

Material suplementario:

8. Material suplementario:

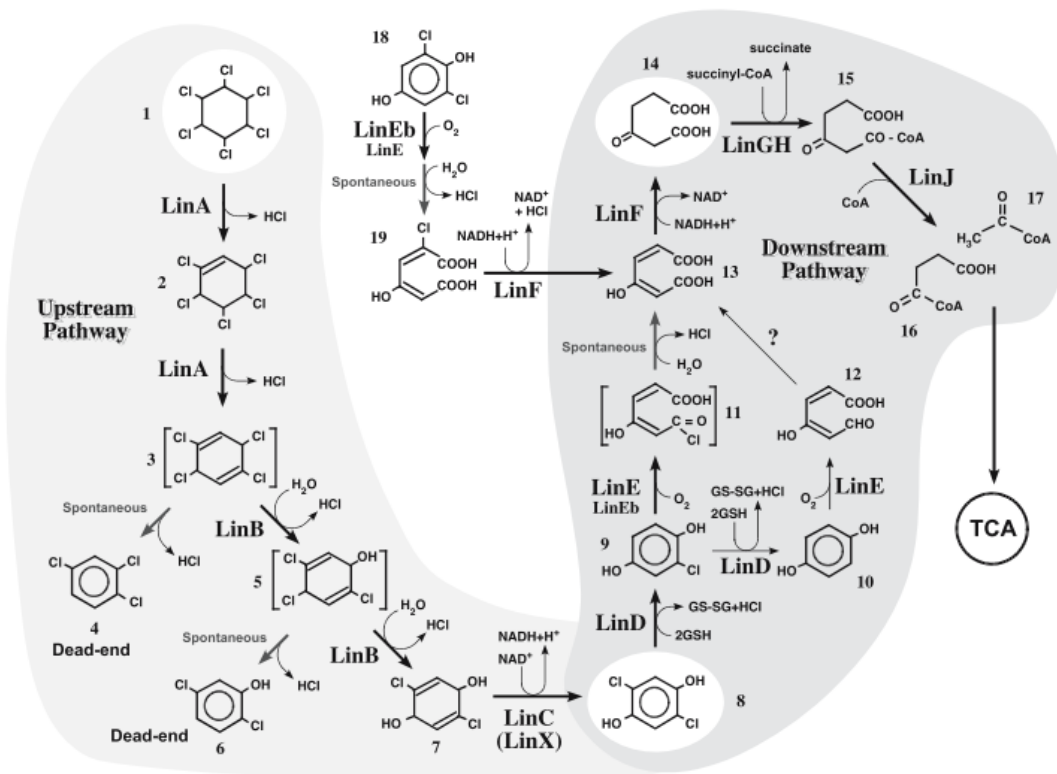
8.2. Ruta de degradación en *Sphingomonas paucimobilis*:

Figura 8: Ruta de degradación de lindano por *Sphingomonas paucimobilis*.

8.2. Cebadores utilizados en los estudios de Real Time PCR:

Tabla 2: cebadores utilizados para llevar a cabo la RT-PCR, obtenidos con el programa PrimeExpress3.3 (AppliedBiosystems).

CEBADOR	SECUENCIAS 5'→ 3'	SECUENCIA AMPLIFICADA
<i>rpnB</i> for	AGCGGAACTGGTAAAAGACCAA	Gen <i>rpnB</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>rpnB</i> rev	GAGAGGTACTGGCTCGGTAAACC	
<i>furA</i> for	TGTGTCCTTCGCTAATTCCA	Gen <i>furA</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>furA</i> rev	ACGATTACCGGACGTTGAAGT	
<i>furB</i> for	CAGGGCATTGATGAATAGGAATAGA	Gen <i>furB</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>furB</i> rev	AGCCTAGCGCAGCAAGATAAA	
<i>furC</i> for	GCGTTGTCAGCTGTTAGGTATGC	Gen <i>furC</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>furC</i> rev	GCTTGCCACAGCAGTTCTAAAA	
<i>prxA</i> for	CCATCACCTACGGAACACAAGA	Gen <i>prxA</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>prxA</i> rev	TCCTGATCAACTACAGCTGTTGCT	
<i>linB</i> for	CGATCGCACTCTCAAAGCTATAATC	Gen <i>linB</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>linB</i> rev	TCACATAGTAGCGCCAGATATGC	
<i>linE</i> for	ACTTCCGCATCTCTGCAAAAA	Gen <i>linE</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>linE</i> rev	CAGCCGTCTATTTGGCAACA	
<i>nirA</i> for	TCTTTGGGATGGGAAGCAAT	Gen <i>nirA</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>nirA</i> rev	GAAAGAATACACCCACCATTTG	
<i>ntcA</i> for	GGCCCTAGCAAATGTTTTTCG	Gen <i>ntcA</i> de <i>Anabaenas</i> sp. PCC7120
<i>ntcA</i> rev	TTTATTGCGTTCAAACGTTTCG	
<i>16S</i> for	CCCGGCCTCAGTTCAGATT	Gen <i>16S</i> de <i>Microcystis aeruginosa</i>
<i>16S</i> rev	CGGCGATTACTAGCGATTCC	
<i>linB</i> for	GAGATTAAAAAGATACCGGGT	Gen <i>linB</i> de <i>Microcystis aeruginosa</i>
<i>linB</i> rev	AGATAAAACTCGCCACCGC	
<i>linE</i> for	CCGGAATGGTGCGTTTTTT	Gen <i>linE</i> de <i>Microcystis aeruginosa</i>
<i>linE</i> rev	CACCATCGACGTTAAAGACTTGAC	
<i>prxA</i> for	GATGTGGCCTATCCGTTGGT	Gen <i>prxA</i> de <i>Microcystis aeruginosa</i>
<i>prxA</i> rev	CGCATCAGGATCAAGAACATTG	
<i>nirA</i> for	CGGGTGGCTAATCAGTTAGGTTA	Gen <i>nirA</i> de <i>Microcystis aeruginosa</i>
<i>nirA</i> rev	TCCAGTCGATTGCATCTTTT	

8.3. Alineamiento de secuencias:

8.3.1. Alineamiento *linB* *Anabaena* y *linB* *Sphingomonas paucimobilis*:

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

Sphingomonas Anabaena	-MSLGAKPFGEKKFIEIKRRMAYIDEGTG-DPILFQHGNTSSYLWRNIMPHCAGLGRL MNCCELLKTMVPRQTLKSDIQLSYLEWNQGKEPLLLHGLGDHALVWSSLGDDLAARYHI . *.: :: :. . . ::*: . * :*: ** : :* :. . *. ::
Sphingomonas Anabaena	IACDLIGMGDSKLDPSGPERYTYAEHRDYLDALEALDLGDRVVLVVDHGWGSLGFDWA VAPDMRGHGESSKPKDKD----YSFESAIAADLEALMNLGWSS-AHIVSHSWTGKLAVIWA :* *: * :*: . * . *:: . *:: : *. . . :* *. * . *.. **
Sphingomonas Anabaena	RRHRERVQGIAYMEAVTMPLWADFPEQDRDLFQAFRSQAGEELVLQDNVFEQVLPGLI RQNPQRLRSMVLVDPIFIWKMPDLFRLTFPLLYRFLSFLKAMGPFTSYEQAEQEAQQLNQ *:: :*: . . . ::: : * *:: : . . . :::
Sphingomonas Anabaena	LRPLSEAEMAAYREPFLAAGEARRPTLSWPRQIPIAGTPADVVAIARDYAGWLSESPKPK FQGWSPQQVFQG-----GLEQKPDGWSGSKFTIAR-DGIFDAVLSVPGFITPLDTPA

```

:: * : ::: * : * * : : * . . . . * : *
Sphingomonas LFINAEPGH-LTTGRIRDFCRTWPNQTEITVAGAHFIQEDSPDEIGAAIAAFVRRRLRPA-
Anabaena LFVQSEQGLNRLEWQIKPYKTYLKNFRLCQIPGNHWPFLTASQAFNQTIAAFLAECQENK
* : : * * : : * : * : : : : * : :
Sphingomonas ---
Anabaena SHD

```

8.3.2. Alineamiento *linR* *Anabaena* y *linR* *Sphingomonas paucimobilis*:

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

```

Sphingomonas ---MNIDDLDFRHLVLLDALLKRHSVSAAARELDLPQPTASHGLARLRKALGDPLLVRAR
Anabaena MGLIDLSSIDLNLLVTFEVLFEERSVTAAQRLYLGPAMSAALARLRILFQDELFIIRIG
: : : : * : : * : : : : * : : * : : * : : * : : * : : * : : * : : * : :
Sphingomonas DGMEPTPRAEAIAGVVQQLLELRDLAEGGQTFSPDRKREFIIAGSDIAHLVVLTAHLS
Anabaena REMQPTAKALEISPGISVALQQIRQTLESSQTFDPTTSKHTFAIGSSDYTSYVVLPKLLE
* : * : * : : : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :
Sphingomonas AARFEAPHTSYRALTLSDGEMVSALETGHVDIAGVAYPSLVAGIKTORLYQEEYLCFGKE
Anabaena VCRQVAPSIDFRLIGFEKDSVGLLEQREIHVALGLFQNPQRQTRQMPLFEEHFVGLCRR
. . * * . : * : : : * : . * * . : : * : * : : : * : : : : :
Sphingomonas GHPFIKSGETDDFMAADHIVVSTKGMHAHRAVERALLDKIHPDRIRIVASSFLVALAAC
Anabaena GHPVVTQESMTPETFARLPQALFTLRDDIGEIDKVLAQYNLQRRVVLTTPHLLIIPTVI
* * . : : . * . . . : : * : : * : : : : * : :
Sphingomonas FESDLILTAPARVIGRLAEVYGLRAVRPPILMEAFEVQRQYWHARNQDDPPHRWLRLQLLHK
Anabaena SSSDLVTVIPSRLLTPFAYKDTLEIFELPVKTEPWWISMLWSKLTDDQDQASIWLRLQMLKS
. * * : . * : * : : * * . . * : * : : * . : : * . * * : * :
Sphingomonas VLSARM
Anabaena VCEGI-
* .

```

8.3.3. Alineamiento *linE* *Anabaena* y *linE* *Sphingomonas paucimobilis*:

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

```

Sphingomonas MMQLPERVEGLHHITVATGSAQGDVDLLVKTLGQRLVKKTMFYDGARPVYHLYFGNELGE
Anabaena ---MTEQKR---IAVVTGSNRGLGYAISRKLAQIGIHVILTSR-----
: : : . * : * * * : * : : * : * : : :
Sphingomonas PGTLYTTFPVRQAGYTGKRGAGQISAVSYNAPVGTLSWWQEHLIKRAVTVSEVRERFGQK
Anabaena -----NEADGLAAKQQLSSEGLDADYCVLDVTNDVSVQKFTKWL
: : : : : : : : : : : : : : : * : :
Sphingomonas YLSFEHPDCGVGFEIIEQDTDGQFEPWDSPPVPKEVALRGFHSWTATLNRNEEMDSFMRN
Anabaena HETYSKVDILVNNAGINPTTK-----PEESSLLTVQLETMRFTWETNVLAVVRI
: : : : * * . * : * . * : * * : : * . : : : : : :
Sphingomonas AWNLKPQGRDGNRYQRYAFNGGAAKVLDVYIDEDERP GTWALGEGQVHHAAFEVADLDVQ
Anabaena TQALIPLMQAQNYGRIVNISTEMASLSSISDDYYPLAPSYRLSKVGVN-----
: * * : * * * . . * : : : * . : : * :
Sphingomonas AALKFDVEGLGYTDFSDRKHRGYFESIYVRTPGGVLFASVTLGFTHDESPEKLGSEVKV
Anabaena -----GITAILAKELQGTNILVNAYSPGWMKTDMGDNAPFTAEEGAETAVYLAT
* * : : : * : . : * : : . . * . : : :
Sphingomonas AP--QLEGVKDELLRTMNDPIVI--
Anabaena LPDRGVQGQFFAEMRKFGGPVQLQW
* : : * : : : * : :

```

8.4. Contexto génico:

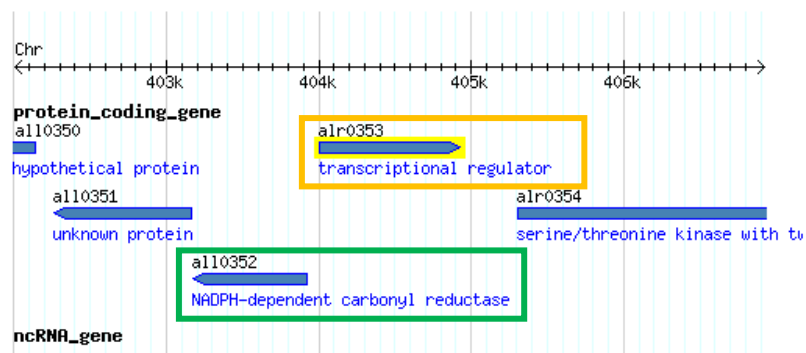


Figura 9. Contexto génico de los potenciales *linR* (regulador) y *linE* para *Anabaena*, correspondiendo el gen *alr0353* recuadrado en naranja y *alr0352* recuadrado en verde respectivamente.

8.5. Árboles filogenéticos:

8.5.1. Árbol filogenético LinB:

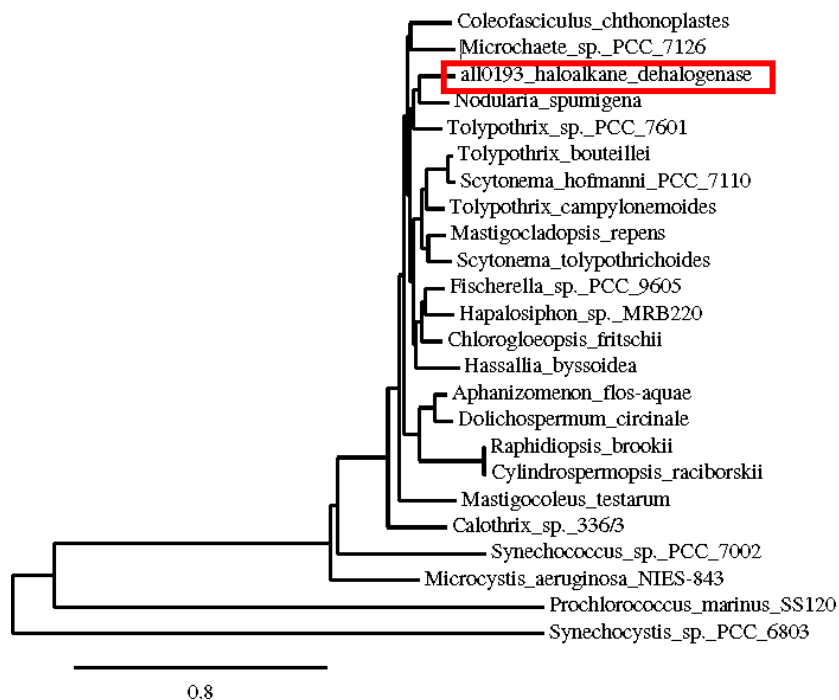


Figura 10. Árbol filogenético proteína haloalcanodeshalogenasa de *Anabaena* PCC7120 (*all0193*) correspondiente a la proteína Lin B con la de otras cianobacterias.

8.5.2. Árbol filogenético LinE:

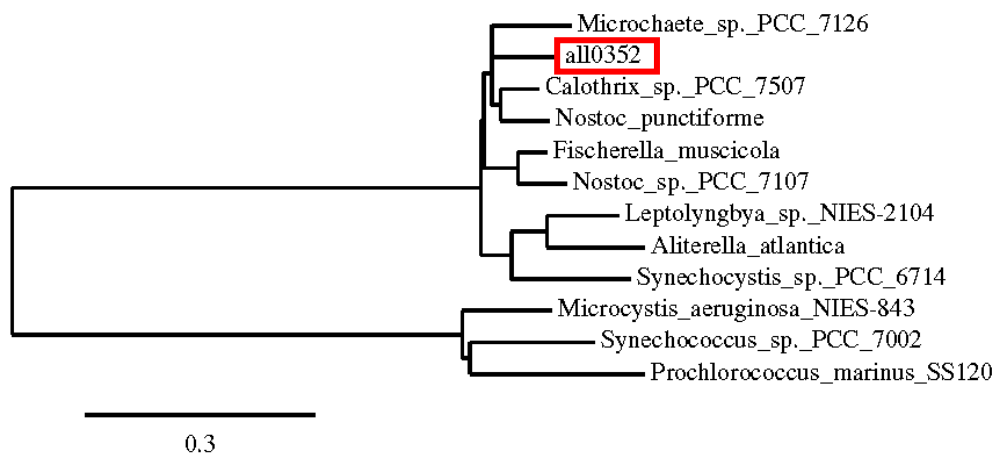


Figura 11. Árbol filogenético proteína carbonilo reductasa dependiente de NADPH de *Anabaena* PCC7120 (*all0352*) correspondiente a la proteína LinE con la de otras cianobacterias.