGGCGCTTCGTCAATAAGCTGATGAAGCAGCAGTACGGGGTGGACTCGATGCCGAGACCGCCGAGAAGCTTGCCGTCGATTACGGCGTGAGCCGC GCCGATCAGGACGCGTTTCGCGCTGCGCAGCCAGCAGAAGGCCGCGCGTGCAGGACGAGTACGCTCGCACAGGAAATCGTTGCGGTGACAATCGCGCAGAAGAAG GCGGATCCGCTCGTGGTGTGCGCGGACGAGCATCCGCGGAGACGAGTCTCGAAACGCTGGCGAAGCTCAAGGGCGTCGTGAGCGCGGATGGCTCGGTACCCGCGGGCA ATGCGTCGGGCGTGAACGACGGCGCGTGCAGCGTGTCTCGCAAACGAGGCCAATGCGAAGCGCTTCGGTCTGACGCGCGTGCAGGAGTGTGCGCATCGGACCCG GGGCGTTGACCCGCGCGTGTGGGATCGGTCCGCGCCCGCCACGCAGAAGCTGCTCGCGAATCTGAACATGACCATCGACCAGTTCGACGTGATCGAGCTCAACGAA GCGTTTCGCTTCGCAAGGGCTGGCCGTGTGCGCATGCTCGGCGTGGCCGATGACGATCCCCGCGTCAACCCGAACGGCGCGCCATCGCGCTGGGTATCCGCTGGGCA TGAGCGGCGCGCTCTCGTGACCACGGCGATGTACCAGTTGCATCGCACGAGGGGCGCTATGCGCTGTGCACGATGTGCATCGGCGTAGGCCAGGGCATTGCCATCGC CATCGAGCGTGTGTTGA está en Parabrurkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:ATGAGTCTGAACGGAGCAGCTATATCGTTCGGCGCCTACGAGCACCCGACACGCAAGGCCGACGACCTTTCGGTGTGCGCTGCACGCCGACGTGGCG AAGGGGGCGCTCGAGGACGCGGGCCTGACGAAGGACGACATCGACGGCTACTTTCGCGCAGGTGACGCGCCGGTCTCGGTACCACGACGGTGCAGCAATATCTGGGCG TCGAGCTGCGCCATGTCGATTGACCGAGTGCAGCGGTTCCGCGCCGATCCTGCACGTGCGCACGCGGCTGAAGCGATCAAGGCCGGCCGCTGCAACGTGGCGCTGAT CACGCTCGCGGGCCGTCGCGTGCAGCGGGCGCCGCGTGTGCTGAAGGCGCCGACCCCGACGCGCCGAAAGTGCAGTTCGAGCTGCCGTTTCGGCCCGCCACGCAGA ACCTGTACGGCATGGTGCAGAACGCTCACATGTACGAATTCGGCACCCAGGCGAGCAGTTCGCGTGGATCAAGGTGGCGGCTCGCATCACGCGCAGCACAACCCGAA CCGGATGCTGCGCAATGTCGTGACGGTCAAGACGTCGTCAATTCGCGTGGTGGCCGATCCGCTGCACCCGCTCGACTGCTGCGTGTGAGCGACGGCGGGCGCGG CTGATCGTTGCGCGCCCGAAATCGCGAAGCAGCTCAAGCGCCGCTCGTCAAGGTGCGCGGCACGGGCGAGGCACCGAAGCATGCGGCCGGCGGCAACATCGACCTCA CCTGGTTCGGCGGGCAAATGGTTCGGGGGCGGCGGCTTCGCCGAGGCTGGCCCTCACGCCGAGGACATCAGGTACGCGTGTGTACGACAGCTTCACGATCACGGTGTG TATGACGCTCGAAGACCTCGGCTTCTGCAGGAAGGGCGAGGGTGGCAGGTTTCGTGATGGACGGCAACCTGATCTCGGGCGTGGCAAGCTGCCGTTCAATACCGATGG CGGCGGATTTGTGCAACAACCACCCGGCCAACCGCGGCGGCTCACCAAGGTGATCGAGGCCGTCGCGCAGCTGCGCGGCGAGGCGCATCCCGCCGTCAGGTCAAGAAC TGCGATATCGCGCTCGCAACGGTATCGGCGGCGCGTGGCGTTCGCGTACACCCGCGGGCACGCTGATCCTGGAACGGGAGTAA está en Parabrurkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:ATGGAATCTGATTTTCGGCGGCGTGCCTGGTTCGCGGCGTCGAGGTGCCATATCGACGCCAGGCGCCAGAGCACACGACCCGGCGATTTGCTGGCCAG GCGTTTCGCGCTGGCGCTCGAGCAATCGGGTTTCGAGGCGCGGAGGTGGACGGCCTTGGCGTGGCGTCTTTACGCTCGCCCCGATCATGCGATCGACATGGCCTGGC GGCTGGGATCAGCCCGCGCTGGTGCATGGACGATTGCCACGGCGGCGGAGCGCGATCAACCTGCTGCAGCACGCGATCCGCGCGGTGCAGCACGGCGACGCCTCAGT GATCGTGTGCTTTCCGGCGACCGCTTCGAGGCCGCGGATTTCCGGCAACTGGTTCGAGCACTACAACCTCACGACGCGCACCTATCTCGGGCCGCTCGAAAACGGCGGG CCGAACAGCCTGTTCCGGATGCTCACGACGCGCACTCGCGCCGCTACGGGCTGGACGCGCGGATTACGGCGCATTTGTGCGTGGCGCAGCGGAGTGGGCGCACTCA ATCCGGGCGCGGTGTACCCGCGCGCGTACGCTCGACGAGTACCTCGCGGCGCGCGCTGGCCGACCCGCTCGGGCGCTTCGATTGCGTGCCTGTTGTGCGGGGGG AACCGCGTGTGGTGGCGCGCGGATCTCGTGAAGCGCAGGCCGAACACGCGCATGCGCGGCTTCATGTGCGCGCCTTGCAGTCCGCTACAACCCCGATCATCAGA CGGGCGACGGCCTGGAGACGGCCCTCGCCGCGTTCGCGGCGCGCTCTGGGCGCAGGCCGGCGCGCCGCGCCGCGCCGACATCGACGTGATTTTCGGTCTACGACGACTACCC GGTGATGACGCTGATCCAGCTCGCCGATCTCGGCTACGCGCCCGCGGCGGACCTGCGCGCGTGTGCGCGCATCGCGTTCGCGCGAGCTGGTGGTGAACACCTCGGGC GGGCAGTTATCGGCGGGGACGGCGGGCGGCGGGCGGCGGATGCACGGGCTTGTGCAAGCGATCCGGCAGTTTCAGGGCCTGGCTGGCGCGGTCAGGTGCATGAGGCGC

GGCTCGCGCTCGTGAGCGGCTACGGCATGGTGCAGTATCGCTACGGCATGTGTGCGAATGCCGTCGTGCTCGAAAGGAGGTCGGCATGA está en Paraburkholderia s

acchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence
La secuencia:TCATACTTTTTTCGAGCGGAGCGGATAACCCTGGCCGCCCGATGCAAAGCGTCACGACGCCACGACGCAAACCGTCGCGCTGCATCGACCATGCAAGC
CGCGTCGTAGGATCGCGCCCGTCGCGCCGATCGGATGGCCATGTGCGATCGCGCCGCTTCCACGTTACGATATCGTCAGGAATGCCAAGCTGCTTGATCACCGCGA
GCGGTACCGCCGGAAGGCTTCTGTTGATCTCGAAGCGATCGACGTCGGCGAGCGACCAGCCCGCGCGGCGCAGCGCAAGCTGAACCGCTGGCACGGGGCCGAGGCCGAA
CATGCCGGGCTCCACAGCCGCGACTCCCCACGCCACGAGCCGCACCATGGGTGCGAGCCCGTGCGCCCTCGGCAAATCCGCGCTCGGCCACGAGCATCGCCGAGCCGCGC
TGTTACAGCCCCGCGCGTTGCCCGCTGTGATTGTGCCGTGAGGACGGAACGCGGGCTTGAGCTTCCGCCAGCACTTCAATGTGCTGTCCGGACGCGGCGCTTCTGTCGGT
TTCAAACGTTTCGACCCCTTTGCGCCCTTACCTCCACGGCGACGATCTCGTCTTGAAGCGTCCGGCCGCTGCGCCGCTGCGAAGCGCTGCTGCGAACGCGCGGCC
AGCGGTCTGTTCTCGCGCTGAGTTCGGCGTGGTGCAGGATCTTCGGTATGCCAGCCGAATGCTCGCCGAGAACGCATCGACGAGTCCGTGCGCAGCATGCT
GTCCTGCACCTGGGCGTTGCCATTTCGATAGCCCAGCGCGCATCGTCGAGTAAAAACGGCGCGCGGTCCATGTTTTCCATGCCGCCCGCCACCGCGACGTCGGCGAGA
CCGAGCAGGATTTCTGTGCGGCGCTCGCAACGGCCTGCGCACCCGAGCCGATACGCGGTTACCGTGAGCGCGGGCACCGAGACGGGCACGCCGCCCGGAGTTCCG
CCTGGCGCGCGGGATTCATCTTGTGCGGCTGGATCACGTTGCCGAGTACGACCGACCCGAGCAAAGCGGGATCGAGCTTTGCGCGCGCGAGCGTCTCGCGACCCG
AATCGCACCAAGCTCCGTGGCCGCGCACCCCTTTAGCGCGCCATTGAAGGCGCCGATTGCCGTGCGCACCGGTTGGCATAGAACAATCTCGCGTGTGAATTGAAGCTG
CTCAT está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:TCAGATGCGCTCGATCGCCAGCGCAATACCCTGGCCGACACCGATGCACATCGTGCAAAGCGCGTAGCGCCCTGGGTGCGCTCCAGTTGATGCAGCGCG
GTCGTGACGAGCCGCGCGCCGAAGCGCCGAGCGGATGCCCCAGCGCAATCGCACCGCGGTTCCGGTTACGCGTGGATCGTCGTGCGCGACGCCGAGCGCGCGCAGCA
CGGCGAGGCCTTTCGATGCGAATGCTTCTGTTGAGTTCGATCACATCGAATTGGTTCGAGCGTCATATCCAGTTGCTTGAGCAACTTTTTCGCGTGGCGGGCGCGGGCCGA
AGCCCATGATGCGCGGCGGACGCCGCGCTGCCATGCCGAGCACGCGCGCGCGGCGCAGGCCATACTGGCTTGGCGTGCCTTCATTTCGCGATCAGCAGGGCGCA
TGCACCGTCGTTGACGCCCAGGCGTTGCCGGCCGTGACCGTGCCTGCGGTTTACCACGCCCTTGGCTTGGCGAGCGCTTCGAGCGACGTTTCGCGCGGATGCTCG
TCGAGCGTCACGCGCACCGGTCGCTTCTTCTGCGGATCTCGACCGCGACGATTTCTGCGCCAGCGTGCCGCTCTTCTGCGCGCGTGGCGGCTTCTGCTGGCTGCG
CAGCGCAAAGCGTCTGATCGGCGCGGCTGATGTTGAACTCGGTCGCGACGTTTTCGGCGGTTTCGGGCATCGAATCGATGCCGATTGCTGCTTATCAGCTTGTTC
ACGAAACGCCAGCCGATGGTGGTGTGTAATGGCGGCGTCTCGCGAGAAGGCCGATGCGGCCCTTGGCCATCACGAACGGCGCGCGCGTTCATGCTTCCACACCACCCG
CGATCATCAGCCGCGTTCGCCGGCCTTATGCGCGCTGCCGCGTGCCTACTGCGTCGAGTCCGAGCCGCACAGGCGGTTGAGTGTGCCGCCGGCACGTCGCTGGG
CAGGCCTGCGAGCAGCGGCCATGCGAGCGACATTGCGGTTGTCTTCGCCGGCCTGGTTGGCGCAGCCGTAAGCACGTCGTCGATGGCGCTCCAATCCACGCCGGGA
TTGCGCTCGACTAGCGCACGAATGGGCACGGCGCGAGGTCGTGCGCGCGCACGTCCTTTCAGGGCGCCCGTAGCGGCCAACGGAGTGCGAATCGCATCGCAGATAT
AGGCTTCGGTCAT está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

Genes de expresión de phaA:

La secuencia:ATGGATCCGGTGGTGATCGTGGCAGCGGCGCACGCCGATGGCGGGCTTTCAGGGCGACTTCCGCCGATTGACCGCGCCGCAACTGGGGCGCGGCGGG
ATCGCGGCCGCGCTCGAACGCTCGGGCCTGAAGCCCGAGCAGATCGACGAGGTGGTGATGGGTGCGTGCTGCCCGCGGGCCAGGGCCAGGCGCCCGCGCGCCAGGCGG
CGCTTGGTGGGGCCTGCCGCTCGCGGCCGCGCGACCACGGTGAACAAGATGTGCGGCTCGGGCATGCGCGCGGCGATGTTTCGCGCATGACATGCTGCTGGCGGGTTC
GGCGGAGGTGATCGTCGCGGGCGGTATGGAGAGCATGTGCAACGCGCCGATCTGCTGCCCAAGCGCGCGCGGGCATGCGCATGGGGCATGGCCAGGTGCTCGACCAC
ATGTTCTTCGACGGACTCGAAGACGCTACGACAAGGGCCGCTCATGGGCACCTTCGCGGAGGAGTGGCGGGCGAATTCGCCTTCTCGCGGAGAGCCAGGACGCCT
TTGCAATCGAGTCGCTCAAGCGCGGAAGCGCGCCAACGAGGACGGCTCGTTTCGCTGGGAGATCGCGCCGGTCAAGGTGGCCACGCGTGGGGCGAGGCCACGATCGA
GCGGACGAGCAGCCGTTCAAGGCCAACCTCGACAAGATCCCGACGCTCAAGCCCGCCTTACGCAAGACCGGCACGGTGACGGCGGCGAATTCCTCGTCGATCTCGGAC
GGCGCGGGCGCTCGTGATGATGCGCGAGTCCACGGCGAAGCGCCTCGGCGCCAGCCGCTCGCGCGCGTGACGGGCCATTCGACGTTTCGCGCAGCAGCCCGGAAGT
TCACGACCGCGCCGGTGGGGGAATCGCGAAGCTCTTTGAGAAGACCGGCTGGAAGGCGGCCGACGTCGATCTTACGAGATCAACGAGGCGTTCGCCGTGGTACCAT
GGCCCGATGAAGGAGCAGATCTGCCGACGAGAAGGTCAACGTGAACGGTGGCGCTTTCGCGCTGGGCCATCCGATCGGCGCATCGGGCGCGCGCATTCTCGTCACC

TTGATCGGCGCGCTGCGCGCACGCGTCTGAAGCGGCGGTGGCGACCCTGTGCATAGGCGGTGGCGAGGCGACCGCAATGGGCGTCGAACTCATGTAG está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:ATGACTGACATTGTGATCGTTTCGGCCGCGCGCACCGCGGTGGGCAAATTCGGCGGTTTCGCTGGCAAAGATTGCCGCGCCCGATCTGGGCGCGCTGGTCAATCAAGGCAGCGCTGGAGCGCGGGCGTGAAGCCCAGCAGGTAAGCGACGTGATCATGGGTGAGGTGCTGACCGCGGTTTCGGGCCAGAACGTTGCGCGCCAGGCGCTCGATCAAGGCCGGGTGCCTGCAGCGGTGCCGCCATGACGATCAACAAGGTGTGCGGCTCGGGCCTGAAGGCCGCTGATGCTCGCGGCCAACCGGATTATCGCGGGCGACTCGGAGATCGTCTGGCCGCGGCCAGGAGAACATGAGCGCGGCCGACAGTGTGCTGCCGGGCTCGCGCGACGGCTTCCGCATGGGCGACACGAAGCTCGTTCGACACATGATCGTTCGATGGTCTGTGGGACGTTTATAACCAGTACCACATGGGCGTGACCGCGAAAACGTGGCGAAGGAATACGGCATCACGCGGAAGAGCAGGACGCGTTCGCGGCGCTCTCGCAGAACAAGGCGGAAGCCGCGCAGAAGGCGGGCCGCTTCGACCGGAAATCGTGCCGGTGGAAATCCCGCAGCGCAAGGGCGACCCGCTGGTGTTCGAGACCGAATTCGTGCGCCATGGCGTGACGGCGAATCGCTCGCGGGCCTGAAGCCGGCGTTCTCGAAGGAAGGCACGGTGACGGCGGCGAACGCATCGGGTCTGAACGACGGCGCGGGCGGTGCTGGTGATGTGCGGCGAAGAAGGCCGAGGCGTGGGCCACACCGCTTCGCGCATCAAGGCGTACGCGGCCGGCGGCGTGGATCCGAAGGTGATGGGCATGGGCCCGGTGCCGGCATCGAAGCGCTGCCCTGGAGCGTGGGGCTGGTTCGCGGGCGACCTCGATCTCATGGAGATCAACGAGGCGTTTCGCGGGCGCAGGCGCTCGCGGTGAACAAGCAGATGGGCTGGGACACGTGCAAGATCAACGTGAACGGCGGGCGATTGCGATCGGTACCCGATTGGCGCATCGGGCTGCCGATTCTGGTGACGCTGCTGCACGAGATGCAGCGCCGCGACGCAAAGCGCGTCTGGCCTCGCTGTGCATCGGCGGCGGCATGGGCGTGGCGCTTCGCTCGAGCGCGCTTGA está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:TCACCCAAGGCGTTCGATAATGGTTACATTGGCTTGGCCGCGCCTTCGCACATCGTCTGCATGCCGTAGCGCCCGCGGTCCGCTCGAGTTCGTGGAGCAACGTCTCATCAGTTTCGCGCCAGTTCGCGCCAACCGGATGACCAAGTGCAGTGGCACCACCGTTGACATTCGTCTTTTCATGGGGGAAGCCGGTCTCTTTCAACCAAGCCTGAACGACTGACGCAAAAGCTTCATTGATCTCCACGAGGTCAATGTCCTGCAGGCTAAGCCCCGCTTCTTGAGCGCAGCCGCTGTGCGGGAAATCGGCGCAGTAAGATGCCAAATCGGGTCATCCGCGAGGACACTCATGTGCCTGATTCGCGCGCGGGCTTGAGGTTCATAGCGCTTGAGCGCCGCTCTGACACGATCAACACTGCCGACGCTGCATCGCACGTTTGGCTCGATACTGCAGCAGTGTCTTGCTAAATTCGGCGCCACCGGCTGAAGCGTGCCTATTTTTCAAGCGTGGTCTGGCGTGGCGTCTCATCCTTCGAAAGGCCGGCGATAGGAGAGATCTCGCGATCAAAGCGTCTTCGTCAATCGCTTGCAGCGCGCGCGATGACTTTCGAGCGCGAAGCCCTCCATGTGAGAGCGAGACAACCTCCACTTGTGCGCAATGATCTGAGCGCGTAGAACTGATTCACCGGTTGATCGCCAAAACGTGCTTTCACCCCTGACTGCCCCGAGAACGGATCAGTGAAGCCAAGCGGCTGTGCTGCCGTCATCGCATAGGCGATCGGGACAAGGTCATGTTCTGCACGCGCCAAACGGCGACGACGCTCCTGCTCCCGTTCATCACAGCCTGGGCTGCGAATGTAGCGCCTGCTGCGACGACCCACACGCGGATCAATCACCGTACCGGGCACATGGACCGGCAAGCCCCGAGCAAGCCACGACGATCGACTGATAACCCCGCGGTTGGCCCCAGCAGCATCGACGCAACCAAACTACTCGTCTGCTAGTCTTCGGCCGGAATCGAATTCGCTCAACCAGGGTCTTCAGAACATGTGCACCCAGGTCGGCAGGGTGAACCTGCGACAGGCTACCGCCGCTTTCCCGTCCGGGTGCGCAATGCGTCTACGATATACGCTTCGGGCAT está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:TCAAGCGGCTCGAGCGCAAGCGCCACGCCATGCCGCCCGGATGCACAGCGAGGCCAGACCGCGCTTTGCGTTCGCGGCGCTGCATCTCGTGCAGCAGCGTACCAGAATCCGGCAGCCGATGCGCCAATCGGGTGACCGATCGCAATCGCCCCGCGTTACGTTGATCTTCGACGTGTCCAGCCCATC está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia:TTGACTGACATTGTGATCGTTTCGGCCGCGCGCACCGCGGTGGGCAAATTCGGCGGTTTCGCTGGCAAAGATTGCCGCGCCCGATCTGGGCGCGCTGGTCAATCAAGGCAGCGCTGGAGCGCGGGCGTGAAGCCCAGCAGGTAAGCGACGTGATCATGGGTGAGGTGCTGACCGCGGTTTCGGGCCAGAACGTTGCGCG está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

Genes de expresión de phaB:

La secuencia:ATGCGTAGCGAACCGGTTGCTTTTGTGAGCGGCGGGATGGGCGGTTGGGCGAGGCGATCAGCCGGAGGCTGCACGATGCGGGCCTGACGGTTCGCGGTTTCGCATTCGGAGACAACGATCACGTGATCCATTGGCTCGATCGCGAGCGCGACGGGCCGACGTTCCACGCTTCGGGATCGACGTGGCGAGCTACGATTCGTGCG

CCGAGTGC GCGCAGCGGGTCCTGTCGCAACTGGGCACGGTCGACGTCCTGATCAACAACGCCGGCATCACGCGGACGCTAGCTTCTTGAAGCTCACCAAGCGCGCATG
GGATGAGGTGATGCACACGAATCTCGACAGCGTCTTCAATCTCACCCGGCAATTCCTTCCCGGCATGGTGGAGCGGGCGCTTTGGCCGCGTCTGTAACATCAGCTCGGTG
AACGGTTTCGCGCGGGCGCTTTGGTCAGACCAATTACGCGGCGTCCAAGGCCGGCATCCACGGCTTACAGATGTCGCTGGCGCTCGAAGTCGCGAGGCACGGCGTCACGG
TGAACACCGTCTCGCCCGCTATCTCGCGACCGCGATGGTGGAGGCGCTGCCGACGAGACATCATGGAAAACCGCATCCTGCCGAGATTCCGGTGGGCGGGCTTGGGGC
TCCGGAAGAGGTGGCGTCTGATCGCCTGGCTTTGCTCCGACGATGGCGATTTCGCCACGGGCGCCAACCTTCGCGTCAACGGCGGCATGCACATGCATTGA está en
Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

La secuencia: TTA CTGCATGTGCTGGCCGCCGTTGATGGGGATATTCGCGCCGGTCACGAAGCTGGCGTCTGTCGAGCACAGGAACAGCACGAGCGCGGCAACTTCATT
CGGGCTGCCGAGACGGCCATCGGGATCTGCGGGATGATCTTCGTATCGAGAATCTCCTGCGCAATGGCGGTACCATCTTCGTTGCAAGATAGCCCGGCGAAATCGTG
TTCACCGTCACGCCCTTTCGCGGCGACTTCCAGTGCAGGCGATTTTCGTGAAGCCGTGCATGCCGGCCTTCGCCGCGGCATAGTTTCGTCTGGCCACGGCGCCCTTGGAGCC
GTTACCGACGAAATGTTGATGATGCGGCCACGCGCGCTCGACCATCCCGTCGCACAGCGGCTTCGAAATATTGAAGATGGAGTCCAGGTTTCGTGCGCAGGACCATG
TCCCAATTGACCTTGCCATCTTCTTGAATGTCACGTGCGCGTGCATGCCCGCATTGTTGATCAGAATGTCGACGGGGCCGACTTCGTTCTTGCATCTTCTGCGCGCCG
GCTGGCACGAATCGTAGTCGGCAACGTGCATGGAATACGCGTGAATTCGCGGCCGCCCTCCTTCATTCTCGCGAGCCAGTCTTGGCTCCTGCGTTGTCCGGCGAGTG
CGTGACGACAACCGTATAGCCCGCGTCTACAAACGGACGTAATCGCCTCACCGAGACCGCCATGCCACCTGTTACCAATGCAATACGCTTAGTCAT está en Parab
urkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence

Genes de expresión de phaC:

La secuencia: TCAGTCCGCCCGCACCTTGACATAGCGGCCCGGTGCCGGCTCGAACGGCTCGTGCTTGGGATTCCTCAAGTCGCGCGGAGCCTTGACCCGGCCGCCCGAG
TGA CTGCCAGCCAGCTGGCCCAATGATTCACCCAGCTCCCGGCATTTCTCCGACAGAGCCAGCCAGCCTTGCATCGCTGTGAGATCGCCTTCGGCCCAATAACT
GCGCTTGTCTTCGCGCCGATGATGACGCGGCAATGTGACCGCTAGCCCCGAGGACGAAGTTCACGTGCGCCCAAGCAGCTGCGTGTGCGCCATGCCGATTGC
CACGGCACGATGTGATCGTCTCGTGGCCAGCACGTAGGCGGGCGCGTGCATGCGGCGGAGATCCACGGCACGCGCACATGCTCAGCTTCCGGGGCACGCGCAGAT
TGTTCTCGAGATAACATATTGCGCAGGTACCACGTACATCGTCCCGCAGATTGGTGCTGTCGGCATTCCAGTAAAGAAGATCGAACGCCGACGGCGTCTTGCCTTT
CAGATAATTGTTGACGACATAAGGCCAGACAAGGTGCTTGGCGCGCAGCATCTGAAACGTAAGCCAAGCTCGCGGCCCGAGTAGATGCCGCCGTGCCCGATCGTCAG
TTCCCGCTGCGAAACGGTTGGCTCGTTGATGAAAACACCGAGATCGCCGGGATCGGTAAAGTCGAGCATCGTCTGAGCAGCGTCAGGCTCGCGACCGTGTCTTTCGTTG
CGCGCAGCGTACCGCCAGCGCCGACGAAAGGAGCGTGCCGCCACACACCAGCCACGGTGTGACCTTGTCCGCGCCGTAATCGCCAGCGTCAGTGCATCGCCTG
CATGACGCCGATTCCAGATAGTCTCCAGGTCTGCGTGCCAGATCGGCGTCCGGATTACGCCACGAAATCATGAATACAGTCTGCCCTGCTCGACGGCAAAGCGC
ACAAACGAGTTCTCGGGTGCAGATCGAGAATGTAGA ACTTGTGATGACGGGCGCACGATCAGCAATGGCCGCTTCGCGACCTGCGCGGTTAGCGGTGCGTACTGG
ATCAACTGAAAGAGATCGTTCTCGAATACGACTGAACCTTCCGATACGGCCACGTTGCGGCCACTTCGAAAGCGGTTTCATCGGTGATGGAAATGGTCTTGCAGCG
AAGTCTCCTGCAGGTTGGCGATGCCATCCAAAAGACTTTCGCCGTTGGACTCCAGCGCCGTCCGACGGGCTTCCGGGTTTCGTGATTCCGTAGTTTGGCGGGCTGGCCG
CATCGATGAACTGGCGGTGAAGAAGCGCAGCTTTTGTCTTCTTGTGCATCGAGGGATACCGCCTCGACACACTGCTCGAGAAGGCGCGCTTGCATCAGGTAGTTCTG
CTTGAGAAAGCTGTACCAGGCATTGTTGACCATTCGTCTGCTGAAACCGGCGATCGTGCCGCTCAGGGCTGATCGCAGGCGGCGCTTCCATGCCGACGGAACGGGTT
AACGTGGCGGCCAGAGCGTCAGCTTTTGTGTCAGGTATTGCGTGTCTGCGTGCAGTTGCGGGCTCGGAAGCGTGTCTGCAACCAATGCGACGCCGAGAACATCTTCA
TGAAGTCCAGCATTGCGTTGGACCACGCTGAACGGCGACTTCCGACACATTGGATTGAGTAGTCAT está en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_
1, whole genome shotgun sequence

La

secuencia: ATGCAACAGATGCTTGCATGGTGGACGCAGGCATGGCGCAGCGCCATGGATGCCGCGCAGCAATCGGGTATGCAGCACTGGGGCCAGGGCGGGGCAACC
CGGCGCATTTGGCCTGGTATGGCCAACGGTGGCGGAGCGCCGCGCCGAATCCCGTTTCAGGCGGCGTTCAACGCCGCAATGAATCCCACCGGATGCGTTCCGCTTTG

GGCGCGCTCGAGGCGTTCAAGCTACCATCGGCCTCGATCGAGCCTACGCGTTTGCAGCATTTGCAGGCCGAGTACTCGCGCGATGCACTCGAACTGTTGCGCGAGGCGT
CTGCTGCTTCGCCAAGGCCCGGAAGTCAAGGATCGTTCGCTTCAACGCGGACGCGTGAAGGCCACGCCGGCCTATGCGTTCACGGCGCGTGGTATCTGCTCAATGC
GCGTTACCTGCATGAGATGGTTCGACGCCATCGAAACCGATGCAAAAACGCGGAGCGCATCCGCTTCGCGGTTACGCAATGGACGGCGGCTGCGTTCGCCAGCAATTTT
CTCGCGCTCAACCCCGAGGCGCAGCACGCGCTGCTCGAAAGTACGCGGAGAGCCTGCGCCAGGGCGTGATGAATCTGCTCGGCGACATGTCGCGCGGCAAGATTTTCGC
AAACCGACGAATCGCGCTTCGTGGTGGGCCGCAATCTCGCTAACACCGAAGGCTCGGTGGTGTTCGAGAACGAGCTGTTCCAGCTCATCCAGTACAAGCCGCGCACGGC
GACCGTGCACGAGCGGCCGCTGCTGCTCGTGCCGCGTGCATCAACAAGTACTACATTCTCGATCTGCAACCCGAGAATTTCGCTGGTTCGATACGCGCTGGAGCAGGGC
CAGCAGGTGTTCTCTGCTCCTGGCACAACGGCGACGCGTGCATTGCCATAAAGGCTGGGACGACTACATCGAAGAGGGCGTGCTTACTGCGATCGAGACGACGCGCA
GCATCAGCGGGCGGAGCAGATCAACACGCTCGGCTTCTGCGTGGGCGGACGCTGCTCGCCACGGCGCTGGCCGTCGCGGCTGCGCGCGGCGAGCATCCCGCAGCGTC
GATGACGCTGCTCACGACGATGCTCGACTTCTCCGATACGGGCGTGCTCGACGTGTTTCATCGACGAGGGCGACGTGCAGATGCGCGAGCAGACCATTGGCGGCAAGAAC
GGCGGCACGCCGGGCTGATGCGCGGCGTTCGAGTTCGCGAACACGTTCTCGTTCTGCGCCGAACGATCTGGTCTGGAACACTCGTTCGACAAATTACCTGAAGGGCC
GCACGCCTGCCGCTTCGATCTGCTGTAAGTGAACAGCGACTCGACGAGCTTCCGGGTCCCATGTATGCGTGGTATTTGCGCAATACGTATCTCGAGAACAAGTTGCG
CGAGCCTGGCGCGCTCACCGTGTGCGGCGAGGAAGTGGATCTTTCGCGCATTGATGTGCCGACCTTCATCTATGGCTCGCGCGAAGATCATATCGTGCCGTGGCGCAGC
GCCTATGCTTCGGTGGCGCTGCTTTCGGGGCGCTCAAGTTCGTGCTGGGCGCGTCAGGGCATATCGCCGGCGTGATCAATCCGGCTTCGAAAAACAAGCGCAGCTACT
GGAGCGTCGAAACCGATGCGAAGCACTTGCAGGGCTTGCAGACGAGTGGTTCGCCGATGCCGAGGAAAAGCCCGGCGAGCTGGTGGCCGACCTGGATCGAATGGCTCG
ACCAGTTCGGCGGCAAGAAGGTGAAGCCGCGTGCAGCCGGGCTCGGCGGAGTTTCCCGAGATCGAGCCCGCGCCTGGGCGCTACGTGCAGCAGCGCGACTGA está
en Paraburkholderia sacchari strain LMG 19450 ctg_1, whole genome shotgun sequence. Mientras que en B. plantarii no se encontraron ninguno de los
genes encargados de expresar Tiolasa ni phaA, phaB y phaC.

Genes de expresión de Tiolasa:

La secuencia: ATGACGGAAGCATTCATTTGCGACGCGATACGCACGCCGATCGGCCGCTACGCGGGCGCCCTTGCAGGTTTCGCGCCGACGACCTCGGGCGGGTGCCGC
TCAAGGCGCTCATGGAGCGCAACAAAGAGGTGGACTGGGCGGTAATCGACGACGTGATTTACGGCTGCGCGAACCAGGCGGGCGAAGATAATCGTAACGTGCGCGCA
TGTCGTCGCTGCTGGCGGGCCTGCCGACGAGTCCGGGTTTCGACGGTGAACCGGCTGTGCGGCTCGGGTATGGATGCCATCGGCATTGCCGACGCGCGCTCAAGTC
CGGCGAGACGGGGCTGATGATCGCGGGCGGCGTGGAGAGCATGAGCCGCGCGCCGTTTCGTGATGGGCAAGGCGGCAAGCGCCTTCGCCCCGACGCGCCCATCTACGAC
ACGACCATCGGCTGGCGCTTCGTCAATAAGCTGATGAAGCAGCAGTACGGGTTGGACTCGATGCCGAGACCGCCGAGAACGTTGCCGTCGATTACGGCGTGAGCCGC
GCCGATCAGGACGCGTTTCGCGCTGCGCAGCCAGCAGAAGGCCGCGCGTGCAGGCGAGACGGTACGCTCGCACAGGAAATCGTTGCCGTTGACAATCGCGCAGAAGAAG
GGCGATCCGCTCGTGGTGTGCGCGACGAGCATCCGCGCGAGACGAGTCTCGAAACGCTGGCGAAGCTCAAGGGCGTTCGTGAGCGCGGATGGCTCGGTCACCGCGGGCA
ATGCGTCCGGCGTGAACGACGGCGCGTGCAGCGCTGCTGCTCGAAACGAGGCCAATGCGAAGCGCTTCGGTCTGACGCCGCGTGCAGGAGTGTGCGCATCGCGACCCG
GGCGTTGCACCGCGCTGATGGGCATCGTCCGGCGCCCGCCACGCAGAAGCTGCTCGCGAATCTGAACATGACCATCGACCAGTTTCGACGTGATCGAGCTCAACGAA
CGCTTCGCTTCGCAAGGGCTGGCCGTGCTGCGCATGCTCGGCGTGGCCGATGACGATCCCCGCGTCAACCCGAACGGCGGCGCCATCGCGCTGGGTTCATCCGCTGGGCA
TGAGCGGCGCGCTCTCGTACCACGGCGATGTACCAGTTGCATCGCACGAGGGCGCTATGCGCTGTGCAGCATGTGCATCGGCGTAGGCCAGGGCATTGCCATCGC
CATCGAGCGTGTGA, NO está en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:ATGAGTCTGAACGGAGCAGCCTATATCGTTCGGCGCCTACGAGCACCCGACACGCAAGGCCGACGACCTTCCGTGCTGCGCCTGCACGCCGACGTGGCG
AAGGGGGCGCTCGAGGACGCGGGCCTGACGAAGGACGACATCGACGGCTACTTCTGCGCAGGTGACGCGCCGGTCTCGGTACCACGACGGTGCCTGAATATCTGGGGC
TCGAGCTGCGCCATGTCGATTTCGACCGAGTGCGGCGTTCCGCGCCGATCCTGCACGTGCGGCACGCCGCTGAAGCGATCAAGGCCGGCCGCTGCAACGTGGCGCTGAT
CACGCTCGCGGGCCGTCCGCGTGCCTGCGGGGCGCGCGCTGTGCTGAAGGCGCCGACCCCGACGCGCCGAAGTGCAGTTCGAGCTGCCGTTCCGCCCCGGCCACGCAGA
ACCTGTACGGCATGGTCGGAAGCGTCACATGTACGAATTCGGCACACGAGCGAGCAGCTCGCGTGGATCAAGGTGGCGGCCCTCGCATCACGCGCAGCACAACCCGAA
CGCGATGCTGCGCAATGTCGTGACGGTGAAGACGTGTCGAATTCCTCCGCTGGTGGCCGATCCGCTGCACCCGCTCGACTGCTGCCGTGATGAGCGACGGCGGGCGCG
CTGATCGTTGCGCGCCCGAAATCGGAAGCAGCTCAAGCGCCGCTCGTCAAGGTGCGCGGCACGGGCGAGGCACCGAAGCATGCGGCCGGCGGCAACATCGACCTCA
CCTGGTTCGGCGGGCAAATGGTTCGGGGGCGGGCGGCTTCGCGGAGGCTGGCCCTCACGCCGAGGACATCAGGTACGCGTCTGTGACGACAGCTTACGATCACGGTGT
GATGCAGCTCGAAGACCTCGGCTTCTGCAGGAAGGGCGAGGGTGGCAGGTTGCTGATGGACGGCAACCTGATCTCGGGCGTCCGCAAGCTGCCGTTCAATACCGATGG
CGGGGATTTGTGCAACAACCACCCGGCAACCGCGGGCGGTCACCAAGGTGATCGAGGCCGTGCGCCAGCTGCGCGGCGAGGCGCATCCCGCCGTGACGGTCAAGAAC
TGCGATATCGCGCTCGGAACGGTATCGGGCGCGCTGGCGTTCGCGTACACCCGCGGGCAGCTGATCCTGGAACGGGAGTAA, NO está en Burkholderia plantarii
strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:ATGGAATCTGATTTCCGGCGCGCTGCCGTGGTTTTCGGCGCTCGAGGTGCCATATCGACGCCAGGCGCCAGAGCACACGACCGGGCATTGCTGGCCCAG
GCGTTTCGCGCTGGCGCTCGAGCAATCGGGTTTCGAGGCGCGGAGGTGGACGGCTTGGCGTGGCGTCTTTCACGCTCGCCCCGATCATGCGATCGACATGGCCTGGC
GGCTGGGCATCAGCCCGCGTGGTGATGGACGATTGCCACGGCGCGCGAGCGCGATCAACCTGCTGCAGCACGCGATCCGCGCGGTGCAGCACGGCGACGCCTCAGT
GATCGTGTGCTTTCGGCGGACCGCTTCGAGGCCGCGGATTTCCGGCAACTGGTTCGAGCACTACAACCTCACGACGCGCACCTATCTGCGGCCGCTCGAAAACGGCGGG
CCGAACAGCCTGTTCCGGATGCTCACGCAGCGCCACTCGCGCCGCTACGGGCTGGACGCGCGGATTACGGCGCATTTGTGCGTGGCGCAGCGGAGTGGGCCGACTCA
ATCCGGGCGCGGTGTACCGCGCGCCGCTCACGCTCGACGAGTACCTCGCGGCGCGCGCGTGGCCGACCCGCTCGGGCGCTTCGATTGCGTGCCGTGGTGTGGGGGGG
AACCGCGTTCGTGGTGGCGCGCGGATCTCGTGAAGCGCAGGCCGAACACGCGCATGCGCCGCTTCATGTGCGCGCCTTGCAGTCCGCTACAACCCCGATCATCAGA
CGGGCGACGGCCTGGAGACGGCCCTCGCCGCGCTCGCCGGCGCGCTTGGGCGCAGGCCGGCGCCGCGCCGGCCGACATCGACGTGATTTCCGGTCTACGACGACTACCC
GGTGTGACGCTGATCCAGCTCGCCGATCTCGGCTACGCGCCCGGGCGGCGACCTGCGCGCGCTGATCGCGCGCATCGCGTTCGCGGAGCTGGTGGTGAACACCTCGGGC
GGCAGTTATCGCGGGGCGAGGCGGGCGGGCGGGCGGCATGCACGGGCTTGTGCAAGCGATCCGGCAGCTTCAGGGCCTGGCTGGCGCGCGTCAGGTGCATGAGGGCG
GGCTCGCGCTCGTGAGCGCTACGGCATGGTGCAGTATCGCTACGGCATGTGTGCAATGCCGTCGTGCTCGAAAGGAGGTCCGGCATGA, NO está en Burkholderia p
lantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:TCATACTTTTTTCGAGCGCGAGCGGATAACCCTGGCCGCCCGATGCAAAGCGTACGACGCCACGACGCAAACCGTCCGCTGCATCGACCATGCAAGC
CGCGTTCGATAGGATCGCGCCCGTCCGCGCCGATCGGATGGCCATGTGCGATCGCGCCGCTTCCACGTTACGATATCGTCAGGAATGCCAAGCTGCTTGATCACCCGA
GCGGTACCGCCGGAAGGCTTCGTTGATCTCGAAGCGATCGACGTCGGCGAGCGACCAGCCCGCGCGGCGCAGCGCAAGCTGAACCGCTGGCACGGGGCCGAGGCCGAA
CATGCCGGGCTCCACAGCCGCGACTCCCCACGCCACGAGCCGACCATGGGTGCGAGCCCGTCCGCTCGGCAAATCCGCGCTCGGCCACGAGCATCGCCGAGCCGCGC
TGTTACGCCCCGGCGGTTGCCCGCTGTGATTGTGCCGTGAGGACGGAACGCGGGCTTGAGCTTCGCCAGCACTTCAATGTGCTGTCCGGACGCGGCGCTTCGTCCGT
TTCAAACGTTTCGACCCCTTTGCGCCCTTACCTCCACGGCGACGATCTCGTCTTGAAGCGTCCGGCCGCTGCGCCGCTGCGAAGCGCTGCTGCGAAGCGCGCGGCC
AGCGGTCTGTTCCCTCGCGCGTGAGTTCGGCGTGGTGCAGGATCTTCGGTATGCCAGCCGAATGCTCGCCGAGAACGCATCGACGAGTCCGTGCGCGAGCATGCT
GTCCTGCACCTGGGCGTTGCCCATTCGATAGCCCAGCGCGCATCGTTCGAGTAAAAACGGCGCGCGGTCCATGTTTTCCATGCCGCCCGCCACCGCGACGTGCGCGAGA
CCGAGCAGGATTTCTGTGCGGGCTCGCAACGGCCTGCGCACCCGAGCCGATACGCGGTTACCGTGCAGCGGGCACCGAGACGGGCACGCCGCCCGGAGTTCCG
CCTGGCGCGCGGGATTCATCTTGTTCGCGCCTGGATCACGTTGCCGAGTACGACCGACCCGAGCAAAGCGGGATCGAGCTTTGCGCGCGCGAGCGTCTCGCGCACCCG
AATCGCACCAAGCTCCGTGGCCGGCACACCCTTTAGCGCGCATTTGAAGGCGCGGATTGCCGTGCGCACCGGTTGGCATAGAACAATCTCGCGTGTGAATTGAAGCTG
CTCAT, NO está en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:TCAGATGCGCTCGATCGCCAGCGCAATACCCTGGCCGACACCGATGCACATCGTCAAAGCGCGTAGCGCCCTGGGTGCGCTCCAGTTGATGCAGCGCG
GTCGTGACGAGCCGCGCGCCGAAGCGCCGAGCGGATGCCCCAGCGCAATCGCACCGCGGTTCCGGTTACGCGTGGATCGTTCGTGCGGACCGCGAGCGCGCGCAGCA
CGGCGAGGCCCTTGCATGCGAATGCTTCGTTGAGTTCGATCACATCGAATTTGGTTCGAGCGTCAATCCAGTTGCTTGAGCAACTTTTTGCGTGGCGGGCGCGGGCCGA
AGCCCATGATGCGCGGCGGACGCCGGCGTCCGATGCCGAGCACGCGCGCGGGCGCGAGGCCATACTGGCTTGGCGTGTTCATTCCGCGATCAGCAGGGCGCA

TGCACCGTCGTTGACGCCCCGAGGCGTTGCCGGCCGTGACCGTGCCGTGCGGTTTACCACGCCCTTGAGCTTGCCGAGCGCTTCGAGCGACGTTTCGCGCGGATGCTCG
TCGAGCGTCACGCGCACCGGGTCGCTTTCTTCTGCGCGATCTCGACCGGACGATTTCTGCGCCAGCGTGCCGTCTTCTGCGCGCGTGCGGCGTTCTGCTGGCTGCG
CAGCGCAAAGCGTCTGATCGGCGCGGCTGATGTTGAACTCGGCTGCGACGTTTTCGGCCGTTTCGGGCATCGAATCGATGCCGTATTGCTGCTTCATCAGCTTGTTTC
ACGAAACGCCAGCCGATGGTGGTGTCTGATAAATGGCGGCGTCTCGCGAGAAGGCCGATGCGGCCTTGCCATCACGAACGGCGCGCGCGTTCATGCTTTCACACCACCCG
CGATCATCAGCCGCGCTTCGCGGCTTGATGGCGCGTGCCGCGCTGCCTACTGCGTCGAGTCCCAGCCGACAGGCGGTTGAGTGTGCCGCCGGGACGTCGGTGGG
CAGGCTGCGAGCAGCGCGGCCATGCGAGCGACATTGCGGTTGTCTTCGCGCGGCTGGTTGGCGCAGCCGTAAGCAGCTCGTCGATGGCGCTCCAATCCACGCCGGGA
TTGCGCTCGACTAGCGCACGAATGGGCACGGCGCGGAGGTCGTGCGCGCGCACGCTTTTCAGGGCGCCGCGTAGCGGCCAAACGGAGTGCGAATCGCATCGCAGATAT
AGGCTTCGGTCAT, NO está en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

Genes de expresión de phaA:

La secuencia:ATGGATCCGGTGGTGATCGTGGCAGCGGCGCACGCCGATGGCGGGCTTTCAGGGCGACTTCGCCGATTGACCGCGCCGCAACTGGGCGCGGCGGGC
ATCGCGGCCGCGCTCGAACGCTCGGGCCTGAAGCCCGAGCAGATCGACGAGGTGGTGATGGGCTGCGTGCTGCCCGGGCCAGGGCCAGGCGCCCGCGGCCAGGCGG
CGCTTGGTGGCGGCTGCCGCTCGCGGCCGGCGCACACGGTGAACAAGATGTGCGGCTCGGGCATGCGCGCGGCGATGTTTCGCGCATGACATGCTGCTGGCGGGTTC
GGCGGAGGTGATCGTCGCGGGCGGTATGGAGAGCATGTGAAACGCGCCGATCTGCTGCCAAGCGCGCGCGGGCATGCGCATGGGGCATGGCCAGGTGCTCGACCAC
ATGTTCTTCGACGGACTCGAAGACGCTACGACAAGGGCCGCTCATGGGCACCTTCGCGGAGGAGTGCAGCGGCGAATTTCGCTTCTCGCGCGAGAGCCAGGACGCT
TTGCAATCGAGTCGCTCAAGCGCGGAAGCGCGCCAACGAGGACGGCTCGTTTCGCTGGGAGATCGCGCCGGTCAAGGTGGCCACGCGTGCGGGCGAGGCCACGATCGA
GCGCGACGAGCAGCCGTTCAAGGCCAACCTCGACAAGATCCCGACGCTCAAGCCCGCCTTCAGCAAGACCGGCACGGTGACGGCGCGAATTCTCGTCGATCTCGGAC
GGCGCGGCGGCTCGTGATGATGCGCGAGTCCACGGCGAAGCGCCTCGGCGCCAGCCGCTCGCGCGCGTGACGGGCCATTTCGACGTTTCGCGCAGCAGCCCGGAAGT
TCACGACCGCGCCGTTGGGGCAATCGCGAAGCTCTTTGAGAAGACCGGCTGGAAGCGGCGGACGTCGATCTCTACGAGATCAACGAGGCGTTTCGCGGTGGTCACCAT
GGCCCGATGAAGGAGCAGATCTGCCGACGAGAAGGTCAACGTGAACGGTGGCGCTTTCGCGCGTGGGCCATCCGATCGGCGCATCGGGCGCGCGCATTCTCGTCACC
TTGATCGGCGCGCTGCGCGCACGCGGTCTGAAGCGCGGCTGGCGACCCTGTGCATAGGCGGTGGCGAGGCGACCGCAATGGGCGTCAACTCATGTAG, NO está en B
urkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:ATGACTGACATTGTGATCGTTTCGGCCGCGCGCACCGCGGTGGCAAATTCGGCGGTTTCGCTGGCAAAGATTGCCGCGCCGATCTGGGCGCGTGGTC
ATCAAGGCAGCGCTGGAGCGCGGGCGTGAAGCCCGAGCAGGTAAGCGACGTGATCATGGGTCAGGTGCTGACCGCGGTTTCGGGCCAGAACGTTGCGCGCCAGGCG
TCGATCAAGGCCGGGCTGCCTGCAGCGGTGCCGCCATGACGATCAACAAGGTGTGCGGCTCGGGCCTGAAGGCCGCTGATGCTCGCGGCCAACGCGATTATCGCGGGCG
ACTCGGAGATCGTCGTGGCCGGCGCCAGGAGAACATGAGCGCGGCGCCGACGTCGTCGCGGCTCGCGCGACGGCTTCCGATGGGCGACACGAAGCTCGTCGACAC
CATGATCGTCGATGGTCTGTGGGACGTTTATAACCAGTACCACATGGGCGTGACCGCGAAAACGTTGGCGAAGGAATACGGCATCACGCGGAAGAGCAGGACGCGTT
CGCGGCGCTCTCGCAGAACAAGGCGGAAGCCGCGCAGAAGGCGGGCCGCTTCGACCGGAAATCGTGCCGGTGGAAATCCCGCAGCGCAAGGGCGACCCGCTGGTGTTC
AAGACCGACGAATTCGTGCGCCATGGCGTGACGGCGAATCGCTCGCGGGCCTGAAGCCGGCTTTCGAAAGGAAGGCACGGTGACGGCGGCGAACGCATCGGGTCTG
AACGACGGCGCGGCGGCGGTGCTGGTGTGTCGGCGAAGAAGGCCGAGGCGTGGGCTCACGCCGTTTCGCGCGCATCAAGGCGTACGCGGCCGGCGGCGTGGATCCGA
AGGTGATGGGCATGGGCCCCGGTGGCGCATCGAAGCGCTGCCTGGAGCGTGCGGGCTGGTTCGGCGGGCGACCTCGATCTCATGGAGATCAACGAGGCGTTTCGCGGGCGCA
GGCGCTCGCGGTGAACAAGCAGATGGGCTGGGACACGTCGAAGATCAACGTGAACGGCGGGGCGATTGCGATCGGTCACCCGATTGGCGCATCGGGCTGCCGATTCT
GGTGACGCTGCTGCACGAGATGCAGCGCCGCGACGCAAAGCGCGGCTGGCCTCGCTGTGCATCGGCGGCGGCATGGGCGTGGCGCTTCGCTCGAGCGCGCTTGA, NO
está en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:TCACCCAAGGCGTTTCGATAATGGTTACATTGGCTTGGCCGCGCCTTCGCACATCGTCTGCATGCCGTAGCGCCCGCGGTCCGCTCGAGTTCGTGGAGC
AACGTCGTCATCAGCTTCGCGCCAGTCGCGCCCAACGGATGACCAAGTGCATGGCACCACCGTTGACATTCGTCTTTTCATGGGGGAAGCCGGTCTCTTTCAACCAAG

CCTGAACGACTGACGCAAAGCTTCATTGATCTCCACGAGGTCAATGTCCTGCAGGCTAAGCCCCGCTTCTTGAGCGCAGCCGCTGTCGCGGGAATCGGGCAGTAAG
ATGCCAAATCGGGTCATCCGCGAGGACACTCATGTGCCTGATTCGCGCGCGGGGCTTGAGGTCATAGCGCTTGAGCGCCGCTCTGACACGATCAAACTGCCGACGCT
GCATCGCACGTTTGGCTCGATACTGCAGCAGTGATCTTGCTAAATCTGGCGCCACCGGCTGAAGCGTCGCCATTTTTTCAAGCGTGGTCTGGCGTGGCGTCTCATCCT
TCGAAAGGCCGGCGATAGGAGAGATCTCGCGATCAAAGCGTCCTTCGTCAATCGCTTGCAGCGCGCGCGATGACTTTCGAGCGCGAACGCCTCCATGTGAGAGCGAGA
CAACTCCCCTTGTGCGCAATGATCTGAGCGCGTAGAACTGATTCACCGTTGATCGCAAACCGTGTCTTCCAACCTGACTGCCCGAGAACGGATCAGTGAAGCCA
AGCGGCTGTGCTGCCGTCATCGCATAGGCGATCGGGACAAGGCTCATGTTCTGCACGCCCAACGGCGACGACGTCCTGCGTCCCGCTCATCACAGCCTGGGCTCGGA
AATGTAGCGCCTGCTGCGACGACCCACGCGCGATCAATCACCGTACCGGGCACATGGACCGGCAAGCCCGCAGCAAGCCACGACGATCGACTGATAACCCCGCGCTT
TGGCCCCGACAGCATCGACGCAACCAAACACTACGTGCTGCTAGTCTTCGGCCGGAATCGAATTCGGCTCAACCAGGGTCTTCAAGAACATGTGCACCCAGGTTCGGCAGGG
TGAACTTGCAGACAGGCTACCGCCGCTTTCCCGTTCGGGGTGCGCAATGCGTCTACGATATACGCTTCCGGCAT, NO está en Burkholderia plantarii strain ATCC 4
3733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:TCAAGCGGCTCGAGCGCAAGCGCCACGCCATGCCGCGCCGATGCACAGCGAGGCCAGACCGGCTTTGCGTTCGCGGCGTGCATCTCGTGCAGCAGC
GTCACCAGAATCCGGCAGCCCGATGCGCCAATCGGGTGACCGATCGCAATCGCCCCGCGTTACGTTGATCTTCGACGTGTCCAGCCCATC, NO está en Burkholde
ria plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:TTGACTGACATTGTGATCGTTTCGGCCGCGCGCACCGCGTGGGCAAATTCGGCGGTTTCGCTGGCAAAGATTGCCGCGCCGATCTGGGCGCGCTGGTC
ATCAAGGCAGCGCTGGAGCGCGGGCGTGAAGCCCGAGCAGTAAGCGACGTGATCATGGGTGAGGTGCTGACCGCGGTTTCGGGCCAGAACGTTGCGCG, NO está e
n Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

Genes de expresión de phaB:

La secuencia:ATGCGTAGCGAACCGGTTGCTTTTGTGAGCGGCGGGATGGGCGGCTCTGGGCGAGGCGATCAGCCGGAGGCTGCACGATGCGGGCTGACGGTTCGCGGTT
TCGCATTCGGAGACAACGATCACGTGATCCATTTGGCTCGATCGCGAGCGCGACGGGCCGACGTTCCACGCTTCGGGATCGACGTGGCGAGCTACGATTCGTGCG
CCGAGTGCAGCGCAGCGGTCCTGTCGCAACTGGGCACGGTTCGACGTCCTGATCAACAACGCCGGCATCACGCGGACGCTAGCTTCTTGAAGCTCACCAAGCGCGCATG
GGATGAGGTGATGCACACGAATCTCGACAGCGTCTTCAATCTCACCCGCAATTCCTTCCCGCATGGTGGAGCGGCGCTTTGGCCGCGTCTGTAACATCAGCTCGGTG
AACGGTTTCGCGCGGCGGCTTTGGTTCAGACCAATTACGCGGCGTCCAAGCCGGCATCCACGGCTTCACGATGTCGCTGGCGCTCGAAGTCGCGAGGCACGGCGTACGG
TGAACACCGTCTCGCCCGCTATCTCGCGACCGGATGGTGGAGGCGGTCGCCGAGGACATCATGGAAAACCGCATCCTGCCGAGATTCCGGTGGGCGGCTTGGGCG
TCCGGAAGAGGTGGCGTTCGCTGATCGCCTGGCTTTGCTCCGACGATGGCGCATTCGCCACGGGCGCAACTTCGCCGTCACCGCGGCGATGCACATGCATTGA, NO está
en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:TACTGCATGTGCTGGCCGCGTTGATGGGGATATTCGCGCCGGTACGAAGCTGGCGTCTCGAGCACAGGAACAGCAGCAGCGCGGCAACTTCATT
CGGGTTCGAGACGGCCATCGGGATCTGCGGGATGATCTTCGTATCGAGAATCTCCTGCGCAATGGCGGTCACCATCTTCGTTGCAAGATAGCCCGGCGAAATCGTG
TTCACCGTACGCCCTTCGCGGCGACTTCCAGTGCAGGCGATTTTCGTGAAGCCGTGCATGCCGGCCTTCGCCGCGCATAGTTCGTCTGGCCACGGCGCCCTTGGAGCC
GTTACCGACGAAATGTTGATGATGCGGCCACGCGCGCTCGACCATCCCGTTCGACAGCGGCTTCGAAATATTGAAGATGGAGTCCAGGTTTCGTGCGCAGGACCATG
TCCCAATTGACCTTGTCATCTTCTTGAATGTCACGTTCGCGCGTGCATGCCCGCATTGTTGATCAGAATGTCGACGGGGCCGACTTCGTTCTTGCATCTTCTGCGCGCCG
GCTGGCACGAATCGTAGTCGGCAACGTCGATGGAATACGCGTGAATTCGCGGCCGCTCCTTCATTCTCGCGAGCCAGTCTTGGCTCCTGCGTTGTCCGGCGAGTG
CGTGACGACAACCGTATAGCCCGGTCGTACAAACGGACGTAATCGCCTCACCGAGACCGCCATGCCACCTGTTACCAATGCAATACGCTTAGTCAT, NO está en B
urkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

Genes de expresión de phaC:

La secuencia:TCAGTCCGCCCGCACCTTGACATAGCGGCCCGGTGCCGGCTCGAACGGCTCGTGCTTGGCATTCCCAAGTCGCGCGGAGCCTTGACCCGGCCGCCGAGTGACTCGCCAGCCAGCTGGCCCAATGATTCCACCAGCTCCCCGGCATTTCCTCCGCAGAGGCCAGCCAGCCTTGCGCATCGCTGTGAGATCGCCTTCGGCCAATAACTGCGCTTGTTCCTCGCCGCCGGATTGATGACGCCGGCAATGTGACCCTAGCCCCGAGGACGAAGTTACAGTCGCGCCCAAGCAGCTGCGTGTGCGCCATGCCGATTGCACGGCACGATGTGATCGTCTCGTGGCCAGCACGTAGGGCGGGCGCTCGATGCGGCCGAGATCCACGGCACGCCGCACATGCTCAGCTTCCGGGGCACGGCAGATGTTCTCGAGATACATATTGCGCAGGTACCACGTGTACATCGGTCCCCGGCAGATTGGTGCTGTGCGCATTCAGTAAAGAAGATCGAACGCCGACGGCGTCTTGCCTTCAGATAATTGTTGACGACATAAGGCCAGACAAGGTCGTTGGCGCGCAGCATCTGAAACGTAAGCCAAGCTCGCGGCCGAGTAGATGCCGCCGTGCCCGATCGTCAGTTCCCCGCTGCGAAACGGTTGGCTCGTTGATGAAAACACCGAGATCGCCGGGATCGGTAAGTCGAGCATCGTGTGAGCAGCGTCAGGCTCGCGACCGTGTCTTCGTTGCGCGACGCGTCACCGCCAGCGCCGACGAAAGGAGCGTGCCGCCACACACCAGCCCACGGTGTGACCTTGTCCGCGCCGTAATCGCCAGCGTCAGTCGATCGCCTGCATGACGCCGATTCAGATAGTCGTCAGGTCGTGCGTGCCAGATCGGCGTCGGGATTACGCCACGAAATCATGAATACAGTCTGCCCTGCTCGACGGCAAAGCGCACAAACGAGTTCTCGGGCTGCAGATCGAGAATGTAGAATTGTTGATGCAGGGCGGCACGATCAGCAATGGCCGCTTCGCGACCTGCGCGGTTAGCGGTGCGTACTGGATCAACTGAAAGAGATCGTTCTCGAATACGACTGAACCTCCGATACGGCCACGTTGCGGCCACTTCGAAAGCGGTTTCATCGGTGATGGAATGGTCTTGCAGCGCAAGTCTCTGCGAGTTGGCGATGCCATCCAAAAGACTTTCCCCGTTGGACTCCAGCGCCGTCGCGAGGGCTTCGGGTTTCGTGATTCCGTAGTTTGGCCGGCTGGCCCATCGATGAAGAAGCGCAGCTTTTGTCTTTCCTTGTGTCATCGAGGGATACCGCTCGACACACTGCTCGAGAAGGCGCGCTTGATCAGGTAGTCTGAACTGAGCGGCGCCAGAGCGTCAGCTTTTGTGACCATTCGTCTGCTGAAACCGCGATCGTGCCGCTCAGGGCTGATCGCAGGCGCGCTTCATGCCGAGGAACGGTCAAGTCCAGCATTCGTTGGACCACGCTGAACGGCGACTTCCGACACATTGGATTGAGTAGTCAT, NO está en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

La secuencia:ATGCAACAGATGCTTGATGCGTGACGACGAGGCATGGCGCAGCGCCATGGATGCCGCGCAGCAATCGGGTATGCAGCACTGGGGCCAGGCGGGGGCAAACCGGCGCATTCTGGCCTGGTATGGCCAACGGTGCCGCGAGCGCCGCGCCAATCCCGTTTCAAGCGCGGTTCAACGCCGCAATGAATCCCACCGCGATGCGTTCCGCTTGGGGCGGCTCGAGGCGTTCAAGCTACCATCGGCCCTCGATCGAGCCTACGCGTTTGCAGCATTGTCAGGCCGAGTACTCGCGCGATGCACTCGAATGTTGCGCGAGGCGTCTGCTGCTTCGCCAAGGCCCCGAACTCAAGGATCGTTCGCTTCAACGCGGACGCGTGGAAGGCCACGCCGGCCTATGCGTTACGCGCGGCGTGGTATCTGCTCAATGCGCGTTACCTGCATGAGATGGTCGACGCCATCGAAACCGATGCAAAAACGCGCGAGCGCATCCGCTTCGCGGTTAGCAATGGACGGCGGCTGCGTCGCCAGCAATTCTCGCGCTCAACCCGAGGCGCAGCAGCGCTGCTCGAAAGTACGCGGAGAGCCTGCGCCAGGGCGTGATGAATCTGCTCGGCGACATGTGCGCGGCAAGATTTGCAAACCGACGAATCGCGCTTCGTGGTGGGCCGCAATCTCGCTAACACCGAAGGCTCGGTGGTGTTCGAGAACGAGCTGTTCCAGCTCATCCAGTACAAGCCGCGCAGGCGGACCGTGCACGAGCGGCCGCTGCTGCTCGTGCCCGTGCATCAACAAGTACTACATTCTCGATCTGCAACCCGAGAATTTCGCTGGTCGCATACGCGCTGGAGCAGGCCAGCAGGTGTTCTCGTCTCCTGGCACAACGGCGACGCGTCGATTGCCATAAAGGCTGGGACGACTACATCGAAGAGGGCGTGCTTACTGCGATCGAGACGACGCGCAGCATCAGCGGGCGGAGCAGATCAACACGCTCGGCTTCTGCGTGGGCGGCACGCTGCTCGCCACGGCGCTGGCCGTCGCGGCTGCGCGCGGCGAGCATCCCGCAGGTCGATGACGCTGCTCACGACGATGCTCGACTTCTCCGATACGGGCGTGTGCGAGCTGTTTCATCGACGAGGCGCACGTGCAGATGCGCGAGCAGACCATTGGCGGCAAGACGGCGGCACGCCGGGCTGATGCGCGGCGTCGAGTTCGCGAACAGCTTCTCGTTCTGCGCCGAACGATCTGGTCTGGAACACTGCTGCTGACAATTACCTGAAGGCCGACGCTGCCGCTTCGATCTGCTGTACTGGAACAGCGACTCGACGAGCTTCCGGGTCATGTATGCGTGGTATTTGCGCAATACGTATCTCGAGAACAAGTTGCGCGAGCCTGGCGGCTCACCGTGTGCGGCGAGGAAGTGGATCTTTCGCGCATTGATGTGCCGACCTTCATCTATGGCTCGCGGAAGATCATATCGTGCCGTGGCGCAGCCCTATGCTTCGGTGGCGTCTTTCGGGGCCGCTCAAGTTCGTGCTGGGCGCGTCAGGGCATATCGCCGGCGTGATCAATCCGGCTTCGAAAAACAAGCGCAGCTCTGGAGCGTCGAAACCGATGCGAAGCACTTGCCAGGCGTTGCAGACGAGTGGTTCGCCGATGCCGAGGAAAAGCCCGGCGAGCTGGTGGCCGACCTGGATCGAATGGCTCGACCAGTTCGGCGCAAGAAGGTGAAGCCGCGTGGCAGCCGGCTCGGCGGAGTTCCCGAGATCGAGCCCGCGCTGGGCGCTACGTGCAGCAGCGGACTGA, NO está en Burkholderia plantarii strain ATCC 43733 chromosome 1, complete sequence

7 Análisis de resultados

Los resultados obtenidos nos indican que, a pesar de que la mayoría de las especies de los géneros *Paraburkholderia* y *Burkholderia* tienen PHA sintetasas de clase I, no se logró identificar genes idénticos de las PHA sintetasas existentes en *P.sacchari* (Tabla 1,Tabla 2 y Tabla 3), en el genoma de la bacteria *B. plantarii*, debido a que la mayoría de estos genes tienden a formar homopolímeros y copolímeros , generalmente atribuido a la versatilidad de las secuencias de nucleótidos del ADN (Alvarez-Santullano et al., 2020).

Del mismo modo, y debido a la importancia que desempeñan las tiolasas en el metabolismo de los ácidos grasos (Singh et al., 2023), se analizaron 5 genes involucrados en la expresión de dicha enzima (**¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.**), en el genoma de *B.plantarii*, obteniéndose como resultado la no presencia de estos genes idénticos a los de *P. sacchari*.

Por otro lado, *P. sacchari* está identificada como una de las cepas más importantes para la producción de PHA, junto con *P. xenovorans* LB400, *B. cepacia* ATCC 17759 y *B. thailandensis* E264 (Alvarez-Santullano et al., 2020). Congruentemente, se logró identificar los genes precursores de phaA, phaB, phaC y tiolasa (Tabla 1,Tabla 2,Tabla 3 y Tabla 4), que están involucrados en la producción de este bioplástico.

8 Discusión

Utilizar la herramienta informática Biopython para el análisis e identificación de las secuencias de ADN es de gran ayuda, ya que nos brinda una mayor accesibilidad hacia los diferentes módulos de Python (Sah et al., 2022). También nos permite analizar las secuencias genómicas mediante la localización de similitudes entre las mismas (Bergstrand et al., 2019).

Derrollar un script que identifica secuencias de genes idénticos puede ser útil en diversas aplicaciones y escenarios en biología y bioinformática, como por ejemplo: la comparación de genomas para identificar regiones conservadas entre diferentes especies o cepas (Song et al., 2023). Identificación de genes duplicados dentro de un mismo genoma, para entender eventos

evolutivos o relacionados con enfermedades genéticas (Zwaenepoel & Van de Peer, 2020). Identificación y análisis de familias de genes donde existan varias copias idénticas o similares (Frank et al., 2006). Comparación de secuencias genéticas en poblaciones e identificación de variantes genéticas específicas (Prasanna & Niranjana, 2021). Método de validación de la calidad de ensamblajes genómicos identificando la presencia de secuencias de genes idénticos en diferentes conjuntos de datos (Christine et al., 2023).

Por otro lado, se identificaron algunas limitaciones que tiene el desarrollo de un script para la ejecución de la comparación de genes idénticos, y estas son: la generación de resultados falsos positivos o negativos en la identificación de genes idénticos debido a la sensibilidad a errores de secuenciación o a problemas en la calidad de las secuencias (Robertson & Nash, 2018). La variabilidad genética puede generar ligeras variaciones en las secuencias de genes que no afectan su función, pero que pueden complicar la identificación de genes idénticos (Galloway-Peña & Hanson, 2020). La identificación de secuencias idénticas puede problematizarse si existen múltiples anotaciones para un mismo gen (Hunt et al., 2018). La búsqueda de secuencias idénticas en grandes conjuntos de datos, puede ser computacionalmente intensiva y requerir recursos significativos (Marchet et al., 2021). Se debe considerar si la identidad genética tiene un significado funcional o si es simplemente el resultado de eventos evolutivos (Paine et al., 2019).

9 Conclusiones y Recomendaciones

Los desafíos asociados con la identificación de los genes responsables de la síntesis de PHA en los genomas bacterianos incluyen algunas consideraciones como: la necesidad de aislar nuevas cepas, considerar la diversidad existente de los genes precursores de PHA, la aparición de transferencia horizontal de genes y la existencia de genes homólogos, por tal razón, no se puede afirmar que los genes involucrados en la biosíntesis de PHA y tiolasa (**¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.** y **¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.**), no están presentes en el genoma de *Burkholderia plantarii* strain ATCC 4373, ya que pueden contener otros alelos de dichos genes.

Biopython proporciona una herramienta valiosa para los bioinformáticos e investigadores en genómica comparativa, ya que les permite realizar análisis complejos y extraer información significativa de los datos biológicos

Las herramientas bioinformáticas proporcionan métodos computacionales para abordar el desafío de comparar genomas bacterianos

La accesibilidad, la funcionalidad y el soporte de Biopython para varios análisis genómicos hacen que sea ventajoso para la comparación del genoma.

Se recomienda realizar un análisis con métodos de alineamiento global como el algoritmo BLAST, para identificar secuencias de genes homólogos dentro del grupo de bacterias pertenecientes al género *Burkholderia sensu lato (sl)*, que se han identificado con capacidad intrínseca para producir estos polímeros biodegradables, incluidas *Paraburkholderia sacchari* LMG 19450, *Paraburkholderia xenovorans* LB400, *Burkholderia cepacia* ATCC 17759, *Burkholderia thailandensis* E264, *Trinickia caryophylli* DSM 50341 y *Trinickia caryophylli* (Alvarez-Santullano et al., 2021).

Para futuros trabajos, se recomienda utilizar Biopython en la comparación de las rutas bioquímicas codificadas entre los organismos, ya que permite identificar las diferencias en la presencia/ausencia de estas (Shajii et al., 2020).

10 Referencias

- Alexandrino, P. M. R., Mendonça, T. T., Guamán Bautista, L. P., Cherix, J., Lozano-Sakalauskas, G. C., Fujita, A., Ramos Filho, E., Long, P., Padilla, G., Taciro, M. K., Gomez, J. G. C., & Silva, L. F. (2015). Draft Genome Sequence of the Polyhydroxyalkanoate-Producing Bacterium *Burkholderia sacchari* LMG 19450 Isolated from Brazilian Sugarcane Plantation Soil. *Genome Announcements*, 3(3). <https://doi.org/10.1128/genomeA.00313-15>
- Alsaadi, A., Ganesen, S. S. K., Amelia, T. S. M., Moanis, R., Peeters, E., Vigneswari, S., & Bhubalan, K. (2022). Polyhydroxyalkanoate (PHA) biopolymer synthesis by marine bacteria of the malaysian coral triangle region and mining for PHA synthase genes. *Microorganisms*, 10(10). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10102057>
- Alvarez-Santullano, N., Villegas, P., Mardones, M. S., Durán, R. E., Donoso, R., González, A., Sanhueza, C., Navia, R., Acevedo, F., Pérez-Pantoja, D., & Seeger, M. (2021). Genome-Wide Metabolic Reconstruction of the Synthesis of Polyhydroxyalkanoates from Sugars and Fatty Acids by *Burkholderia* Sensu Lato Species. *Microorganisms*, 9(6). <https://doi.org/10.3390/microorganisms9061290>
- Alvarez-Santullano, N., Villegas, P., Sepúlveda, M., Vilchez, A., Donoso, R., Perez-Pantoja, D., Navia, R., Acevedo, F., & Seeger, M. (2020). Production of polyhydroxyalkanoates by paraburkholderia and burkholderia species. In M. Koller (Ed.), *The handbook of polyhydroxyalkanoates: microbial biosynthesis and feedstocks* (pp. 115–144). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9780429296611-6>
- Bergstrand, L. H., Neufeld, J. D., & Doxey, A. C. (2019). Pygenprop: a Python library for programmatic exploration and comparison of organism genome properties. *Bioinformatics*, 35(23), 5063–5065. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz522>
- Cai, L., Tan, D., Aibaidula, G., Dong, X.-R., Chen, J.-C., Tian, W.-D., & Chen, G.-Q. (2011). Comparative genomics study of polyhydroxyalkanoates (PHA) and ectoine relevant genes from *Halomonas* sp. TD01 revealed extensive horizontal gene transfer events and co-evolutionary relationships. *Microbial Cell Factories*, 10, 88. <https://doi.org/10.1186/1475-2859-10-88>
- Cheng, J., Nordeste, R., Trainer, M. A., & Charles, T. C. (2017). Methods for the Isolation of Genes Encoding Novel PHA Metabolism Enzymes from Complex Microbial Communities. *Methods in Molecular Biology*, 1539, 237–248. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6691-2_15
- Christine, T.-D., Clothilde, C., Mathieu, B., Laurence, A., Valentin, K., Cédric, M., Wing Rod, A., Yves, V., & Francois, S. (2023). FrangiPANE, a tool for creating a panreference using left behind reads. *NAR Genomics and Bioinformatics*, 5(1), lqad013. <https://doi.org/10.1093/nargab/lqad013>
- Dobritsa, A. P., & Samadpour, M. (2016). Transfer of eleven species of the genus *Burkholderia* to the genus *Paraburkholderia* and proposal of *Caballeronia* gen. nov. to accommodate twelve species of the genera *Burkholderia* and *Paraburkholderia*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(8), 2836–2846. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001065>
- Frank, R. L., Mane, A., & Ercal, F. (2006). An automated method for rapid identification of putative gene family members in plants. *BMC Bioinformatics*, 7 Suppl 2(Suppl 2), S19. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-S2-S19>
- Gallant, É., Li, A., Davis, K. M., & Seyedsayamdost, M. R. (2020). Burkholderia-Derived Natural Products: From Discovery to Target Identification Towards Chemical Ecology. In *Comprehensive natural products III* (pp. 124–141). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409547-2.14832-2>
- Galloway-Peña, J., & Hanson, B. (2020). Tools for analysis of the microbiome. *Digestive Diseases and Sciences*, 65(3), 674–685. <https://doi.org/10.1007/s10620-020-06091-y>
- Grigson, S., & Edwards, R. (2023). *What the protein!? Computational methods for predicting microbial protein functions*. <https://doi.org/10.31219/osf.io/jhmta>
- Guamán, L. P., Barba-Ostria, C., Zhang, F., Oliveira-Filho, E. R., Gomez, J. G. C., & Silva, L. F. (2018). Engineering xylose metabolism for production of polyhydroxybutyrate in the non-model bacterium *Burkholderia sacchari*. *Microbial Cell Factories*, 17(1), 74. <https://doi.org/10.1186/s12934-018-0924-9>
- Hang, X., Zhang, G., Wang, G., Zhao, X., & Chen, G.-Q. (2002). PCR cloning of polyhydroxyalkanoate biosynthesis genes from *Burkholderia caryophylli* and their functional expression in recombinant *Escherichia coli*. *FEMS Microbiology Letters*, 210(1), 49–54. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2002.tb11158.x>
- Hunt, S. E., McLaren, W., Gil, L., Thormann, A., Schuilenburg, H., Sheppard, D., Parton, A., Armean, I. M., Trevanion, S. J., Flicek, P., & Cunningham, F. (2018). Ensembl variation resources. *Database: The Journal of Biological Databases and Curation*, 2018. <https://doi.org/10.1093/database/bay119>
- Idi, A. (2019). Biosynthesis of polyhydroxyalkanoate. *International Journal of Research -GRANTHAALAYAH*, 7(7), 200–206. <https://doi.org/10.29121/granthaalayah.v7.i7.2019.748>
- Kaur, C., Selvakumar, G., & Ganeshamurthy, A. N. (2017). *Burkholderia* to *Paraburkholderia*: The Journey of a Plant-Beneficial-Environmental Bacterium. In P. Shukla (Ed.), *Recent advances in Applied Microbiology* (pp. 213–228). Springer Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-10-5275-0_10
- Keshavarz, T., & Roy, I. (2010). Polyhydroxyalkanoates: bioplastics with a green agenda. *Current Opinion in Microbiology*, 13(3), 321–326. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2010.02.006>

- Kihara, D. (2019). Predicting protein function and annotating complex pathways with machine learning. *Revista Odisseia*, *107*, 70–73. <https://doi.org/10.32907/RO-107-7073>
- Kuan Loh, S., Thing Low, S., En Chai, L., Howe Chan, W., Saberi Mohamad, M., Deris, S., Ibrahim, Z., Kasim, S., Ali Shah, Z., Mohd Jamil, H., Zakaria, Z., & Napis, S. (2018). A review of computational approaches to predict gene functions. *Current Bioinformatics*, *13*(4), 373–386. <https://doi.org/10.2174/1574893612666171002113742>
- Larralde, M. (2022). Pyrodigal: Python bindings and interface to Prodigal, an efficient method for gene prediction in prokaryotes. *The Journal of Open Source Software*, *7*(72), 4296. <https://doi.org/10.21105/joss.04296>
- Law, J. N., Kale, S. D., & Murali, T. M. (2021). Accurate and efficient gene function prediction using a multi-bacterial network. *Bioinformatics*, *37*(6), 800–806. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa885>
- Máčalová, D., Janalíková, M., Sedlářková, J., Reškoříková, I., Koutný, M., & Pleva, P. (2023). Genotypic and Phenotypic Detection of Polyhydroxyalkanoate Production in Bacterial Isolates from Food. *International Journal of Molecular Sciences*, *24*(2). <https://doi.org/10.3390/ijms24021250>
- Magdoui, S., Brar, S. K., Blais, J. F., & Tyagi, R. D. (2015). How to direct the fatty acid biosynthesis towards polyhydroxyalkanoates production? *Biomass and Bioenergy*, *74*, 268–279. <https://doi.org/10.1016/j.biombioe.2014.12.017>
- Marchet, C., Boucher, C., Puglisi, S. J., Medvedev, P., Salson, M., & Chikhi, R. (2021). Data structures based on k-mers for querying large collections of sequencing data sets. *Genome Research*, *31*(1), 1–12. <https://doi.org/10.1101/gr.260604.119>
- Mishra, S., Rastogi, Y. P., Jabin, S., Kaur, P., Amir, M., & Khatoun, S. (2020). A bacterial phyla dataset for protein function prediction. *Data in Brief*, *28*, 105002. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2019.105002>
- Naik, S., Venu Gopal, S. K., & Somal, P. (2008). Bioproduction of polyhydroxyalkanoates from bacteria: a metabolic approach. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, *24*(10), 2307–2314. <https://doi.org/10.1007/s11274-008-9745-z>
- Nikolić, V., Kazemi, P., Coombe, L., Wong, J., Afshinfard, A., Chu, J., Warren, R. L., & Birol, I. (2022). btllib: A C++ library with Python interface for efficient genomic sequence processing. *The Journal of Open Source Software*, *7*(79), 4720. <https://doi.org/10.21105/joss.04720>
- Oliveira-Filho, E. R., Gomez, J. G. C., Taciro, M. K., & Silva, L. F. (2021). Burkholderia sacchari (synonym Paraburkholderia sacchari): An industrial and versatile bacterial chassis for sustainable biosynthesis of polyhydroxyalkanoates and other bioproducts. *Bioresource Technology*, *337*, 125472. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.125472>
- Paine, I., Posey, J. E., Grochowski, C. M., Jhangiani, S. N., Rosenheck, S., Kleyner, R., Marmorale, T., Yoon, M., Wang, K., Robison, R., Cappuccio, G., Pinelli, M., Magli, A., Coban Akdemir, Z., Hui, J., Yeung, W. L., Wong, B. K. Y., Ortega, L., Bekheirnia, M. R., ... Lupski, J. R. (2019). Paralog studies augment gene discovery: DDX and DHX genes. *American Journal of Human Genetics*, *105*(2), 302–316. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2019.06.001>
- Palù, M., Basile, A., Zampieri, G., Treu, L., Rossi, A., Morlino, M. S., & Campanaro, S. (2022). KEMET - A python tool for KEGG Module evaluation and microbial genome annotation expansion. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, *20*, 1481–1486. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2022.03.015>
- Pan, W., Perrotta, J. A., Stipanovic, A. J., Nomura, C. T., & Nakas, J. P. (2012). Production of polyhydroxyalkanoates by Burkholderia cepacia ATCC 17759 using a detoxified sugar maple hemicellulosic hydrolysate. *Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology*, *39*(3), 459–469. <https://doi.org/10.1007/s10295-011-1040-6>
- Paulitsch, F., Delamuta, J. R. M., Ribeiro, R. A., da Silva Batista, J. S., & Hungria, M. (2020). Phylogeny of symbiotic genes reveals symbiovars within legume-nodulating Paraburkholderia species. *Systematic and Applied Microbiology*, *43*(6), 126151. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2020.126151>
- Pérez Alquicira, J., Rodríguez-Gómez, F., Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Laboratorio de Análisis de la Biodiversidad y Genómica., Vargas-Ponce, O., Muñoz-González, Z. A. G., Alcalá-Gómez, G., & Zamora-Tavares, P. (2022). Principios básicos de la genómica y sus aplicaciones. *E-CUCBA*, *9*(18), 123–131. <https://doi.org/10.32870/ecucba.vi18.248>
- Petrova, Y. D., & Mahenthiralingam, E. (2022). Discovery, mode of action and secretion of Burkholderia sensu lato key antimicrobial specialised metabolites. *Cell Surface (Amsterdam)*, *8*, 100081. <https://doi.org/10.1016/j.tcs.2022.100081>
- Petrova, Y. D., Zhao, J., Webster, G., Mullins, A. J., Williams, K., Alswat, A. S., Challis, G. L., Bailey, A. M., & Mahenthiralingam, E. (2022). Cloning and expression of Burkholderia polyene biosynthetic gene clusters in Paraburkholderia hosts provides a strategy for biopesticide development. *Microbial Biotechnology*, *15*(10), 2547–2561. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14106>
- Prasanna, A., & Niranjana, V. (2021). MutVis: Automated framework for analysis and visualization of mutational signatures in pathogenic bacterial strains. *Infection, Genetics and Evolution*, *91*, 104805. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104805>
- Prezza, G., Ryan, D., Mädler, G., Reichardt, S., Barquist, L., & Westermann, A. J. (2022). Comparative genomics provides structural and functional insights into Bacteroides RNA biology. *Molecular Microbiology*, *117*(1), 67–85. <https://doi.org/10.1111/mmi.14793>
- Raheb, J., Saadat, S., & Nazari, F. (2013). Identification of A Novel phaC1 Gene from Pseudomonas putida KT2442. *Computational Molecular Biology*. <https://doi.org/10.5376/cmb.2013.03.0003>
- Reddy, M. V., Watanabe, A., Onodera, R., Mawatari, Y., Tsukiori, Y., Watanabe, A., Kudou, M., & Chang, Y.-C. (2020). Polyhydroxyalkanoates (PHA) production using single or mixture of fatty acids with Bacillus sp. CYR1: Identification of PHA synthesis genes. *Bioresource Technology Reports*, *11*, 100483. <https://doi.org/10.1016/j.biteb.2020.100483>

- Rivera-Briso, A. L., & Serrano-Aroca, Á. (2018). Poly(3-Hydroxybutyrate-co-3-Hydroxyvalerate): Enhancement Strategies for Advanced Applications. *Polymers*, 10(7). <https://doi.org/10.3390/polym10070732>
- Robertson, J., & Nash, J. H. E. (2018). MOB-suite: software tools for clustering, reconstruction and typing of plasmids from draft assemblies. *Microbial Genomics*, 4(8). <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000206>
- Russell, P. H., & Fiddes, I. T. (2021). BioCantor: a Python library for genomic feature arithmetic in arbitrarily related coordinate systems. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2021.07.09.451743>
- Sah, S., Surendiran, B., & Dhanalakshmi, R. (2022). Genomic Sequence Similarity of SARS-CoV2 Nucleotide Sequences Using Biopython: Key for Finding Cure and Vaccines. In *Application of deep learning methods in healthcare and medical science* (pp. 211–223). Apple Academic Press. <https://doi.org/10.1201/9781003303855-12>
- Sanhueza, C., Diaz-Rodriguez, P., Villegas, P., González, Á., Seeger, M., Suárez-González, J., Concheiro, A., Alvarez-Lorenzo, C., & Acevedo, F. (2020). Influence of the carbon source on the properties of poly-(3)-hydroxybutyrate produced by *Paraburkholderia xenovorans* LB400 and its electrospun fibers. *International Journal of Biological Macromolecules*, 152, 11–20. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2020.02.080>
- Sawana, A., Adeolu, M., & Gupta, R. S. (2014). Molecular signatures and phylogenomic analysis of the genus *Burkholderia*: proposal for division of this genus into the emended genus *Burkholderia* containing pathogenic organisms and a new genus *Paraburkholderia* gen. nov. harboring environmental species. *Frontiers in Genetics*, 5, 429. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00429>
- Shajii, A., Numanagić, I., Leighton, A. T., Greenyer, H., Amarasinghe, S., & Berger, B. (2020). A Python-based optimization framework for high-performance genomics. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2020.10.29.361402>
- Singh, R., Kundu, P., Mishra, V. K., Singh, B. K., Bhattacharyya, S., & Das, A. K. (2023). Crystal structure of FadA2 thiolase from *Mycobacterium tuberculosis* and prediction of its substrate specificity and membrane-anchoring properties. *The FEBS Journal*, 290(16), 3997–4022. <https://doi.org/10.1111/febs.16792>
- Song, Y. C., Holland, S. I., Lee, M., Chen, G., Löffler, F. E., Manefield, M. J., Hugenholtz, P., & Kappler, U. (2023). A comparative genome analysis of the Bacillota (Firmicutes) class Dehalobacteriia. *Microbial Genomics*, 9(6). <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001039>
- Sriyapai, T., Chuarung, T., Kimbara, K., Samosorn, S., & Sriyapai, P. (2022). Production and optimization of polyhydroxyalkanoates (PHAs) from *Paraburkholderia* sp. PFN 29 under submerged fermentation. *Electronic Journal of Biotechnology*, 56, 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2021.12.003>
- Takeda, M., & Nakahara, M. (2009). Structural features of the nucleotide sequences of genomes. *Journal of Computer Aided Chemistry*, 10, 38–52. <https://doi.org/10.2751/jcac.10.38>
- Tan, I. K. P., Foong, C. P., Tan, H. T., Lim, H., Zain, N.-A. A., Tan, Y. C., Hoh, C. C., & Sudesh, K. (2020). Polyhydroxyalkanoate (PHA) synthase genes and PHA-associated gene clusters in *Pseudomonas* spp. and *Janthinobacterium* spp. isolated from Antarctica. *Journal of Biotechnology*, 313, 18–28. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2020.03.006>
- Urhan, A., Cosma, B.-M., Earl, A. M., Manson, A. L., & Abeel, T. (2023). SAP: Synteny-aware gene function prediction for bacteria using protein embeddings. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.05.02.539034>
- Wallner, A., Busset, N., Lachat, J., Guigard, L., King, E., Rimbault, I., Mergaert, P., Béna, G., & Moulin, L. (2022a). Differential genetic strategies of *Burkholderia vietnamiensis* and *Paraburkholderia kururiensis* for root colonization of *Oryza sativa* ssp. *japonica* and ssp. *indica*, as revealed by Tn-seq. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2022.04.14.488431>
- Wallner, A., Busset, N., Lachat, J., Guigard, L., King, E., Rimbault, I., Mergaert, P., Béna, G., & Moulin, L. (2022b). Differential Genetic Strategies of *Burkholderia vietnamiensis* and *Paraburkholderia kururiensis* for Root Colonization of *Oryza sativa* subsp. *japonica* and *O. sativa* subsp. *indica*, as Revealed by Transposon Mutagenesis Sequencing. *Applied and Environmental Microbiology*, 88(14), e0064222. <https://doi.org/10.1128/aem.00642-22>
- Wallner, A., Klonowska, A., Guigard, L., King, E., Rimbault, I., Ngonkeu, E., Nguyen, P., Béna, G., & Moulin, L. (2023). Comparative genomics and transcriptomic response to root exudates of six rice root-associated *Burkholderia* sensu lato species. *Peer Community Journal*, 3. <https://doi.org/10.24072/pcjournal.252>
- Webster, G., Mullins, A. J., Bettridge, A. S., Jones, C., Cunningham-Oakes, E., Connor, T. R., Parkhill, J., & Mahenthalingam, E. (2019). The Genome Sequences of Three *Paraburkholderia* sp. Strains Isolated from Wood-Decay Fungi Reveal Them as Novel Species with Antimicrobial Biosynthetic Potential. *Microbiology Resource Announcements*, 8(34). <https://doi.org/10.1128/MRA.00778-19>
- Zhang, Z., He, H., Zhang, X., Zheng, S., Zheng, T., Liu, X., & Chen, G. (2023). [The degradation of plastics and the production of polyhydroxyalkanoates (PHA)]. *Sheng Wu Gong Cheng Xue Bao = Chinese Journal of Biotechnology*, 39(5), 2053–2069. <https://doi.org/10.13345/j.cjb.230033>
- Zheng, W., Wang, X., Zhou, H., Zhang, Y., Li, A., & Bian, X. (2020). Establishment of recombinering genome editing system in *Paraburkholderia megapolitana* empowers activation of silent biosynthetic gene clusters. *Microbial Biotechnology*, 13(2), 397–405. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13535>
- Zwaenepoel, A., & Van de Peer, Y. (2020). Model-based detection of whole-genome duplications in a phylogeny. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2020.01.24.917997>

11 Anexos

1. Enlace para ejecutar Jupyter notebook con el script de Python:

<https://colab.research.google.com/drive/1H6WfzgfKQh1jOnYUbeLqb3cwPWwJgsry?usp=sharing>