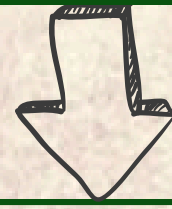
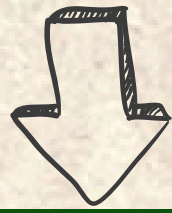


# Modificación natural por *Agrobacterium tumefaciens*



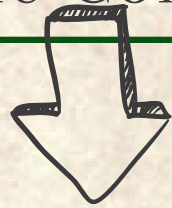
- Detección de secuencias homologas entre *Agrobacterium tumefaciens* y plantas populares en Ecuador.
- Identificación de secuencias homologas que muestre una posible modificación genética natural.



## Herramienta Bioinformatica

Herramienta Bioinformatica

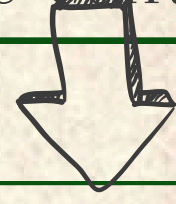
Se utilizo Google Colab para trabajar en linea con Python en la cual se utilizo la librería Biopython



## Selección de la secuencias de plantas de interés

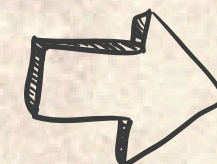
Selección de la secuencias de plantas de interés

La búsqueda se centro en platas agrícolas ecuatorianas pero también que sean de interés industrial.

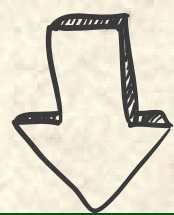


## Selección de la secuencias de plantas de interés

La búsqueda se centro en platas agrícolas ecuatorianas pero también que sean de interés industrial.



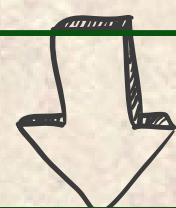
*Bixa orellana* (achiote)  
*Manihot esculenta* (yuca)  
*Solanum tuberosum* (papa)  
*Hevea brasiliensis* (caucho)



## Selección del gen de interés de *A. tumefaciens*

### Selección del gen de interés de *A. tumefaciens*

Las bacterias del genero *Agrobacterium* transmiten ADN a las plantas mediante un plásmido, este es conocido como ADN de transferencia (T-ADN) y es el mayor indicador de una modificación genética pero es difícil conocer el gen especifico, sin embargo, se puede buscar evidencia atreves de los genes VIR que son complejos que ayudan a la transferencia de este T-ADN



## Uso de Biopython

Uso de Biopython

Se utilizo Entrez y SeqIO para descargar las secuencias genéticas de interés desde la base de datos de NCBI. Además, se utilizo pairwise2 y format\_alignment para el alineamiento de secuencias descargadas para determinar secuencias homologas.

