(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 825 050**

(51) Int. CI.:

A61K 35/76 (2015.01)
C12N 7/00 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **19.09.2011 E 18192766 (6)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **09.09.2020 EP 3443970**

(54) Título: **Fago antibacteriano, péptidos de fago y métodos de uso de los mismos**

(30) Prioridad:

17.09.2010 US 38401510 P

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
14.05.2021

(73) Titular/es:

TECNIFAR-INDÚSTRIA TÉCNICA FARMACÊUTICA, S.A. (50.0%)
Rua Tierno Galva, Torre 3, 12 Piso
1099-036 Lisboa, PT y
TECHNOPHAGE, INVESTIGAÇÃO E DESENVOLVIMENTO EM BIOTECNOLOGIA, SA (50.0%)

(72) Inventor/es:

DA COSTA GARCIA, MIGUEL ÂNGELO;
SOUSA DE SÃO JOSÉ, CARLOS JORGE;
RODRIGUES LEANDRO, CLARA ISABEL;
RODRIGUES PARDAL DIAS ANTUNES MARÇAL, FILIPA MARIA y
MARTINS BARBOSA, ANA RAQUEL

(74) Agente/Representante:

CARVAJAL Y URQUIJO, Isabel

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Fago antibacteriano, péptidos de fago y métodos de uso de los mismos

1. Listado de secuencias

La presente solicitud contiene un listado de secuencias que se ha enviado en formato ASCII a través de la red de EFS. Dicha copia en ASCII, creada en septiembre 14 de 2011, se llama 16395US1.txt y tiene un tamaño de 3.295.858 bytes.

2. Solicitud relacionada

Esta solicitud reivindica la prioridad de la solicitud provisional de los Estados Unidos No. 61/384.015, presentada el 17 de septiembre de 2010.

3. Campo de la invención

La presente invención está dirigida al campo de la terapia con fagos para el tratamiento y control de infecciones bacterianas. En particular, la presente invención está dirigida al nuevo bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F125/10, polipéptidos aislados de los mismos, composiciones que comprenden una o más de el nuevo bacteriófago y/o polipéptidos aislados; y métodos para el tratamiento y prevención de infecciones bacterianas causadas por, por ejemplo, *Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli* y/o *Pseudomonas aeruginosa,* ya sea solas o en combinación con otras terapias, por ejemplo, antibióticos u otras terapias con fagos.

4. Antecedentes

Los bacteriófagos (fagos) son virus que específicamente infectan y lisan las bacterias. La terapia con fagos, un método para usar virus de fagos completos para el tratamiento de enfermedades infecciosas bacterianas, se introdujo en la década de 1920 por Félix d'Herelle. Inicialmente, la terapia con fagos se investigó vigorosamente y se realizaron numerosos estudios para evaluar el potencial de la terapia con fagos para el tratamiento de infecciones bacterianas en humanos y animales. El éxito temprano impulsó el desarrollo de múltiples preparaciones comerciales de fagos. Por ejemplo, en 1940, Eli Lilly Company produjo 7 productos de fagos para uso humano, incluidas preparaciones de fagos para tratar diferentes enfermedades causadas por *Staphylococcus* sp., *E. coli* y otras bacterias patógenas. Estas preparaciones se usaron, por ejemplo, para tratar infecciones que causan abscesos, heridas purulentas, vaginitis, infecciones agudas del tracto respiratorio superior e infecciones mastoideas.

Sin embargo, con el desarrollo de antibióticos en la década de 1940, el interés en la terapéutica basada en fagos disminuyó en el mundo occidental. Uno de los factores más importantes que contribuyeron a esta disminución fue la falta de protocolos de prueba y métodos de producción estandarizados. El hecho de no desarrollar estándares en toda la industria para las pruebas de terapias con fagos interfirió con la documentación de los resultados del estudio, lo que llevó a una falta de eficacia percibida, así como a problemas de credibilidad con respecto al valor de la terapia con fagos. Además, los problemas relacionados con la producción de muestras/especímenes de fagos complicaron el estudio inicial y la investigación. Inicialmente se utilizaron diversos estabilizantes y conservantes en intentos de aumentar la viabilidad de las terapias con fagos. Sin embargo, debido a que la biología tanto del fago como de los diversos estabilizadores era poco conocida, muchos de los ingredientes agregados en un intento por prolongar la viabilidad de las preparaciones de fagos demostraron ser tóxicos para los humanos o tener un impacto negativo en el almacenamiento a largo plazo. Otro problema en la producción de fagos esta relacionada con el grado de pureza de las preparaciones comerciales del fago. En ese momento, las preparaciones de la terapia con fagos generalmente consistían en lisados crudos de bacterias huésped que se habían tratado con el fago de interés. Por lo tanto, muchas preparaciones contenían lo que ahora se reconoce que son componentes bacterianos no deseados, por ejemplo, endotoxinas. En consecuencia, los eventos adversos se asociaron a menudo con las preparaciones, particularmente en pacientes que las recibieron por vía intravenosa. Sin embargo, en Europa del Este y en la antigua Unión Soviética, donde el acceso a los antibióticos era limitado, el desarrollo y uso de la terapia con fagos continuó de forma conjunta o en lugar de los antibióticos.

Con el aumento de cepas resistentes a los antibióticos de muchas bacterias, sin embargo, el interés en las terapias basadas en fagos ha regresado en el mundo occidental. Aunque se pueden desarrollar nuevas clases de antibióticos, la posibilidad de que las bacterias eventualmente desarrollen resistencia a los nuevos medicamentos ha intensificado la búsqueda de medios no quimioterapéuticos para controlar, prevenir y tratar infecciones bacterianas. Existen tres estrategias principales basadas en fagos para utilizar la terapia con fagos en un entorno clínico: 1) administrar fagos virulentos; 2) utilizar endolisinas o lisinas purificadas codificadas por bacteriófagos; 3) utilizar proteínas estructurales de fagos como inhibidores metabólicos de enzimas bacterianas clave, como las enzimas que sintetizan peptidoglicano.

El documento WO2003080823 divulga un panel de bacteriófagos que comprende un primer bacteriófago mutante vir capaz de infectar y lisar una primera cepa de bacterias, y un segundo mutante vir capaz de infectar y lisar una segunda cepa de bacterias. Una composición farmacéutica incluye un panel de bacteriófagos. Un método para identificar un bacteriófago adecuado para matar una bacteria obteniendo una muestra de la bacteria de un paciente o sitio infectado con la bacteria, identificando una o más características de sensibilidad a fagos de la bacteria, comparando las

características de la etapa de identificación con el intervalo de huéspedes conocidos de cada biblioteca de bacteriófagos, la biblioteca de bacteriófagos incluye un primer bacteriófago mutante vir capaz de infectar y lisar una primera cepa de bacterias, y un segundo mutante vir capaz de infectar y lisar una segunda cepa de bacterias, e identificar uno o más bacteriófagos del panel adecuado para matar la bacteria. Sin embargo, el documento WO2003080823 no divulga un bacteriófago que tenga un genoma que comprenda una secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 o la SEQ ID NO: 560, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluye dicho bacteriófago o un método para diagnosticar un agente causante de una infección bacteriana que comprende una etapa de poner en contacto dicho bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

El documento WO2002076483 se refiere a una composición que comprende bacteriófagos y endotoxinas y a un medicamento que contiene dicha composición. El documento de la técnica anterior se refiere además al uso de dicho medicamento para tratar enfermedades bacterianas, infecciones fúngicas y/o inflamaciones. La composición de la técnica anterior también se puede usar como agente de limpieza y/o desinfectante. Sin embargo, el documento WO2002076483 no divulga un bacteriófago que tiene un genoma que comprende una secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 o la SEQ ID NO: 560, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluye dicho bacteriófago o un método para diagnosticar un agente causante de una infección bacteriana que comprende una etapa de poner en contacto dicho bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

El documento WO2010041970 está dirigido a polipéptidos aislados y quiméricos de origen bacteriófago que tienen actividad antibiótica y su uso en el tratamiento y control de infecciones bacterianas. Específicamente, se dirige al uso de un nuevo polipéptido antibacteriano derivado del bacteriófago F87s/06 y sus constructos quiméricos, y su uso para el tratamiento y control de infecciones causadas por bacterias Gram positivas, incluido *Staphylococcus aureus*. Sin embargo, el documento WO2010041970 no divulga un bacteriófago que tenga un genoma que comprende una secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 o la SEQ ID NO: 560, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluye dicho bacteriófago o un método para diagnosticar un agente causante de una infección bacteriana que comprende una etapa de poner en contacto dicho bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

El documento US20100172918 se refiere a una proteína de lisina originada a partir de bacteriófagos, más precisamente a una proteína de lisina que no daña a humanos y animales que comprenden células eucarióticas debido a su especificidad a las bacterias y tiene una amplia actividad antibacteriana, y una composición farmacéutica para la prevención y el tratamiento de enfermedades infecciosas causadas por bacterias que comprenden dicha proteína de lisina como ingrediente activo. Sin embargo, el documento US20100172918 no divulga un bacteriófago que tenga un genoma que comprenda una secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 o la SEQ ID NO: 560, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluye dicho bacteriófago o un método para diagnosticar un agente causante de una infección bacteriana que comprende una etapa de poner en contacto dicho bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

El documento WO2010 / 011960 A2 divulga una lisina con actividad antimicrobiana contra *S. aureus* y su uso en el tratamiento de infecciones bacterianas. El documento WO2010/011960 A2 no divulga un bacteriófago que comprenda la SEQ ID NO: 560 ni describe el uso de tal bacteriófago.

El documento WO2008/001342 A1 divulga un plásmido pSOFLysK que codifica la actividad antiestafilocócica y la lisina codificada por dicho plásmido, y el uso de dicha lisina en el tratamiento y diagnóstico de infecciones por estafilococos. El documento WO2008/001342 A1 no divulga un bacteriófago que comprenda la SEQ ID NO: 560 ni describe el uso de tal bacteriófago.

Por lo tanto, existe la necesidad de desarrollar nuevos bacteriófagos y productos de fagos como posibles agentes terapéuticos y/o profilácticos para su uso *in vivo* contra bacterias patógenas. En particular, existe la necesidad de un bacteriófago capaz de lisar bacterias nosocomiales, incluyendo *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Escherichia coli* y/o *Pseudomonas aeruginosa*. Ya que la mayoría de fagos y péptidos de fago estudiados hasta la fecha exhiben actividad dirigida específicamente contra las especies (o subespecies) de bacterias a partir de las cuales se aislan, las nuevas terapias basadas en fagos pueden encontrar un uso particular en el entorno hospitalario, dirigiéndose selectivamente a los patógenos nosocomiales sin afectar la flora circundante normal.

5. Resumen de la invención.

La presente invención está dirigida a bacteriófagos aislados y a polipéptidos antibacterianos aislados de origen bacteriófago para el tratamiento, prevención o manejo de afecciones asociadas con la infección por bacterias Gram positivas o Gram negativas. En particular, los bacteriófagos o polipéptidos aislados de la invención se pueden usar en composiciones farmacéuticas para el tratamiento, profilaxis o manejo de la infección por patógenos nosocomiales, por ejemplo, bacterias Gram negativas que incluyen pero no se limitan a *Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli,* y *Pseudomonas aeruginosa* y bacterias Gram positivas que incluyen pero no se limitan a *Staphylococcus aureus*. En ciertas realizaciones, las composiciones farmacéuticas de la invención son de uso en el tratamiento de afecciones asociadas con cepas de bacterias resistentes a los antibióticos, por ejemplo, cepas resistentes a la meticilina de *Staphylococcus aureus* (MRSA). En realizaciones particulares, los bacteriófagos o

polipéptidos aislados de la invención se usan para el tratamiento tópico de la infección por patógenos nosocomiales en un sujeto que lo necesite. En otras realizaciones, los bacteriófagos o polipéptidos aislados de la invención se usan para el diagnóstico del agente infeccioso en una muestra (por ejemplo, tejido, sangre, orina, muestra de esputo) derivada de un paciente. En otras realizaciones, los bacteriófagos o polipéptidos aislados de la invención se usan como un desinfectante profiláctico o antiinfeccioso para la preparación de superficies sólidas, incluyendo la piel u otras superficies epidérmicas.

En una realización, la invención proporciona un bacteriófago aislado, F44/10, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560 y que presenta actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*.

La solicitud también describe bacterias aisladas infectadas con uno o más bacteriófagos de la invención. También se describe en este documento, una *K. pneumoniae* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste de la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1. También se describe en este documento una *A. baumannii* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2. También se describe en este documento una *E. coli* aislada infectado con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3. También se describe en este documento una *P. aeruginosa* aislada infectada con uno o más bacteriófagos que tienen un genoma que comprende o consiste de la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4. En todavía otras realizaciones más, la invención proporciona un *S. aureus* aislada infectada con uno o más bacteriófagos que tienen un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560. También se describe en este documento una *K. pneumoniae* aislada infectada con uno o más bacteriófagos que tienen un genoma que comprende o consiste de la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 781. También se describe en este documento una S. aureus aislado infectado con uno o más bacteriófagos que tienen un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1074.

También se describe en este documento, polipéptidos aislados de los bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 y/o F125/10, cuyos polipéptidos exhiben actividad antibacteriana contra uno o más especies o cepas de bacterias Gram positivas o Gram negativas, por ejemplo, *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus.* Los polipéptidos descritos aquí aislados o derivados de F387/08 y F3910/08 exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana, por ejemplo, actividad de destrucción lítica, contra al menos *K. pneumoniae*, aquellas aisladas o derivadas de F394/08, contra al menos *A. baumannii*; aquellos aislados o derivados de F488/08, contra al menos *E. coli*; aquellas aislados o derivados de F510/08 contra al menos *P. aeruginosa* y aquellos aislados o derivados de F44/10 y F125/10 contra al menos *S. aureus*

Se describe en este documento, un polipéptido de la invención comprende o consiste en una lisina aislada, o un fragmento de la misma (por ejemplo, un dominio CHAP) que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias, por ejemplo, bacterias Gram positivas, tal como *S. aureus* y/o bacterias Gram negativas, tales como *K. pneumoniae A. baumannii, E. coli,* y/o *P. aeruginosa*. En ejemplos específicos, el polipéptido de la invención es una proteína de lisina aislada, por ejemplo, una endolisina o lisina de la cola, que comprende o consiste de la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, o SEQ ID NO: 1261. Las funciones pronosticadas de dichas proteínas de lisina incluyen, por ejemplo, una proteína viriónica similar a Ig (SEQ ID NO: 20), hidrolasa de la pared celular (SEQ ID NO: 80), N-acetilmuramoil-L-alanina amidasa (SEQ ID NO: 192), lisozima soluble (SEQ ID) NO: 282), lisozima similar a T4 (SEQ ID NO: 547), endolisina (SEQ ID NO: 556), proteína similar a Rz1 lambda (SEQ ID NO: 557), endolisina (SEQ ID NO: 598), endolisina (SEQ ID NO: 1216), y lisina de la cola (SEQ ID NO: 1261).

También se describe en este documento, un polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado de la SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, o SEQ ID NO: 1261, en las que dicho fragmento, variante o derivado tiene actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, por ejemplo, actividad de destrucción lítica, contra una o mas cepas de *K. pneumoniae A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/*o S. aureus*. En ejemplos específicos, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 20 y/o la SEQ ID NO: 80 exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra uno o más cepas de *K. pneumoniae*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1. En otros ejemplos, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 192 exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más cepas de *A. baumannii*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2. En otros ejemplos, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 282 exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más cepas de *E. coli*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 3. En otros ejemplos, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de las SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, y/o SEQ ID NO: 557 exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más cepas de *P. aeruginosa*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4. En otros ejemplos, la variante, el fragmento o el derivado de la secuencia de

aminoácidos de la SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, y/o SEQ ID NO: 1261 exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más cepas de *S. aureus*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560 o SEQ ID NO: 1074.

También se describe en este documento, el polipéptido aislado del dominio CHAP de la SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, o SEQ ID NO: 598. En todavía otras realizaciones, un polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado del dominio CHAP de la SEQ ID NO: 20, SEQ. ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, o SEQ ID NO: 598, en las que dicho fragmento, variante o derivado tiene Actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, por ejemplo, actividad de destrucción lítica, contra al menos una o más cepas de *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus*

También se describe en este documento, una proteína aislada de la cola (por ejemplo, componente de la cola, proteína de la fibra de la cola, proteína de medición de la cinta del largo de la cola, proteína de la cola asociada a la adsorción, proteína mayor de la cola, proteína mayor de la funda de la cola, subunidad de la porción de la placa base), o fragmento de las mismas, que tiene una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra al menos una o más especies o cepas de *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus*

También se describe en este documento, una proteína aislada de la cola que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO:235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOS: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266. También se describe en este documento, un fragmento, variante o derivado de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOS: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOS: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOS: 433-437, SEQ ID NOS: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOS: 999-1004, SEQ ID NOS: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, or SEQ ID NO: 1266, en el que dicho fragmento, variante o derivado exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, por ejemplo, la actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, la actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus*.

Las funciones pronosticadas de dichas proteínas de la cola incluyen, por ejemplo, una proteína de la cola de unión al receptor (SEQ ID NO: 15), proteina mayor de la cola (SEQ ID NO: 26 y la SEQ ID NO: 1077), la proteína menor de la cola meor (SEQ ID NO: 27), proteína de la punta de la cola formadora de poros (SEQ ID NO: 30), proteína de la cola (SEQ ID NOs: 32-33), proteina menor de la cola (SEQ ID NO: 34), proteína de la cola del fago (SEQ ID NO: 35), proteína de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 180), proteína de medición de la cinta de la cola (SEQ ID NO: 183), proteína de la cola (SEQ ID NO: 185), proteína de la fibra de la cola (SEQ ID NO: 190), proteína del tubo de la cola (SEQ ID NO: 231), monómero de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 232), estabilizador de la vaina de la cola y proteína de terminación (SEQ ID NO: 235), fibras cortas de la cola (SEQ ID NO: 239), pasador de cola que completa la porción de la placa base (SEQ ID NOS: 240-241), encaje de la fibra de cola que completa la proción de la placa base (SEQ ID NO: 242), subunidad de la porción de la placa base (SEQ ID NO: 243), iniciador de la porción de la placa base (SEQ ID NO: 244), porción de la placa base (SEQ ID NO: 245), subunidad del cubo de la placa base y lisozima de la cola, dispositivo de punción celular (SEQ ID NO: 248), terminación de la porción de la placa base (SEQ ID NO: 249), terminación de la cola y proteína estabilizadora de la vaina (SEQ ID NO: 252), ensamble de fibra de cola larga y corta chaperona (SEQ ID NO: 254), proteína de la fibra de la cola (SEQ ID NO: 433), proteína de la fibra de cola (SEQ ID NO: 434), fibra de cola larga del conector de bisagra (SEQ ID NO: 435), bisagra de fibra de cola (SEQ ID NO: 436), subunidad de fibra de cola proximal (SEQ ID NO: 437), iniciador del tubo de cola de la placa base (SEQ ID NO: 489), placa base (SEQ ID NO: 490), subunidad de cubo de la placa base, determinador de longitud de la cola (SEQ ID NO: 491), subunidad del cubo distal de la placa base (SEQ ID NO: 492), subunidad del cubo de placa base (SEQ ID NO: 493), catalizador de ensamblaje de cubo de placa base (SEQ ID NO: 494), subunidad del cubo de placa base (SEQ ID NO: 495), subunidad de la porción de placa de base (SEQ ID NO: 496), proteína tubular de la cola (SEQ ID NOS: 544-545), proteína de la fibra de la cola (SEQ ID NO: 549 y SEQ ID NO: 551), proteina mayor de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 629 y SEQ ID NO: 1250), proteina mayor de la cola (SEQ ID NO: 686), proteína del tubo de la cola (SEQ ID NO: 789), fibritina (SEQ ID NO: 796), fibras cortas de la cola (SEQ ID NO: 797), pasador de la cola de terminación de la porción de placa base (SEQ ID NO: 798), subunidad de la porción de placa base y pasador de cola (SEQ ID NO: 799), conector de fibra de cola de la porción de placa base (SEQ ID NO: 800), subunidad del cubo de placa base y lisozima (SEQ ID NO: 806), lisozima (SEQ ID NO: 854), holina (SEQ ID NO: 999 y SEQ ID NO: 1217), catalizador de ensamblaje de la fibra de cola larga distal (SEQ ID NO: 1000), proteína de fibra de cola en forma de L (SEQ ID NO: 1001), conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga (SEQ ID NO: 1002), conector de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga (SEQ ID NO: 1003), subunidad proximal de fibra de cola larga (SEQ ID NO:

1004), iniciador del tubo de cola de placa base (SEQ ID NO: 1053), tapa del tubo de cola de la placa base (SEQ ID NO: 1054), subunidad del cubo de placa base, determinador de longitud de cola (SEQ ID NO: 1055), subunidad del cubo distal de placa base (SEQ ID NO: 1056), subunidad del cubo de placa base (SEQ ID NOS: 1057 y 1059), catalizador de ensamblaje del cubo de placa base (SEQ ID NO: 1058), subunidad de la porción de placa de base (SEQ ID NO: 1060), y proteína de placa base (SEQ ID NO: 1266).

También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 26, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30 o la SEQ ID NOS.: 32-35, que muestra una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *K. pneumoniae*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, o SEQ ID NO: 190, que exhibe una función asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *A. baumannii*.

También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, la SEQ ID NO: 235, las SEQ ID NO: 239-245, la SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOS: 433-437, SEQ ID NOS: 489-495, o SEQ ID NO: 496, que exhibe una función biológica asociado con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 3, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *E. coli.* También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 544, la SEQ ID NO: 545, la SEQ ID NO: 549, o la SEQ ID NO: 551, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste de la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *P. aeruginosa*. En otras realizaciones, la invención abarca una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 629 o la SEQ ID NO: 686, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *S. aureus*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 789, las SEQ ID NO: 796-800, la SEQ ID NO: 806, la SEQ ID NO: 854, la SEQ ID NO: 999-1004, o SEQ ID NO: 1053-1060, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste de la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 781, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *K. pneumoniae*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 1077, la SEQ ID NO: 1217, la SEQ ID NO: 1250, o la SEQ ID NO: 1266, que presenta una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste de la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1074, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *S. aureus*

En ciertas realizaciones, la invención proporciona polipéptidos aislados que exhiben actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más cepas de bacterias, por ejemplo, bacterias Gram positivas (por ejemplo, *S. aureus*), bacterias Gram negativas (por ejemplo, *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli* y *P. aeruginosa*) o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas, en las que los polipéptidos aislados tienen una secuencia de aminoácidos con al menos el 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, o mayor identidad de secuencia con una segunda secuencia de aminoácidos de la misma longitud (es decir, que consiste en el mismo número de residuos), cuya segunda secuencia de aminoácidos es de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239 -245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO : 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID nº: 1250, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1266, y/o un fragmento de las mismas.

También se describe en este documento, polipéptidos aislados que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos de cualquiera de las SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507 559, SEQ ID NOS: 561-780, SEQ ID NOS: 782-1073, y SEQ ID NOS: 1075-1300. En otras realizaciones, se proporcionan polipéptidos aislados de la invención fusionados de forma recombinante o conjugados químicamente (por ejemplo, conjugación covalente o no covalente) con agentes terapéuticos (por ejemplo, polipéptidos heterólogos o moléculas pequeñas).

La invención también abarca polinucleótidos que codifican los polipéptidos de la invención. También se describe en este documento, un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de cualquiera de las SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507-559, SEQ ID NOs: 561-780, SEQ ID NOs: 782-1073, y SEQ ID NOs: 1075-1300. También se describe en este documento, un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de cualquiera de las SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, o SEQ ID NO: 1266, o fragmento activo, variante o derivado de las mismas, polipéptido o fragmento activo, variante o derivado exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se aísla y/o se deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica). La invención también se refiere a un vector que comprende uno o más de dichos ácidos nucleicos. En una realización específica, dicho vector es un vector de expresión. La invención proporciona además células huésped que contienen un vector que comprende uno o más polinucleótidos, uno o más que codifican los polipéptidos de la invención.

La presente invención abarca métodos para la producción de polipéptidos de la invención o fragmentos activos de los mismos, en particular para uso en composiciones farmacéuticas, es decir, composiciones antimicrobianas. Por ejemplo, los polipéptidos de la invención se pueden aislar directamente de cultivos celulares (por ejemplo, cultivos de células bacterianas) infectados con el bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 y/o F125/10. Alternativamente, los polipéptidos de la presente invención pueden derivarse por medios recombinantes usando vectores de expresión que comprenden la secuencia de ácido nucleico que codifica los polipéptidos de la invención, por ejemplo, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO : 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO : 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO : 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ. ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, o SEQ ID NO: 1266, o fragmentos activos, derivados o variantes de los mismos. Los polipéptidos de la invención o fragmentos de los mismos pueden producirse mediante cualquier método conocido en la técnica para la producción de un polipéptido, en particular, mediante síntesis química o mediante técnicas de expresión recombinante.

También se describe en este documento, un método para producir de forma recombinante una proteína de fago, por ejemplo, una proteína de lisina, una proteína de la cola o un fragmento activo, variante o derivado de la misma, comprendiendo dicho método: (i) cultivar bajo condiciones adecuadas para la expresión de dicha proteína en un medio, una célula huésped que contiene un vector que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEC. ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, o SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, o SEQ ID NO: 1266, o fragmento de las mismas; y (ii) recuperación de dicha proteína de dicho medio. En ciertas realizaciones, la secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de la invención está unida operativamente a un promotor heterólogo.

La invención también abarca métodos para el diagnóstico del agente causante en una presentación clínica de infección bacteriana. El bacteriófago aislado o polipéptidos de la invención se pueden usar para ayudar en la determinación de especies de bacterias en una muestra de paciente estableciendo la susceptibilidad de las bacterias en la muestra al bacteriófago y/o polipéptidos de la invención. Dichos métodos incluyen además métodos de evaluación de la actividad antibacteriana del bacteriófago aislado y/o polipéptidos de la invención. La actividad antibacteriana del bacteriófago o los polipéptidos de la invención, o la susceptibilidad de una muestra desconocida a dicha actividad, puede evaluarse mediante cualquier método conocido en la técnica y/o descrito en este documento. En ciertas realizaciones, la actividad antibacteriana y/o la susceptibilidad se evalúan cultivando bacterias conocidas y/o muestras de tejido, sangre, líquido o hisopo del paciente de acuerdo con técnicas estándar (por ejemplo, en cultivo líquido o en placas de agar), poniendo en contacto el cultivo con bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención y controlando el crecimiento celular después de dicho contacto. Por ejemplo, en un cultivo líquido, las bacterias (por ejemplo, *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus*) pueden crecer hasta una densidad óptica ("OD") representativa de un punto medio en el crecimiento exponencial del cultivo; el cultivo se expone a una o más concentraciones de uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención y la OD se controla en relación con un cultivo de control. La OD

disminuida con respecto a un cultivo de control es representativa de un bacteriófago y/o polipéptido que exhibe actividad antibacteriana (por ejemplo, que exhibe actividad de destrucción lítica) contra la muestra o especie bacteriana analizada y/o la cepa en el cultivo. De manera similar, se puede permitir que se formen colonias bacterianas en una placa de agar, se expone la placa a un bacteriófago o polipéptido de la invención, y el crecimiento subsiguiente de las colonias se evalúa con respecto a las placas de control. La disminución del tamaño de las colonias, o la disminución del número total de colonias, indica un bacteriófago y/o polipéptido con actividad antibacteriana contra la muestra analizada y/o la especie o cepa cultivada.

La presente invención también se refiere a composiciones farmacéuticas que comprenden o consisten en un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560. En ciertas realizaciones, la composición farmacéutica de la invención comprende un bacteriófago que tiene el genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560, además de uno o más bacteriófagos. El uno o más bacteriófagos pueden ser uno o más bacteriófagos de la invención (por ejemplo, tienen un genoma que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074), una o más cepas de la misma, o puede ser uno o más bacteriófagos conocidos en la técnica distintos de un bacteriófago que tiene un genoma de acuerdo con la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074. Además, el uno o más bacteriófagos en la composición farmacéutica de la invención pueden dirigirse a la misma o diferente especie o cepas de bacterias. En ciertas realizaciones, las composiciones farmacéuticas que comprenden uno o más bacteriófagos de la invención comprenden además uno o más polipéptidos de la invención y/u otros productos de fagos como se describe en el presente documento o se conocen en la técnica.

También se describe en este documento, composiciones farmacéuticas que comprenden polipéptidos, o fragmentos activos de los mismos, en particular aquellos que tienen actividad antimicrobiana y/o antibacteriana, aislados de bacteriófagos que tienen un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO : 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, y/o SEQ ID NO: 1074. También se describe en este documento, las composiciones farmacéuticas que comprenden uno o más polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35., SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEC. ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 54 9, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796- 800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, o SEQ ID NO: 1266. También se describe en este documento, unas composiciones farmacéuticas que comprenden un polipéptido que es una variante, derivado o fragmento de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO : 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEC. ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO : 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, o SEQ ID NO: 1266, en el que la variante, derivado o fragmento retiene una función biológica del polipéptido del cual se deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), preferiblemente contra una o más cepas de *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus*

Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden comprender adicionalmente un vehículo, excipiente o estabilizador farmacéuticamente aceptable. En ciertas realizaciones, las composiciones farmacéuticas de la invención son composiciones antibióticas (ya que exhiben actividad antibacteriana) o composiciones terapéuticas para el tratamiento, prevención y/o mejora de los síntomas de una enfermedad o trastorno asociado con la infección por bacterias en un sujeto que lo requiera. En realizaciones específicas, las composiciones farmacéuticas de la invención son composiciones antibacterianas o composiciones terapéuticas para el tratamiento, prevención y/o mejora de los síntomas de una enfermedad o trastorno asociado con la infección por *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus.* En ciertas realizaciones, el sujeto que recibe una composición farmacéutica de la invención es un mamífero (por ejemplo, bovino, ovino, caprino, equino, primate (por ejemplo, humano), roedor, lagomorfo o aviar (por ejemplo, pollo, pato, ganso)).

La presente invención proporciona métodos para el tratamiento o prevención de la infección bacteriana que comprenden administrar a un sujeto que lo necesite una composición farmacéutica que comprende uno o más productos de bacteriófagos o fagos (por ejemplo, un polipéptido de bacteriófago aislado o un fragmento activo, variante o derivado del mismo), opcionalmente además de uno o más de otros bacteriófagos u otros productos de fagos, como se describe en el presente documento. En el contexto de la presente invención, "tratamiento" se refiere tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas o preventivas, en las que el objetivo es eliminar, disminuir, reducir la gravedad, retardar la progresión o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (por ejemplo, infección bacteriana) asociada con la afección o trastorno patológico. Las composiciones farmacéuticas descritas en este documento se pueden usar en el tratamiento o manejo de infecciones asociadas con cualquier infección

bacteriana, incluyendo, pero sin limitarse a, *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, así como, en ciertas realizaciones, *S. epidermidis, S. auricularis, S. capitis, S. haemolyticus, S. hominis, S. saprophyticus, S. simulans, S. xylosis, M. luteus, B. subtilis, B. pumilus, E. faecalis, E. hirae, E. faecium, E. avium,* y combinaciones de los mismos. En ciertas realizaciones, las composiciones farmacéuticas se pueden usar para tratar afecciones o trastornos asociados con infecciones bacterianas que incluyen, pero no se limitan a, endoftalmitis postoperatoria, endocarditis, infecciones del sistema nervioso central, neumonía, osteomielitis, infecciones por heridas (por ejemplo, úlceras en pies diabetes), mastitis, septicemia, intoxicación alimentaria, meningitis, infecciones de la piel, abscesos, síndrome de choque tóxico, bacteriemia y/u otras afecciones asociadas con infecciones bacterianas nosocomiales.

En ciertas realizaciones, la invención proporciona el uso de un bacteriófago o un producto de fago aislado (por ejemplo, un polipéptido de fago aislado o un fragmento activo, variante o derivado del mismo) como una terapia de agente único. En otras realizaciones, la invención proporciona el uso de un bacteriófago o producto de fago (por ejemplo, un polipéptido de fago aislado o fragmento activo, variante o derivado del mismo), en combinación con un tratamiento estándar o experimental para la infección bacteriana. Dicha terapia de combinación puede mejorar la eficacia del tratamiento estándar o experimental. Ejemplos de agentes terapéuticos que son particularmente útiles en combinación con un bacteriófago y/o polipéptido de la invención son agentes antiinflamatorios, agentes antibióticos quimioterapéuticos estándar (por ejemplo, penicilina, penicilinas sintéticas, bacitracina, meticilina, nafcilina, oxacilina, cloxacilina, vancomicina, teicoplanina, clindamicina, co-trimoxazol, cefalosporina, polimixina, cefaclor, cefadroxil, nafato de cefamandol, cefazolina, cefixima, cefmetazol, cefonioide, cefoperazona, ceforanida, cefotanme, cefotaxima, cefotetano, cefoxitina, cefpodoxima proxetil, ceftazidima, ceftizoxima, ceftriaxona, moxalactama de cefriaxona, cefuroxima, cefalexina, cefalosporina C, sal sódica de cefalosporina C, cefalotina, sal sódica de cefalotina, cefapirina, cefradina, cefuroximeaxetil, dihidrato de cefalotina, moxalactam, mafato de loracarbef, y agentes quelantes), agentes anestésicos locales y/o corticosteroides. En otra realización más, las composiciones de la presente invención se pueden combinar con uno o más productos de bacteriófagos o fagos conocidos en la técnica. Las terapias de combinación abarcadas por la invención pueden formularse en una única composición farmacéutica o pueden administrarse en composiciones separadas, pero como parte de un régimen de tratamiento global.

Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden administrarse mediante cualquier método conocido en la técnica adecuado para la administración de un compuesto antibacteriano, por ejemplo, mediante administración oral o parenteral (por ejemplo, inhalación, intramuscular, intravenosa o epidérmica). En realizaciones preferidas, las composiciones farmacéuticas de la invención se administran tópicamente, por ejemplo, en una formulación tópica. Las composiciones de la invención pueden usarse tópicamente para tratar y/o prevenir infecciones nosocomiales comunes, tales como infecciones en sitios de incisión quirúrgica o asociadas con catéteres o drenajes. En otras realizaciones, las composiciones de la invención se usan para tratar infecciones bacterianas de la piel o capas dérmicas superiores (por ejemplo, infecciones de úlceras diabéticas del pie o carbúnculos).

Las composiciones farmacéuticas de la presente invención también pueden usarse para usos tradicionalmente no terapéuticos tales como agentes antibacterianos en cosméticos, o en aerosoles o soluciones para uso en superficies sólidas para prevenir la colonización de bacterias (es decir, como desinfectantes).

También se describen en este documento métodos para seleccionar péptidos para determinar su actividad antibacteriana. El método comprende seleccionar secuencias de aminoácidos contiguas de al menos 6, 10, 15, 20 o 25 residuos de longitud que están codificados por los marcos de lectura abiertos de la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074, para actividad antibacteriana, dicha actividad antibacteriana medida por la capacidad de los péptidos para inhibir el crecimiento bacteriano, por ejemplo, en agar o en cultivo líquido.

5.1 Definiciones

Como se usa en el presente documento, el término "fragmento" se refiere a un péptido o polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos de al menos 5 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 10 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 15 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 20 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 25 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 40 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 50 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 60 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 70 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 80 ácidos amínicos contiguos residuos, al menos 90 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 100 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 125 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 150 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 175 residuos de aminoácidos contiguos, al menos 200 residuos de aminoácidos contiguos, o al menos 250 residuos de aminoácidos contiguos de la secuencia de aminoácidos de una proteína. En una realización específica, el fragmento es un fragmento funcional porque retiene al menos una función de la proteína a partir de la cual se aísla (por ejemplo, la actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, la destrucción de las células líticas)).

Como se usa en el presente documento, los términos "productos bacteriófagos activos" y "productos bacteriófagos" se refieren a polipéptidos, o fragmentos, variantes o derivados de los mismos, aislados de un bacteriófago de la invención, cuyo polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo, exhibe una función o actividad biológica asociada con el bacteriófago a partir del cual se aisló o derivó (por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, destrucción de células líticas)).

Como se usa en el presente documento, el término "aislado" en el contexto de un péptido, polipéptido o proteína de fusión se refiere a un péptido, polipéptido o proteína de fusión que está sustancialmente libre de material celular o proteínas contaminantes de la fuente celular o tisular de la que se deriva, o sustancialmente libre de precursores químicos u otros químicos cuando se sintetiza químicamente. La expresión "sustancialmente libre de material celular" incluye preparaciones de un péptido, polipéptido o proteína de fusión en la que el péptido, polipéptido o proteína de fusión se separa de los componentes celulares de las células a partir de las cuales se aísla o produce de forma recombinante. Por lo tanto, un péptido, polipéptido o proteína de fusión que está sustancialmente libre de material celular incluye preparaciones de un péptido, polipéptido o proteína de fusión que tienen menos de aproximadamente 30%, 20%, 10% o 5% (en peso seco) de proteína heteróloga (también denominada en este documento como una "proteína contaminante"). Cuando el péptido, polipéptido o proteína de fusión se produce de forma recombinante, también está preferiblemente sustancialmente libre de medio de cultivo, es decir, el medio de cultivo representa menos de aproximadamente 20%, 10% o 5% del volumen de la preparación de proteína. Cuando el péptido, polipéptido o proteína de fusión se produce por síntesis química, preferiblemente está sustancialmente libre de precursores químicos u otros productos químicos, es decir, está separado de los precursores químicos u otros productos químicos que participan en la síntesis del péptido, polipéptido o proteína de fusión. Por consiguiente, tales preparaciones de un péptido, polipéptido, proteína de fusión o anticuerpo tienen menos de aproximadamente 30%, 20%, 10%, 5% (en peso seco) de precursores químicos o compuestos distintos del péptido, polipéptido o proteína de fusión de interes.

Como se usa en el presente documento, el término "aislado" en el contexto de las moléculas de ácido nucleico se refiere a una primera molécula de ácido nucleico que se separa de otras moléculas de ácido nucleico que están presentes en la fuente natural de la primera molécula de ácido nucleico. Además, una molécula de ácido nucleico "aislada", tal como una molécula de ADNc, está sustancialmente libre de otro material celular o medio de cultivo cuando se produce mediante técnicas recombinantes, o sustancialmente libre de precursores químicos u otros productos químicos cuando se sintetiza químicamente y puede estar libre de otros ADNc u otras moléculas de ADN genómico, por ejemplo, cuando se ha aislado de otros clones en una biblioteca de ácidos nucleicos.

El término "purificado" significa que el péptido, el polipéptido, la proteína de fusión o la molécula de ácido nucleico ha aumentado considerablemente en concentración por cualquier proceso de purificación, incluidos, pero no se limita a cromatografía en columna, HPLC, precipitación, electroforesis, etc., eliminando así de manera parcial, sustancial, casi completa o completamente las impurezas, como los precursores u otras sustancias químicas involucradas en la preparación del péptido, polipéptido, proteína de fusión o molécula de ácido nucleico. Un experto en la técnica apreciará la cantidad de purificación necesaria para un uso dado. Por ejemplo, la proteína aislada destinada a uso en composiciones terapéuticas destinadas a la administración a seres humanos generalmente debe ser de alta pureza de acuerdo con los estándares regulatorios y los buenos procesos de fabricación.

Como se usa en el presente documento, el término "derivado" en el contexto de polipéptidos se refiere a un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que se ha alterado por la introducción de sustituciones, eliminaciones o adiciones de residuos de aminoácidos. El término "derivado" como se usa en el presente documento también se refiere a un polipéptido que se ha modificado, es decir, por la unión covalente de cualquier tipo de molécula al polipéptido. Por ejemplo, pero no a modo de limitación, un polipéptido puede modificarse, por ejemplo, por glicosilación, acetilación, pegilación, fosforilación, amidación, derivación por grupos protectores/bloqueadores conocidos, escisión proteolítica, enlace a un ligando celular u otra proteína, etc. Un polipéptido derivado puede producirse mediante modificaciones químicas utilizando técnicas conocidas por los expertos en la técnica, que incluyen, pero no se limita a escisión química específica, acetilación, formilación, síntesis metabólica de tunicamicina, etc. Además, un polipéptido derivado puede contener uno o más aminoácidos no clásicos. Un derivado polipeptídico posee una función similar o idéntica al polipéptido del que se derivó. El término "derivado" como se usa en referencia a un polipéptido "derivado" de un organismo también puede referirse al aislamiento de un polipéptido directamente de dicho organismo (por ejemplo, células bacterianas o fagos).

Como se usa en el presente documento, el término "célula huésped" se refiere a la célula sujeto particular transfectada con una molécula de ácido nucleico y la progenie o progenie potencial de una célula de este tipo que contiene la molécula de ácido nucleico o una versión cromosómicamente integrada de la misma. La progenie de una célula de este tipo puede no ser idéntica a la célula progenitora transfectada con la molécula de ácido nucleico debido a mutaciones o influencias ambientales que pueden ocurrir en generaciones sucesivas o la integración de la molécula de ácido nucleico en el genoma de la célula huésped. Para la expresión de proteínas y polipéptidos bacteriófagos, la célula huésped preferiblemente no es de la misma especie o cepa a partir de la cual se aisló o cultivó el bacteriófago.

Como se usa en el presente documento, el término "en combinación" se refiere al uso de más de un agente profiláctico y/o terapéutico. El uso del término "en combinación" no restringe el orden en el que se administran agentes profilácticos y/o terapéuticos a un sujeto con una enfermedad o trastorno. Se puede administrar un primer agente profiláctico o terapéutico antes (por ejemplo, 5 minutos, 15 minutos, 30 minutos, 45 minutos, 1 hora, 2 horas, 4 horas, 6 horas, 12 horas, 24 horas, 48 horas, 72 horas, 96 horas, 1 semana, 3 semanas, 3 semanas, 4 semanas, 5 semanas, 6 semanas, 8 semanas, o 12 semanas antes), concomitantemente con o posteriormente a (por ejemplo, 5 minutos, 15 minutos, 30 minutos, 45 minutos). 1 hora, 2 horas, 4 horas, 6 horas, 12 horas, 24 horas, 48 horas, 72 horas, 96 horas, 1 semana, 2 semanas, 3 semanas, 4 semanas, 5 semanas, 6 semanas, 8 semanas, o 12 semanas después) de la administración de un segundo agente profiláctico o terapéutico (diferente del primer agente profiláctico o terapéutico) a un sujeto que lo necesite, por ejemplo, un sujeto con una enfermedad o trastorno.

Como se usa en el presente documento, los términos "ácidos nucleicos" y "secuencias de nucleótidos" incluyen moléculas de ADN y/o ARN monocatenarias y bicatenarias, o combinaciones de las mismas. Como se usa en este documento, el término "codificado por el ácido nucleico" se refiere a una secuencia de aminoácidos que resulta de la traducción de la secuencia directa, inversa, complementaria o complementaria inversa de la secuencia de ácido nucleico referenciada utilizando el código genético estándar (es decir, tripletes de codón estándar) como es bien conocido en la técnica.

Como se usa en el presente documento, los términos "agente profiláctico" y "agentes profilácticos" se refieren a bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención, que pueden usarse en la prevención, tratamiento, manejo o mejora de uno o más síntomas de una enfermedad o trastorno, en particular, una enfermedad o trastorno asociado con una infección bacteriana.

Como se usa en este documento, los términos "agente terapéutico" y "agentes terapéuticos" se refieren a bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención que pueden usarse en la prevención, tratamiento, manejo o mejora de uno o más síntomas de una enfermedad o trastorno, en particular, una enfermedad o trastorno asociado con una infección bacteriana.

Como se usa en el presente documento, el término "cantidad terapéuticamente eficaz" se refiere a esa cantidad de un agente terapéutico suficiente para dar como resultado una mejora de uno o más síntomas de una enfermedad o trastorno, en particular, una enfermedad o trastorno asociado con una infección bacteriana.

Como se usa en el presente documento, los términos "tratar", "tratamiento" y "que trata" se refieren a la mejora de uno o más síntomas de una enfermedad o trastorno, en particular, una enfermedad o trastorno asociado con una infección bacteriana, que resulta de la administración de uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención. Como se señaló anteriormente, "tratamiento" y los términos relacionados se refieren tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas o preventivas, en las que el objetivo es eliminar, disminuir, reducir la gravedad, retardar la progresión o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (por ejemplo, infección bacteriana) asociada con la afección o trastorno patológico.

Como se usa en este documento, los términos "actividad antibacteriana" y "actividad antimicrobiana" con referencia a un bacteriófago, proteína aislada de bacteriófago (o variante, derivado o fragmento de la misma), o producto de bacteriófago, se usan de manera intercambiable para referirse a la capacidad de matar y/o inhibir el crecimiento o la reproducción de un microorganismo, en particular, las bacterias de la especie o cepa que infecta al bacteriófago. En ciertas realizaciones, la actividad antibacteriana o antimicrobiana se evalúa cultivando bacterias, por ejemplo, bacterias Gram positivas (por ejemplo*, S. aureus*), bacterias Gram negativas (por ejemplo, *K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli y/o P. aeruginosa*) o bacterias no clasificadas como Gram positivas o Gram negativas, de acuerdo con técnicas estándar (por ejemplo, en cultivo líquido o en placas de agar), poniendo en contacto el cultivo con un bacteriófago o polipéptido de la invención y controlando el crecimiento celular después de dicho contactando. Por ejemplo, en un cultivo líquido, las bacterias pueden crecer hasta una densidad óptica ("OD") representativa de un punto medio en el crecimiento exponencial del cultivo; el cultivo se expone a una o más concentraciones de uno o más bacteriófagos o polipéptidos de la invención, y la OD se controla con respecto a un cultivo de control. La OD disminuida con respecto a un cultivo de control es representativa de un bacteriófago o polipéptido que exhibe actividad antibacteriana (por ejemplo, exhibe actividad de destrucción lítica). De manera similar, se puede permitir que se formen colonias bacterianas en una placa de agar, la placa expuesta a un bacteriófago o polipéptido de la invención, y el crecimiento subsiguiente de las colonias evaluadas en relación con las placas de control. La disminución del tamaño de las colonias, o la disminución del número total de colonias, indica un bacteriófago o polipéptido con actividad antibacteriana.

Como se usa en el presente documento, un "dominio CHAP" se refiere a un dominio amidasa conservado que se encuentra en varias hidrolasas de peptidoglicano codificadas por fagos y significa "amidohidrolasas/peptidasas dependientes de cisteína, histidina". Véase, por ejemplo, Rigden D, et. al., Trends Biochem Sci. 28 de mayo de 2003 (5): 230-4. Se encuentra en una superfamilia de amidasas, incluyendo GSP amidasa y hidrolasas de peptidoglicano. La familia incluye al menos dos tipos diferentes de actividades de escisión de peptidoglicanos: actividad de L-muramoil-L-alanina amidasa y D-alanil-glicil endopeptidasa. Los dominios CHAP generalmente contienen residuos conservados de cisteína e histidina e hidrolizan sustratos que contienen γ-glutamilo. Se cree que estos residuos de cisteína son esenciales para la actividad de varias de estas amidasas, y sus grupos tiol parecen funcionar como los nucleófilos en los mecanismos catalíticos de todas las enzimas que contienen este dominio. Los dominios CHAP se encuentran a menudo en asociación con otros dominios que escinden el peptidoglicano, por ejemplo, actuando de manera cooperativa para escindir sustratos especializados. Véase también, Bateman A, et al., Trends Biochem Sci. Mayo 28 de 2003 (5): 234-7.

6. Breve descripción de las Figuras.

Figuras 1A-1B: Esquema de la organización del genoma de F391/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 113 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional con base

en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORF que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío, ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en la Figura 2.

Figuras 2A-2II: Características del genoma del bacteriófago F391/08, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1-172 enumerados en la Figura 2 codifican las secuencias de aminoácidos de la SEQ ID NO: 5-176, respectivamente.

Figura 3: Esquema de la organización del genoma de F394/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 31 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional con base en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORF que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío, ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en la Figura 4.

Figuras 4A-4K: características del genoma del bacteriófago F394/08, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1-47 enumerados en la Figura 4 codifican las secuencias de aminoácidos de la SEQ ID NO: 177-223, respectivamente.

Figuras 5A-5B: Esquema de la organización del genoma de F488/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 167 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional con base en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORF que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío, ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en la Figura 6.

Figuras 6A-6DDD: características del genoma del bacteriófago F488/08, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado, y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1-283 enumerados en la Figura 6 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 224-506, respectivamente.

Figura 7: Esquema de la organización del genoma de F510/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 43 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional con base en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORF que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío, ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en la Figura 8.

Figuras 8A-8S: Características del genoma del bacteriófago F510/08, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado, y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1-53 enumerados en la Figura 8 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 507-559, respectivamente.

Figura 9: Esquema de la organización del genoma de F44/10, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 137 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional con base en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORF que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío: ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en la Figura 10.

Figuras 10A-10QQ: características del genoma del bacteriófago F44/10, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i)

su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1-216, incluyendo los ORF 1a, 1b, 82a, 82b, 82c, 114a y 114b, enumerados en la Figura 10 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO: 561-780, respectivamente.

Figura 11: Esquema de la organización del genoma de F387/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 781. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 167 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional con base en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío, ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en la Figura 12.

Figuras 12A-12AZ: Características del genoma del bacteriófago F387/08, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1-292 enumerados en la Figura 12 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 782-1073, respectivamente.

Figuras 13A-13B: Esquema de la organización del genoma de F125/10, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1074. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 145 kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: negro, ORF para cuyos productos se podría realizar una asignación funcional en función de las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris, ORF que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío, ORF que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORF asignados funcionalmente también se enumeran en la Figura. La información en la Figura también se incluye en forma tabular en las Figuras 14A-14ZZZ

Figuras 14A-14ZZZ: características del genoma del bacteriófago F125/10, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La Figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona a cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) una lista de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORF 1b-221, 1a enumerados en esta Figura codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 1075-1300, respectivamente, que incluyen 36a y 36b, 68a y 68b, y 153a y 153b.

6.1 Descripción detallada

La presente invención está dirigida a bacteriófagos aislados, y sus productos polipeptídicos aislados, que tienen actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de los patógenos nosocomiales *Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli, Pseudomonas aeruginosa* y *S. aureus*. En una realización, se proporcionan bacteriófagos o polipéptidos aislados que exhiben actividad antimicrobiana y/o antibacteriana contra cepas de *S. aureus* resistentes a meticilina (MRSA). Además, el bacteriófago y los polipéptidos descritos aquí pueden exhibir actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más especies o cepas de bacterias patógenas que incluyen, pero no se limitan a, *S. epidermidis, S. auricularis, S. capitis, S. haemolyticus, S hominis, S. saprophyticus, S. simulans, S. xylosis, Micrococcus luteus, Bacilus subtilis, B. pumilus, E. hirae* y *E. avium*.

También se describe en este documento, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1. Un ejemplo específico es el bacteriófago aislado F391/08, que se dirige a un número de cepas de la especie Klebsiella, incluyendo *K. neumonía* y *K. oxytoca*. En la Figura 1 se proporciona una organización esquemática del genoma de F391/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F391/08 se proporcionan en la Figura 2. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-172 enumerados en la Figura 2 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 5-176, respectivamente.

También se describe en este documento, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 781. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F387/08, que se dirige a un número de cepas de especies Klebsiella, incluyendo *K. neumonía* y *K. oxytoca*. En la Figura 11 se proporciona una organización esquemática del genoma de F387/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 781. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F387/08 se proporcionan en la Figura 12. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-292 enumerados en la Figura 12 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 782-1073, respectivamente.

Klebsiella pneumoniae es una bacteria Gram negativa, no móvil, con forma de bastón, que se encuentra en la flora normal de la boca, la piel y los intestinos. Como un anaerobio facultativo encapsulado, la bacteria también se encuentra naturalmente en el suelo y alrededor del 30% de las cepas pueden fijar nitrógeno en condiciones anaeróbicas. Clínicamente, es el miembro más importante del género Klebsiella de *Enterobacteriaceae*, y también está estrechamente relacionado con el *K. oxitoca*. Las infecciones por *Klebsiella* tienden a ocurrir en personas con un sistema inmunitario debilitado debido a una dieta inadecuada, por ejemplo, en alcohólicos y diabéticos. *Klebsiella* también es un patógeno oportunista para pacientes con enfermedad pulmonar crónica, patogenicidad entérica, atrofia de la mucosa nasal y rinoescleroma. Aparecen nuevas cepas resistentes a los antibióticos de *K. pneumoniae*, y se encuentra cada vez más como una infección nosocomial, por ejemplo, debido al contacto con instrumentos contaminados.

También se describe en este documento, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F394/08, que se dirige a un número de cepas de la especie *Accinetobacter*, incluyendo *A. baumanni, A. calcoaceticus, y A. lwoffi.* En la Figura 3 se proporciona una organización esquemática del genoma de F394/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F394/08 se proporcionan en la Figura 4. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-47 enumerados en la Figura 4 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NOs: 177-223, respectivamente.

Acinetobacter baumannii es una especie de bacteria que causa una serie de infecciones clínicas graves, particularmente en individuos con sistemas inmunológicos comprometidos. *A. baumannii* es un bacilo Gram negativo aerobio pleomórfico que se aísla comúnmente del entorno hospitalario y de los pacientes hospitalizados. La bacteria a menudo entra en el cuerpo a través de heridas abiertas, catéteres o tubos respiratorios. *A. baumannii* usualmente coloniza ambientes acuáticos y a menudo se cultiva a partir de esputo o secreciones respiratorias, heridas y orina de pacientes hospitalizados. En un entorno hospitalario, *A. baumannii* comunmente coloniza soluciones de irrigación y soluciones intravenosas. También se sabe que es resistente a los múltiples antibióticos y el número de infecciones nosocomiales causadas por *A. baumannii* ha aumentado en los últimos años.

También se describe en este documento, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F488/08, que se dirige a un número de cepas de la especie *Escherichia*, incluyendo *E. coli*. En la Figura 5 se proporciona una organización esquemática del genoma de F488/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F488/08 se proporcionan en la Figura 6. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-283 enumerados en la Figura 6 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NOs: 224-506, respectivamente.

Escherichia coli es una bacteria Gram negativa en forma de bastón que se encuentra comúnmente en el intestino delgado de los mamíferos, y que comprende el anaeróbico facultativo primario del tracto gastrointestinal humano. La mayoría de las cepas de *E. coli* son inofensivas y pueden formar parte de la flora normal del intestino, donde pueden beneficiar a sus huéspedes, por ejemplo, al producir vitamina K2 y/o al impedir el establecimiento de bacterias patógenas en los intestinos. Ciertas cepas virulentas de *E. coli* sin embargo, puede causar intoxicación alimentaria, que se manifiesta típicamente como un ataque de diarrea. Las cepas más virulentas, como O157:H7, pueden causar enfermedades graves e incluso la muerte en los ancianos, los muy jóvenes o los inmunocomprometidos. Las cepas como O157:H7, así como O121 y O104:H21, producen toxinas potencialmente letales. Cepas virulentas de *E. coli* también puede causar gastroenteritis, infecciones del tracto urinario y meningitis neonatal, así como, en casos más raros, síndrome hemolítico-urémico (SHU), peritonitis, mastitis, septicemia y neumonía Gram negativa. Además, si las bacterias *E. coli* escapan del tracto intestinal a través de una perforación (por ejemplo, de un apéndice roto y una úlcera o un error quirúrgico) y entran en el abdomen, generalmente causan peritonitis que puede ser mortal sin tratamiento oportuno. La *E. coli* asociada a la mucosa intestinal también se observan en mayor número en las enfermedades inflamatorias del intestino, la enfermedad de Crohn y la colitis ulcerosa.

Antibióticos que pueden usarse para tratar infección por *E. coli* incluye amoxicilina y otras penicilinas semisintéticas, muchas cefalosporinas, carbapenemas, aztreonam, trimetoprim-sulfametoxazol, ciprofloxacina, nitrofurantoína y los aminoglucósidos. No obstante, como organismos Gram negativos, *E. coli* es resistente a muchos antibióticos que son efectivos contra los organismos Gram positivos y la resistencia a los antibióticos es un problema creciente. La resistencia a los antibióticos betalactámicos, por ejemplo, se ha convertido en un problema particular en las últimas décadas, ya que las cepas de bacterias que producen betalactamasas de espectro extendido se vuelven más comunes. Estas enzimas beta-lactamasas pueden hacer que muchas, si no todas, las penicilinas y/o cefalosporinas sean terapéuticamente ineficaces. Las cepas de *E. coli* productoras de beta-lactamasas de espectro extendido que son resistentes a una variedad de antibióticos dan como resultado infecciones que son particularmente difíciles de tratar.

También se describe en este documento, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F510/08, que se dirige a un número de cepas de la especie *Pseudomonomas*, incluyendo *P. aeruginosa*. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F510/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4, en la Figura 7. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F510/08 se proporcionan en la Figura 8. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-53 enumerados en la Figura 8 codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 507-559, respectivamente.

Pseudomonas aeruginosa es una bacteria común Gram negativa en forma de bastón que se encuentra en el suelo, el agua, la flora de la piel y la mayoría de los entornos artificiales. Prospera no solo en atmósferas normales, sino también con poco oxígeno como un anaerobio facultativo, y puede infectar tejidos dañados o individuos infectados inmunocomprometidos. Cuando tales colonizaciones ocurren en órganos corporales críticos como los pulmones, el tracto urinario y los riñones, los resultados pueden ser fatales. Debido a que prospera en las superficies, esta bacteria también se encuentra sobre y en los equipos médicos, incluidos los catéteres, lo que causa infecciones cruzadas en hospitales y clínicas. *P. aeruginosa* es uno de los patógenos nosocomiales oportunistas más relevantes, y se ha estimado que una de cada diez infecciones hospitalarias adquiridas proviene de *Pseudomonas. P. aeruginosa* es también la causa más común de infecciones por quemaduras y el colonizador más frecuente de dispositivos médicos, como los catéteres.

En algunas realizaciones, la invención proporciona un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F44/10, que se dirige a un número de cepas de la especie *Staphylococcus*, incluyendo *S. aureus*. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F44/10, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560, en la Figura 9. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F44/10 se proporcionan en la Figura 10. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-216, que incluyen 1a, 1b, 82a, 82b, 82c, 114a y 114b, enumerados en la Figura 10, codifica las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 561-780, como se indica en la Figura.

También se describe en este documento, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1074. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F125/10, que se dirige a un número de cepas de la especie *Staphylococcus*, incluyendo *S. aureus*. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F125/10, que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1074, en la Figura 13. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma de F125/10 se proporcionan en la Figura 14. También se proporcionan las posiciones de los ORF dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF, proteínas homólogas o similares y los dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORF 1-221, que incluyen 1a, 1b, 36a, 36b, 68a, 68b, 153a y 153b, enumerados en la Figura 14, codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NO: 1075-1300, como se indica en la Figura.

Staphylococcus aureus es un anaerobio facultativo esférico Gram positivo, que crece como racimos similares a uvas con un color dorado característico, y la causa más común de infecciones por estafilococos. Con frecuencia es parte de la flora de la piel humana y es responsable de una variedad de infecciones, que incluyen espinillas, carbuncos, síndrome de piel escaldada, neumonía, gastroenteritis, meningitis, osteomielitis, endocarditis, síndrome de choque tóxico, bacteriemia y sepsis. Sigue siendo una de las cinco causas más comunes de infecciones nosocomiales, a menudo causando infecciones postoperatorias en la herida. Se ha estimado que alrededor de 50.000 pacientes en hospitales estadounidenses contraen una infección por estafilococos. De particular preocupación son las cepas de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina (MRSA). El MRSA siguió siendo poco frecuente en el ámbito hospitalario hasta la década de 1990, cuando se produjo una explosión en la prevalencia del MRSA en los hospitales, donde ahora se considera endémico, especialmente en el Reino Unido. Johnson A. P., et al., J. Antimicrobial Chemotherapy, 48 (1): 143-144 (2001). *S. aureus* ha probado ser una bacteria muy resistente, y se demostró en un estudio que podría sobrevivir con el poliéster durante casi tres meses, siendo el poliéster el material principal utilizado en las cortinas de privacidad del hospital. Neely, A.N., et al., J. Clin. Microbiol., 38 (2): 724-726 (2000).

Los siguientes organismos se depositaron el 16 de septiembre de 20011, con NCIMB Limited, ubicado en el Edificio Ferguson, Craibstone Estate, Bucksburn, Aberdeen, AB21 9YA, Escocia Reino Unido, bajo las disposiciones del Tratado de Budapest para el Reconocimiento Internacional del Depósito de Microorganismos para el Propósito del Procedimiento de Patente ("Tratado de Budapest") y el NCIMB ha asignado los números de acceso NCIMB correspondientes de la siguiente manera: cepa huésped *Pseudomonas aeruginosa* 433/07 B2, NCIMB 41861; cepa huésped *Staphylococcus aureus* 743/06 B1, NCIMB 41862; cepa huésped *Acinetobacter baumannii* 1305/05 B3, NCIMB 41863; Pseudomonas aeruginosa fago F770/05, NCIMB 41864; *Acinetobacter baumannii* fago F1245/05, NCIMB 41865; *Staphylococcus aureus* fago F125/10, NCIMB 41866; *Staphylococcus aureus* fago F44/10, NCIMB 41866; y *Pseudomonas aeruginosa* fago F510/08, NCIMB 41868.

En ciertas realizaciones, el bacteriófago de la invención comprende o consiste en un genoma que tiene una identidad de secuencia de al menos 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% o al menos 99% con la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074, cuyo bacteriófago exhibe al menos una actividad biológica, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), de uno o más de los bacteriófagos F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, FF44/10, y F125/10. Alternativamente o además, el bacteriófago de la invención puede tener un genoma que comprende un fragmento funcional de la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074, incluyendo las secuencias de cualquiera de los marcos de lectura abiertos descritos en las Figs. 2, 4, 6, 8, 10, 12 y/o 14.

La invención también describe bacterias aisladas infectadas con uno o más de los bacteriófagos de la invención. También se describe en este documento, *K. neumoniae* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 y/o la SEQ ID NO: 781. Se describen en este documento *A. baumannii* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2. También se describen en este documento, *E. coli* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3. También se describen en este documento, *P. aeruginosa* infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4. En ciertas realizaciones, la invención proporciona *S. aureus* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560 y/o la SEQ ID NO: 1074.

La invención describe métodos de producción y aislamiento de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074. También se describe en este documento, la invención proporciona un método para producir y/o aislar un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 y/o la SEQ ID NO: 781 que comprende (i) obtener un cultivo de *K. pneumoniae*, (ii) que lo infecta con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 y/o la SEQ ID NO: 781; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo; y (iv) aislar del cultivo el bacteriófago. También se describe en este documento, un método para producir y/o aislar un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2 que comprende (i) obtener un cultivo de *A. baumannii*, (ii) que lo infecta con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo; y (iv) aislar del cultivo el bacteriófago. También se describe en este documento, un método para producir y/o aislar un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3 que comprende (i) obtener un cultivo de *E. coli*, (ii) infectarlo con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo; y (iv) aislar del cultivo el bacteriófago. También se describe en este documento, un método para producir y/o aislar un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4 que comprende (i) obtener un cultivo de *P. aeruginosa*, (ii) infectarlo con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo; y (iv) aislar del cultivo el bacteriófago.

En todavía realizaciones adicionales, la invención proporciona un método para producir y/o aislar un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560 y/o la SEQ ID NO: 1074 que comprende (i) obtener un cultivo de *S. aureus*, (ii) infectarlo con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560 y/o la SEQ ID NO: 1074; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo; y (iv) aislar del cultivo el bacteriófago.

El bacteriófago puede aislarse de una muestra bacteriana utilizando cualquier método descrito en el presente documento o conocido en la técnica (véase, por ejemplo, Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," en, Kutter y Sulakvelidze (Eds) Bacteriophage: Biology and Applications, 5ª ed. CRC Press (2005)).

También se describen en este documento polipéptidos aislados de bacteriófagos de la invención. Los polipéptidos aislados pueden ser proteínas de bacteriófagos de longitud completa o pueden ser fragmentos, variantes o derivados de las proteínas de bacteriófagos siempre que el fragmento, variante o derivado muestre al menos una actividad biológica asociada con el bacteriófago o polipéptido del que se deriva. En ciertas realizaciones, los polipéptidos de la invención se aíslan del bacteriófago F387/08 o F391/08 (que típicamente infecta *K. pneumoniae*), F394/08 (que típicamente infecta A. baumannii), bacteriófago F488/08 (que típicamente infecta *E. coli*), el bacteriófago F510/08 (que típicamente infecta a *P. aeruginosa*) o el bacteriófago F44/10 o F125/40 (que típicamente infecta a *S. aureus*).

El polipéptido descrito aquí es una lisina aislada de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o que consta de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4. SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074 (por ejemplo, el bacteriófago F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 o F125/10, respectivamente). El polipéptido descrito aquí es una lisina, por ejemplo, una endolisina o lisina de la cola, que tiene la secuencia de aminoácidos que comprende o que consta de la SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, o SEQ

ID NO: 1261. Las funciones pronosticadas de dichas lisinas incluyen, por ejemplo, una proteína viriónica similar a Ig (SEQ ID NO: 20), hidrdolasa de la pared celular (SEQ ID NO: 80), endolisina; N-acetilmuramoil-L-alanina amidasa (SEQ ID NO: 192), lisozima soluble (SEQ ID NO: 282), lisozima similar a T4 (SEQ ID NO: 547), endolisina (SEQ ID NO: 556), proteína similar a Rz1 lambda (SEQ ID NO: 557), endolisina (SEQ ID NO: 598), endolisina (SEQ ID NO: 1216) y lisina de la cola (SEQ ID NO: 1261).

El polipéptido aislado descrito aquí es un fragmento, variante o derivado de una endolisina o lisina aislada de un bacteriófago de la invención, cuyo fragmento, variante o derivado exhibe al menos una actividad biológica, preferiblemente actividad antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), de la endolisina, lisina o bacteriófago a partir de la cual se aísla o se deriva. Por consiguiente, también se describe en este documento, polipéptidos aislados que son fragmentos, variantes o derivados de endolisinas o lisinas aisladas de bacteriófagos de la invención, cuyos fragmentos, variantes o derivados exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra uno o más de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa*, o *S. aureus*. Los polipéptidos aislados son fragmentos, variantes o derivados de endolisinas o lisinas aisladas de bacteriófagos de la invención que exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más especies de bacterias distintas de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa*, o *S. aureus*. En ciertas realizaciones, el polipéptido de la invención comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 20 y/o SEQ ID NO: 80, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *K. pneumoniae*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1. En otras realizaciones, el polipéptido de la invención comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 192, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *A. baumannii*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2. El polipéptido descrito aquí comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 282, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *E. coli*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 3. El polipéptido descrito aquí comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *P. aeruginosa*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4. El polipéptido descrito aquí comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 598, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *S. aureus*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560. El polipéptido descrito aquí comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1216 y/o SEQ ID NO: 1261, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *S. aureus*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1074.

El polipéptido descrito aquí comprende o consiste en un dominio CHAP aislado de una endolisina o lisina del bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, o F125/10. Se ha demostrado que los dominios CHAP aislados retienen la actividad antibacteriana, por ejemplo, la actividad de destrucción lítica, de la endolisina o lisina de la que se derivan; los dominios CHAP pueden identificarse y aislarse por métodos rutinarios en la técnica (véase, por ejemplo, Rigden et al., 2003, Trends Biochem. Sci. 28: 230-234; Bateman et al., 2003, Trends Biochem. Sci. 28: 234-237). El polipéptido descrito aquí comprende o consiste en un dominio CHAP aislado de un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282. SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 o SEQ ID NO: 1261. También se describe en este documento, un fragmento, variante o derivado de un dominio CHAP aislado de una endolisina o lisina del bacteriófago bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F125/10, cuyo fragmento, variante, o derivado exhibe al menos una actividad biológica, por ejemplo, la destrucción lítica de células, del dominio CHAP del que se derivó.

Un polipéptido descrito aquí comprende o consiste en una proteína de la cola (por ejemplo, componente de la cola, proteína de la fibra de la cola, proteína de la cola asociada a la adsorción, proteína de medición de la cinta del largo de la cola, subunidad de porción de la placa de base), o fragmento, variante, o un derivado del mismo, aislado de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o que consta de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074 (por ejemplo,el bacteriófago F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 o F125/10 respectivamente), en donde la proteína de la cola, o fragmento, la variante, o derivado de la misma, tiene una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, por ejemplo, la actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, la actividad de destrucción lítica). La actividad antimicrobiana o antibacteriana de la proteína de la cola descrita aquí se dirige contra al menos una o más especies o cepas de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus*. El polipéptido descrito aquí es una proteína de la cola que tiene la secuencia de aminoácidos que comprende o que consta de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ

ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629; SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266. El polipéptido aislado descrito aquí es un fragmento, variante o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629; SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266, cuyo fragmento, variante o derivado exhibe al menos una actividad o función biológica del bacteriófago del cual se aísla o deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica). El al menos una actividad o función biológica del fragmento, variante o derivado descrito aquí se dirige contra una o más cepas de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus*

Las funciones pronosticadas de dichas proteínas de la cola incluyen, por ejemplo, una proteína de la cola de unión al receptor (SEQ ID NO: 15), la proteina mayor de la cola (SEQ ID NO: 26), la proteina menor de la cola (SEQ ID NO: 27), proteína de la punta de la cola que forma poro (SEQ ID NO: 30), proteína de la cola (SEQ ID NO: 32-33), proteina menor de la cola (SEQ ID NO: 34), proteína de la cola del fago (SEQ ID NO: 35), proteína de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 180), proteína para medir la cinta de la cola (SEQ ID NO: 183), proteína de la cola (SEQ ID NO: 185), proteína de la fibra de la cola (SEQ ID NO: 190), proteína del tubo de la cola (SEQ ID NO: 231), monómero de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 232), estabilizador de la vaina de la cola y proteína de terminación (SEQ ID NO: 235), fibras corta de la cola (SEQ ID NO: 239), pasador de cola de terminación de la porción de placa base (SEQ ID NOs: 240-241), encaje de la fibra de cola que completa la proción de la placa base (SEQ ID NO: 242), subunidad de la porción de la placa base (SEQ ID NO: 243), iniciador de la porción de la placa base (SEQ ID NO: 244), porción de la placa base (SEQ ID NO: 245), subunidad del cubo de la placa base y lisozima de la cola, dispositivo de punción celular (SEQ ID NO: 248), terminación de la porción de la placa base (SEQ ID NO: 249), terminación de la cola y proteína estabilizadora de la vaina (SEQ ID NO: 252), ensamble de fibra de cola larga y corta chaperona (SEQ ID NO: 254), proteína de la fibra de la cola (SEQ ID NO: 433), proteína de la fibra de cola (SEQ ID NO: 434), fibra de cola larga del conector de bisagra (SEQ ID NO: 435), bisagra de fibra de cola (SEQ ID NO: 436), subunidad de fibra de cola proximal (SEQ ID NO: 437), iniciador del tubo de cola de la placa base (SEQ ID NO: 489), placa base (SEQ ID NO: 490), subunidad de cubo de la placa base, determinador de longitud de la cola (SEQ ID NO: 491), subunidad del cubo distal de la placa base (SEQ ID NO: 492), subunidad del cubo de placa base (SEQ ID NO: 493), catalizador de ensamblaje de cubo de placa base (SEQ ID NO: 494), subunidad del cubo de placa base (SEQ ID NO: 495), subunidad de la porción de placa de base (SEQ ID NO: 496), proteína tubular de la cola (SEQ ID NOS: 544-545), proteína de la fibra de la cola (SEQ ID NO: 549 y SEQ ID NO: 551), proteina mayor de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 629 y SEQ ID NO: 1250), proteina mayor de la cola (SEQ ID NO: 686), proteína del tubo de la cola (SEQ ID NO: 789), fibritina (SEQ ID NO: 796), fibras cortas de la cola (SEQ ID NO: 797), pasador de la cola de terminación de la porción de placa base (SEQ ID NO: 798), subunidad de la porción de placa base y pasador de cola (SEQ ID NO: 799), conector de fibra de cola de la porción de placa base (SEQ ID NO: 800), subunidad del cubo de placa base y lisozima (SEQ ID NO: 806), lisozima (SEQ ID NO: 854), holina (SEQ ID NO: 999); catalizador de ensamblaje de la fibra de cola larga distal (SEQ ID NO: 1000), proteína de fibra de cola en forma de L (SEQ ID NO: 1001), conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga (SEQ ID NO: 1002), conector de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga (SEQ ID NO: 1003), subunidad proximal de fibra de cola larga (SEQ ID NO: 1004), iniciador del tubo de cola de placa base (SEQ ID NO: 1053), tapa del tubo de cola de la placa base (SEQ ID NO: 1054), subunidad del cubo de placa base, determinador de longitud de cola (SEQ ID NO: 1055), subunidad del cubo distal de placa base (SEQ ID NO: 1056), subunidad del cubo de placa base (SEQ ID NOS: 1057 y 1059), catalizador de ensamblaje del cubo de placa base (SEQ ID NO: 1058), subunidad de la porción de placa de base (SEQ ID NO: 1060); proteina mayor de la cola (SEQ ID NO: 1077); holina (SEQ ID NO: 1217); proteína mayor de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 1250); y proteína de placa de base (SEQ ID NO: 1266).

También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, o SEQ ID NOs: 32-35, que muestra una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *K. pneumoniae*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, o SEQ ID NOs: 1053-1060, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 781, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *K. pneumoniae*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, o SEQ ID NO: 190, que exhibe una función asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *A. baumannii*.

También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-495, o SEQ ID NO: 496, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 3, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *E. coli*. En ciertas realizaciones, la invención abarca una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, o SEQ ID NO: 551, que exhibe una función asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *P. aeruginosa*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 629 o SEQ ID NO: 686, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función está dirigida contra una o más cepas de *S. aureus*. También se describe en este documento, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, o SEQ ID NO: 1266, que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1074, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica), cuya función es está dirigida contra una o más cepas de *S. aureus*

El polipéptido aislado descrito aquí es una variante de un polipéptido bacteriófago, cuya variante comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% o mayor identidad de secuencia con una segunda secuencia de aminoácidos de la misma longitud (es decir, que consiste en el mismo número de residuos), cuya segunda secuencia de aminoácidos es la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1266 y/o un fragmento de la misma, y en el que la variante presenta al menos una función o actividad biológica del bacteriófago del que se derivó (por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica)) contra una o más cepas de bacterias, por ejemplo, bacterias Gram positivas (por ejemplo, *S. aureus*), bacterias Gram negativas (por ejemplo, *K. pneumoniae*, A baumannii, *E. coli*, *P. aeruginosa*) o bacterias no clasificadas como Gram positivas o Gram negativas.

También se describe en este documento, un polipéptido aislado que tiene una secuencia de aminoácidos de cualquiera de las SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507-559, SEQ ID NO: 561-780, SEQ ID NO: 782-1073, y SEQ ID NO: 1075-1300 y sus fragmentos biológicos activos. También se describe en este documento, el polipéptido variante de la invención exhibe al menos una actividad biológica asociada con el polipéptido o bacteriófago a partir del cual se aisló o derivó, por ejemplo, la actividad lítica dirigida contra al menos una o más cepas de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*.

También se describe en este documento, una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica la secuencia de aminoácidos de una de las SEQ ID NOs: 5-176, SEQ ID NOs: 177-223, SEQ ID NOs: 224-506, SEQ ID NOs: 507-559, SEQ ID NOs: 561-780, SEQ ID NOs: 782-1073, y SEQ ID NOs: 1075-1300 y fragmentos activos de la misma. En otras realizaciones, la invención proporciona la secuencia de ácido nucleico que codifica cualquiera de los marcos de lectura abiertos identificados en las Figs. 2, 4, 6, 8, 10, 12 y/o 14.

Los polipéptidos descritos aquí se fusionan de forma recombinante o se conjugan químicamente (incluyendo conjugaciones tanto covalentes como no covalentes) con agentes terapéuticos, por ejemplo, polipéptidos heterólogos o moléculas pequeñas, para generar proteínas de fusión o polipéptidos quiméricos. La fusión no necesariamente tiene que ser directa, sino que puede ocurrir a través de secuencias enlazadoras o mediante conjugación química. Los ejemplos no limitantes de agentes terapéuticos a los que se pueden conjugar los polipéptidos de la invención son las citotoxinas peptídicas o no peptídicas (que incluyen antimicrobianos y/o antibióticos), moléculas trazadoras/marcadoras (por ejemplo, radionúclidos y fluoróforos) y otros compuestos antibióticos o antibacterianos conocido en la técnica.

6.2 Composiciones antibioticas

El bacteriófago aislado o los polipéptidos de la presente invención se pueden administrar solos o incorporados en una composición farmacéutica para el uso en el tratamiento o la profilaxis de infecciones bacterianas, por ejemplo, infecciones causadas por bacterias que incluyen, pero no se limitan a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus*. Los polipéptidos se pueden combinar con un portador, excipiente o estabilizador farmacéuticamente aceptable. Los ejemplos de vehículos, excipientes y estabilizadores farmacéuticamente aceptables

incluyen, pero no se limitan a, reguladores tales como fosfato, citrato y otros ácidos orgánicos; antioxidantes incluyendo ácido ascórbico; polipéptidos de bajo peso molecular; proteínas, como la albúmina de suero y la gelatina; polímeros hidrófilos tales como polivinilpirrolidona; aminoácidos tales como glicina, glutamina, asparagina, arginina o lisina; monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos que incluyen glucosa, manosa o dextrinas; agentes quelantes tales como EDTA; alcoholes de azúcar tales como manitol o sorbitol; contraiones formadores de sal como el sodio; y/o surfactantes no iónicos como TWEEN^{MR}, polietilenglicol (PEG) y PLURONICS^{MR}. Las composiciones farmacéuticas de la presente invención (por ejemplo, composiciones antibacterianas) también pueden incluir un lubricante, un agente humectante, un edulcorante, un agente saborizante, un emulsionante, un agente de suspensión y un conservante, por ejemplo, además de los ingredientes anteriores.

Los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención también pueden combinarse con uno o más agentes terapéuticos y/o profilácticos útiles para el tratamiento de la infección bacteriana como se divulga en el presente documento y/o se conoce en la técnica (por ejemplo, una o más lisinas). Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden comprender, por lo tanto, dos o más bacteriófagos aislados de la invención (con actividad antibacteriana contra la misma o diferentes especies o cepas bacterianas), la combinación de un bacteriófago y un polipéptido de la invención o la combinación de un bacteriófago y/o polipéptido de la invención y un bacteriófago y/o polipéptido conocido en la técnica. En realizaciones específicas, los componentes terapéuticos de una combinación se dirigen a dos o más especies o cepas de bacterias o muestran una actividad enzimática diferente. Por ejemplo, las lisinas en general exhiben una actividad de amidasa, endopeptidasa, muramidasa o glucosamidasa. Por consiguiente, la combinación de lisinas que exhiben diferentes actividades puede proporcionar una mejora sinérgica a la actividad terapéutica de la composición farmacéutica de la invención.

En algunas realizaciones, se combinan varios bacteriófagos diferentes para proporcionar un "cóctel de fagos". En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende al menos 2 fagos, al menos 3 fagos, al menos 4 fagos, al menos 5 fagos, al menos 6 fagos, al menos 7 fagos, al menos 8 fagos, al menos 9 fagos, al menos 10 fagos, o más. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende 2-20 fagos, 2-15 fagos, 2-10 fagos, 3-8 fagos o 4-6 fagos.

En algunas realizaciones, al menos un fago del cóctel es un fago con actividad antibacteriana contra al menos una bacteria Gram negativa, que incluye pero no se limita a *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* y/o en contra de al menos una bacteria grampositiva que incluye pero no se limita a *Staphylococcus aureus*. Se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F391/08, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 y que exhibe actividad antibacteriana contra uno o más cepas de *Klebsiella pneumoniae*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F394/08, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 2 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F488/08, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Escherichia coli*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F510/08, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4 y exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa.* En ciertas realizaciones, al menos un fago del cóctel es F44/10, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F387/08, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 781 y exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumoniae*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F125/10, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1074 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*.

También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F170/08, que tiene un genoma como se divulga en el documento WO 2010/090542, y exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Enterococcus faecalis* o *faecium*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F168/08, que tiene un genoma como se divulga en el documento WO 2010/090542 y exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Enterococcus faecalis* o *faecium*. También se describe en este documento, al menos un fago del cóctel es F770/05, que tiene un genoma como se divulga en el documento WO 2010/090542, y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. En ciertas realizaciones, al menos un fago del cóctel es F1245/05, que tiene un genoma como se divulga en el documento WO 2010/ 090542, y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*.

También se describe en este documento, un cóctel que comprende un fago que tiene actividad biológica contra Acinetobacter. Por ejemplo, el cóctel puede comprender F394/08 y/o F1245/05, exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*. El cóctel de fagos descrito aquí comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F394/08 y/o F1245/05 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F391/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05 y F125/10. El cóctel de fagos descrito aquí comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumonia* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08 y/o F387/08 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F1245/05, F170/08,

F168/08, F770/05 y F125/10. El cóctel de fagos descrito aquí comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Escherichia coli* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F488/08 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F391/08, F510/08, F44/10, F394/08, F387/08, F170/08, F168/08, F1245/05, F770/05 y F125/10.

El cóctel de fagos descrito aquí puede comprender al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F510/08 y/o F770/05 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F1245/05 y F125/10. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Por ejemplo, en algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F44/10 y/o F125/10 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05 y F1245/05. También se describe en este documento que, el cóctel de fagos comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Enterococcus faecalis* o *faecium* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F170/08 y/o F168/08 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08, F770/05, F1245/05 y F125/10.

También se describe en este documento que, el cóctel de fagos comprende al menos cuatro (4) fagos seleccionados del grupo que consiste en F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05, F1245/05 y F125/10. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F488/08 y F510/08. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F44/10, F387/08, F170/08 y F168/08. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F770/05 y F1245/05. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F510/08 y/o F44/10. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F44/10 y/o F387/08. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F387/08 y/o F170/08. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F170/08 y F168/08. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F168/08 y/o F770/05. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F770/05 y F1245/05.

También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F125/10, F391/08, F394/08 y F488/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F125/10, F394/08, F488/08 y F510/08. En ciertas realizacines, el cóctel de fagos comprende F125/10, F488/08, F510/08 y F44/10. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F125/10, F44/10, F387/08 y F170/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F125/10, F170/08, F168/08 y F770/05. También se describe en este documento, un cóctel de fagos comprende F125/10, F770/05, F1245/05 y F391/08. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F125/10, F510/08, F44/10, y F387/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F125/10, F387/08, F170/08, F168/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos comprende F125/10, F168/08, F770/05 y F1245/05. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F125/10, F1245/05, F391/08 y F394/08.

En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/088, F510/08 y/o F44/10. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/088, F44/10 y/o F387/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F387/08 y/o F170/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F170/08 y/o F168/08. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/088, F168/08 y/o F770/05. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, FF770/05 y/o F1245/05. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F1245/05 y/o F391/08. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F488/08, F510/08, F44/10 y/o F387/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F387/08 y/o F170/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F170/08 y/o F168/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos comprende F488/08, F510/08, F168/08 y/o F770/05. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F770/05 y/o F1245/05. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F1245/05 y/o F391/08. También se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F391/08 y/o F394/08.

También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F168/08 y/o F770/05. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F770/05 y/o F1245/05. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F1245/05 y/o F391/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F391/08 y/o F394/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F394/08 y/o F488/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F488/08 y/o F510/08. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F510/08 y/o F44/10. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F44/10 y/o F387/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F387/08 y/o F170/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F170/08 y/o F168/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F168/08 y/o F770/05. También se describe en el presente documento un cóctel de

fagos que comprende F387/08, F170/08, F770/05 y/o F1245/05. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F1245/05 y/o F391/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F391/08 y/o F394/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F394/08 y/o F488/08. También se describe en el presente documento un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F488/08 y/o F510/08. En ciertas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F510/08 y/o F44/10.

En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F387/08 y/o F170/08. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F170/08 y/o F168/08. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F168/08 y/o F770/05. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F770/05 y/o F1245/05. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F1245/05 y/o F391/08. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F391/08 y/o F394/08. En algunas realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F394/08 y/o F488/08.

En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F170/08 y/o F168/08. En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F168/08 y/o F770/05. En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F770/05 y/o F1245/05. En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F1245/05 y/o F391/08. En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F391/08 y/o F394/08. En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F394/08 y/o F488/08. En algunas realizaciones, el fago comprende F44/10, F387/08, F488/08 y/o F510/08.

En algunas realizaciones, la composición del cóctel de fagos puede o no implicar fagos seleccionados para una semivida *in vivo*, por ejemplo, como se divulga en el documento US 5.688.501.

También se describe en este documento, un cóctel que comprende uno o más polipéptidos aislados de uno o más fagos, y/o un fragmento, variante o derivado del mismo, en particular un polipéptido, fragmento, variante o derivado del mismo que tiene actividad antibacterianas o antimicrobianas. El polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo descrito aquí comprende o consiste en una lisina (o un fragmento de la misma, por ejemplo, un dominio CHAP) y/o una proteína de la cola. El polipéptido descrito aquí corresponde a un polipéptido, fragmento, variante o derivado aislado del mismo, como se divulga en el presente documento y/o en el documento WO 2010/090542. En algunas realizaciones, el cóctel se administra en ausencia de un polipéptido aislado, tal como en ausencia de una liasa.

Otros ejemplos de otros agentes terapéuticos que pueden usarse en combinación con el polipéptido de la invención incluyen, pero no se limita a agentes antibióticos estándar, agentes antiinflamatorios, agentes antivíricos, agentes anestésicos locales y corticosteroides. En algunas realizaciones, el cóctel se administra en ausencia de un antibiótico.

Los antibióticos estándar que pueden usarse con composiciones farmacéuticas que comprenden un bacteriófago y/o polipéptido de la invención que incluyen, pero no se limita a, amikacina, gentamicina, kanamicina, neomicina, metilmicina, paromomicina, rodostreptomicina, estreptomicina, tobramicina, apramicina, rifamicina, naftomicina, mupirocina, geldanamicina, ansamitocina, carbacefemos, imipenem, meropenem, ertapenem, faropenem, doripenem, panipenem/betamipron, biapenem, PZ-601, cefalosporinas, cefacetril, cefadroxil, cefalexina, cefaloglicina, cefalonio, cefaloridina, cefalotina, cefapirina, cefatrizina, cefazaflur, cefazedona, cefazolina, cefradina, cefroxadina, ceftezol, cefaclor, cefonicida, cefprozil, cefuroxima, cefuzonam, cefmetazol, cefotetano, cefoxitina, cefcapeno, cefdaloxima, cefdinir, cefditoren, cefetamet, cefixima, cefmenoxima, cefteram, ceftibuten, ceftiofur, ceftioleno, ceftizoxima, ceftriaxona, cefoperazona, ceftazidime, latamoxef, cefclidina, cefepime, cefluprenam, cefoselis, cefozopran, cefpirome, cefquinome, flomoxef, ceftobiprol, azitromicina, claritromicina, diritromicina, eritromicina, roxitromicina, aztreonam, penicilina y derivados de penicilina, actinomicina, bacitracina, colistina, polimixina B, cinoxacina, flumequina, ácido nalidíxico, ácido oxolínico, ácido piromídico, ácido pipemidico, rosoxacina, ciprofloxacina, enoxacina, fleroxacina, lomefloxacina, nadifloxacina, norfloxacina, ofloxacina, pefloxacina, rufloxacina, balofloxacina, gatifloxacina, grepafloxacina, levofloxacina, moxifloxacina, pazufloxacina, esparfloxacina, temafloxacina, tosufloxacina, clinafloxacina, garenoxacina, gemifloxacina, estifloxacina, trovalfloxacina, prulifloxacina, acetazolamida, benzolamida, bumetanida, celecoxib, clortalidona, clopamida, diclorfenamida, dorzolamida, etoxizolamida, furosemida, hidroclorotiazida, indapamida, mafendida, mefrusida, metolazona, probenecid, sulfacetamida, sulfadimetoxina, sulfadoxina, sulfanilamidas, sulfametoxazol, sulfasalazina, sultiame, sumatriptan, xipamida, tetraciclina, clortetraciclina, oxitetraciclina, doxiciclina, limeciclina, meclociclina, metaciclina, minociclina, rolitetraciclina, meticilina, nafcilina, oxacilina, cloxacilina, vancomicina, teicoplanina, clindamicina, cotrimoxazol, y cualquier combinación de los mismos en cantidades que sean efectivas para mejorar en forma aditiva o sinérgicamente el efeecto terapéutico del bacteriófago y/o el polipéptido de la invención para una infección dada.

Los anestésicos locales que pueden usarse en composiciones farmacéuticas de la presente invención incluyen tetracaína, clorhidrato de tetracaína, lidocaína, clorhidrato de lidocaína, clorhidrato de dimetisoquinina, dibucaína, clorhidrato de dibucaína, butambenpicrato y clorhidrato de pramoxina. Un ejemplo de concentración de anestésico local es de aproximadamente 0,025% hasta aproximadamente 5% en peso de la composición total.

Los corticoesteroides que pueden ser útiles en combinación con los polipéptidos, bacteriófagos y/o composiciones farmacéuticas de la invención incluyen betametasona, dipropionato, fluocinolona, actinida, valerato de betametasona, triancinolona actinida, propionato de clobetasol, desoximetasona, diacetato de diflorasona amcinonida flurandrenolida,

valerato de hidrocortisona, butirato de hidrocortisona y desonida. Un ejemplo de concentración de corticosteroide es de aproximadamente 0,01% hasta aproximadamente 1% en peso de la composición total.

En ciertas realizaciones, una formulación que comprende un bacteriófago y/o polipéptido de la invención comprende además regulador SM (Tris-HCl 0,05 M (pH 7,4-7,5); NaCl 0,1 M; $MgSO_4$ 10 mM). En otras realizaciones, la formulación comprende además regulador SM y $MgCl_2$ 10 mM. En aún otras realizaciones más, la formulación comprende además tampón SM y aproximadamente 20% o aproximadamente 30% de etanol.

Las composiciones farmacéuticas que comprenden un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención pueden ser formuladas en una dosis unitaria o en una formulación multidosis. Las formulaciones adecuadas pueden seleccionarse del grupo que consiste en ungüentos, soluciones, suspensiones o emulsiones, extractos, polvos, gránulos, aerosoles, pastillas, tabletas o cápsulas; y adicionalmente puede incluir un agente dispersante o un agente estabilizante.

Las composiciones farmacéuticas de la invención se pueden administrar por inhalación, en forma de supositorio o pesario, tópicamente (por ejemplo, en forma de loción, solución, crema, ungüento o polvo para espolvorear), epidérmicamente o transdérmicamente (por ejemplo, mediante el uso de un parche para la piel), por vía oral (por ejemplo, como una tableta, que puede contener excipientes como almidón o lactosa), como una cápsula, óvulo, elixires, soluciones o suspensiones (conteniendo cada uno opcionalmente saborizantes, agentes colorantes y/o excipientes), o pueden inyectarse por vía parenteral (por ejemplo, por vía intravenosa, intramuscular o subcutánea). Para la administración parenteral, las composiciones pueden usarse en forma de una solución acuosa estéril que puede contener otras sustancias, por ejemplo, suficientes sales o monosacáridos para hacer que la solución sea isotónica con la sangre. Para la administración bucal o sublingual, las composiciones se pueden administrar en forma de tabletas o pastillas que se pueden formular de una manera convencional. En una realización preferida, un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención se administra tópicamente, ya sea como un agente único, o en combinación con otros tratamientos con antibióticos, como se divulga en el presente documento o se conoce en la técnica.

Un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención también se puede administrar por vía dérmica o transdérmica. Para la aplicación tópica en la piel, el bacteriófago y/o los polipéptidos de la presente invención se pueden combinar con uno o una combinación de vehículos, que pueden incluir, pero no se limitan a un líquido acuoso, un líquido de base alcohólica, un gel soluble en agua, una loción, una pomada, una base líquida no acuosa, una base de aceite mineral, una mezcla de aceite mineral y vaselina, lanolina, liposomas, portadores de proteínas como la albúmina sérica o gelatina, caramelo de celulosa en polvo, y combinaciones de los mismos. Un modo tópico de administración puede incluir un frotis, un aerosol, un vendaje, un parche de liberación prolongada, un paño absorbente de líquidos y combinaciones de los mismos. El bacteriófago y/o polipéptido de la invención se puede aplicar a un parche, toallita, vendaje, etc., ya sea directamente o en un portador o portadores. Los parches, toallitas, vendajes, etc., pueden ser húmedos o secos, en donde el fago y/o el polipéptido (por ejemplo, una lisina) está en forma liofilizada en el parche. Los vehículos de composiciones tópicas pueden comprender vehículos semisólidos y similares a gel que incluyen un espesante de polímero, agua, conservantes, tensioactivos activos o emulsionantes, antioxidantes, protectores solares y un sistema de solvente o disolvente mixto. La Patente de Estados Unidos No. 5.863.560 divulga una serie de diferentes combinaciones de portadores que pueden ayudar en la exposición de la piel a un medicamento. El portador puede o no implicar una formulación de liberación controlada, por ejemplo, como se divulga en el documento US 2008/0260697. El portador puede o no involucrar fagos adsorbidos en una matriz, por ejemplo, como se divulga en cualquiera de los documentos US 2008/0038322, US 2008/0138311, US 2009/0130196, EP 1 812 025, EP 1 817 043 y EP 1 833. 497. En algunas realizaciones, el vehículo puede o no implicar una formulación viscosa, por ejemplo, un gel, por ejemplo, como se divulga en el documento US 2009/0191254.

Para la administración intranasal o por inhalación, el bacteriófago y/o polipéptido de la invención se administra convenientemente en forma de un inhalador de polvo seco o una presentación de aspersión en aerosol de un recipiente presurizado, bomba, pulverizador o nebulizador con el uso de un propelente adecuado, por ejemplo, diclorodifluoro metano, difluorometano, triclorofluorometano, diclorotetrafluoroetano, un hidrofluoroalcano tal como 1,1,1,2-tetra fluoroetano (HFA 134A^{MR}) o 1,1,1,2,3,3,3-heptafluoropropano (HFA 227EA^{MR}), dióxido de carbono u otro gas adecuado. En el caso de un aerosol presurizado, la unidad de dosificación puede determinarse proporcionando una válvula para suministrar una cantidad medida. El recipiente, la bomba, el rociador o el nebulizador presurizados pueden contener una solución o suspensión del compuesto activo, por ejemplo, usando una mezcla de etanol y el propelente como disolvente, que puede contener adicionalmente un lubricante, por ejemplo, trioleato de sorbitán. Las cápsulas y los cartuchos (hechos, por ejemplo, de gelatina) para usar en un inhalador o insuflador pueden formularse para contener una mezcla en polvo del bacteriófago y/o polipéptido de la invención y una base en polvo adecuada, como lactosa o almidón.

Para la administración en forma de supositorio o pesario, las composiciones terapéuticas pueden aplicarse tópicamente en forma de gel, hidrogel, loción, solución, crema, pomada o polvo para espolvorear. Las composiciones de la invención también pueden administrarse por vía ocular. Para uso oftálmico, las composiciones de la invención se pueden formular como suspensiones micronizadas en solución salina estéril isotónica, ajustada al pH o, preferiblemente, como soluciones en solución salina estéril isotónica, ajustada al pH, opcionalmente en combinación

con un conservante tal como cloruro de benzalconio. Alternativamente, pueden formularse en un ungüento tal como vaselina.

Las dosis y las concentraciones de fármaco deseadas de las composiciones farmacéuticas de la presente invención pueden variar dependiendo del uso particular. La determinación de la dosis apropiada o la vía de administración está dentro de los conocimientos de un médico ordinario. Los experimentos con animales pueden proporcionar una guía confiable para la determinación de dosis efectiva en terapia humana. Un experto en la técnica puede realizar el escalamiento de las dosis efectiva entre especies siguiendo los principios descritos por Mordenti, J. y Chappell, W. "The use of interspecies scaling in toxicokinetics" in Toxicokinetics and New Drug Development, Yacobi et al., Eds., Pergamon Press, Nueva York 1989, pp42-96.

6.3 Uso terapéutico

Los bacteriófagos y polipéptidos de la presente invención tienen actividad contra una pluralidad de cepas de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, por ejemplo, como se divulga en las Tablas 1-7, en los Ejemplos a continuación. Por lo tanto, las composiciones de la presente invención pueden encontrar uso en métodos de prevención y/o tratamiento de infecciones asociadas con *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus,* tanto en humanos como en animales. En otras realizaciones, las composiciones de la presente invención se pueden usar para tratar infecciones asociadas con especies o cepas relacionadas de estas bacterias, que incluyen, pero sin limitarse a, *S. epidermidis, S. auricularis, S. capitis, S. haemolyticus, S. hominis, S. saprophyticus, S. simulans, S. xylosis, Micrococcus luteus, Bacilus subtilis, B. pumilus, E. hirae.*

En realizaciones específicas, el sujeto que recibe una composición farmacéutica de la invención es un mamífero (por ejemplo, bovino, ovino, caprino, equino, primate (por ejemplo, humano), roedor, lagomorfo o aviar (por ejemplo, pollo, pato, ganso)). En el contexto de la presente invención, "tratamiento" se refiere al tratamiento terapéutico, en el que el objetivo es eliminar, disminuir, reducir la gravedad, mejorar, disminuir la progresión o prevenir los síntomas o la causa subyacente (por ejemplo, infección bacteriana) asociada con la condición o trastorno patológico. "Tratamiento" se refiere tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas o preventivas, en las que el objetivo es eliminar, disminuir, disminuir la severidad, retardar la progresión o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (por ejemplo, infección bacteriana) asociada con la condición o trastorno patológico. También se contempla que un bacteriófago y/o polipéptido de la invención actúe como una medida profiláctica o preventiva, evitando la aparición de una infección causada por una o más bacterias.

K. pneumoniae, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus* son responsable de muchas infecciones oportunistas graves, particularmente en individuos con sistemas inmunitarios comprometidos. Las composiciones farmacéuticas de la presente invención se contemplan para tratar cualquier infección asociada con *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, o asociado con otras especies o cepas de bacterias, que incluyen, entre otras, infecciones de la piel (incluidas, pero no se limitan, úlceras en la piel, carbuncos, llagas y úlceras diabéticas de los pies), infecciones en y alrededor de las heridas, Infecciones postquirúrgicas, infecciones asociadas a catéteres y drenajes quirúrgicos, e infecciones de la sangre.

La úlcera del pie diabético es una de las principales complicaciones de la diabetes mellitus, que se presenta en aproximadamente el 15% de todos los pacientes diabéticos y que produce aproximadamente el 85% de todas las amputaciones de la parte inferior de las piernas (Brem, et al., J. Clinical Invest., 2007, 117 (5): 1219-1222). La diabetes mellitus impide los pasos normales del proceso de curación de la herida. Las úlceras diabéticas crónicas que no cicatrizan a menudo se tratan con terapia de reemplazo de matriz extracelular, terapia avanzada para heridas húmedas, sustitutos de tejidos o tejidos con bioingeniería, factores de crecimiento, desbridamiento, revascularización arterial y/o terapia con heridas por presión negativa (Blume et.al, Diabetes Care, 2008, 31: 631-636). Las úlceras pueden infectarse con bacterias oportunistas, que exacerban aún más la enfermedad. En consecuencia, las úlceras del pie en la diabetes también suelen requerir antibióticos, por ejemplo, contra *Staphylococcus*, así como otras bacterias anaeróbicas, como la *Klebsiella pneumonía*, *Escherchia coli* y/o *Pseudomonas aeruginosa*.

Una o más composiciones de la presente invención encuentran uso en el tratamiento de la úlcera del pie diabético. Por ejemplo, un fago o polipéptido aislado de la invención se puede usar para el tratamiento de infecciones asociadas con úlcera del pie diabético, en un sujeto que lo necesite. En realizaciones particulares, la composición utilizada para tratar la úlcera del pie diabético es una composición tópica, formulada para administración tópica, por ejemplo, una composición para la aplicación directa a una úlcera, herida, lesión y/o úlcera asociada con la úlcera del pie diabético.

En ciertas realizaciones, la composición para uso con respecto a la úlcera del pie diabético comprende F44/10 aislada, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*. en algunas realizaciones, se usa una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F44/10, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *S. aureus*. En ciertas realizaciones de este tipo, el polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo, es una lisina, un dominio CHAP o una proteína de la cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *S. aureus*. En ciertas realizaciones, la composición para el uso con respecto a la úlcera del pie diabético comprende F125/10 aislado, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1074 y exhibe

actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*. En algunas realizaciones, se utiliza una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F125/10, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *S. aureus*. En ciertas realizaciones de este tipo, el polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo, es una lisina, un dominio CHAP o una proteína de la cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *S. aureus*

En ciertas realizaciones, se usa una composición que comprende un cóctel de fagos, por ejemplo, cuando el cóctel de fagos comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra bacterias diferentes. En realizaciones particulares, el cóctel de fagos comprende F44/10 y/o F125/10 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05, y F1245/05. En realizaciones particularmente preferidas, el cóctel de fagos comprende F44/10 y/o F125/10 en combinación con uno, dos, tres o más de otros fagos seleccionados de F391/08, F387/08, F488/08, F510/08 y/o F770/05.

Se describe en este documento, una composición para uso con respecto a la úlcera del pie diabético comprende F391/08 y/o F387/08 aislados, que tienen un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1 o la SEQ ID NO: 781 respectivamente, y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumoniae*. Se describe en este documento, se utiliza una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F391/08 y/o F387/08, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *K. pneumoniae*. En ciertas realizaciones de este tipo, el polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo, es una lisina, un dominio CHAP o una proteína de la cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *K. pneumoniae*. En ciertas realizaciones, se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, por ejemplo, cuando el cóctel de fagos comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumoniae* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra bacterias diferentes. Se describe en este documento que, el cóctel de fagos comprende F391/08 y/o F387/08 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F170/08, F168/08, F770/05, F1245/05, y F125/10. Se describe en este documento que, el cóctel de fagos comprende F391/08 y/o F387/08 en combinación con uno, dos, tres o más de otros fagos seleccionados de F44/10, F488/08, F510/08 y/o F770/05.

Se describe en este documento, una composición para uso con respecto a la úlcera del pie diabético que comprende F488/08 aislado, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 3 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Escherichia coli*. También se describe en este documento que, se usa una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F488/08, o un fragmento, variante o derivado del mismo, cuyo polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *E. coli*. El polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo descrito aquí, es una lisina, un dominio CHAP o una proteína de la cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *Escherichia coli*. Se describe en este documento, se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, por ejemplo, en el que el cóctel de fagos comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Escherichia coli* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. En realizaciones particulares, el cóctel de fagos comprende F488/08 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F394/08, F510/08, F44/10, F170/08, F168/08, F770/05, F1245/05, F391/08 F387/08, y F125/10. En realizaciones particularmente preferidas, el cóctel de fagos comprende F488/08 en combinación con uno, dos, tres o más de otros fagos seleccionados de F391/08, F387/08, F44/10, F125/10, F510/08 y/o F770/05.

Se describe en este documento que, la composición para uso con respecto a la úlcera del pie diabético comprende F510/08 y/o F770/05 aislados, que tienen un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 4 o como se divulga en el documento WO 2010/090542, respectivamente, y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. Se describe en este documento que, se usa una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F510/08 y/o F770/05, o un fragmento, variante o derivado del mismo cuyo polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *P. aeruginosa*. Se describe en este documento que, el polipéptido, o fragmento, variante o derivado del mismo, es una lisina, un dominio CHAP o una proteína de la cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. Se describe en este documento que, se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, por ejemplo, en el que el cóctel de fagos comprende al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa* y al menos un fago que exhibe actividad antibacteriana contra una bacteria diferente. Se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F510/08 y/o F770/05 en combinación con al menos otro fago seleccionado de F394/08, F488/08, F44/10, F170/08, F168/08, F1245/05, F391/08, F387/08, y F125/10. Se describe en este documento, un cóctel de fagos que comprende F510/08 y/o F770/05 en combinación con uno, dos, tres o más de otros fagos seleccionados de F44/10, F488/08, F391/08 y/o F387/08.

K. pneumoniae, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus* también se asocia con infecciones que involucran sistemas de órganos que tienen un alto contenido de fluido, y se contempla que los bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención tienen un uso terapéutico en la prevención y el tratamiento de estas infecciones. Por ejemplo, las composiciones farmacéuticas de la invención se pueden usar para la prevención o el tratamiento de infecciones del

tracto respiratorio, del líquido cefalorraquídeo, del fluido peritoneal y del tracto urinario. Las composiciones de la invención también se pueden usar para prevenir y/o tratar la neumonía nosocomial, infecciones asociadas con diálisis peritoneal ambulatoria continua (CAPD), bacteriemia asociada a catéter y meningitis nosocomial.

En una realización preferida, se usa un bacteriófago y/o polipéptido de la invención profilácticamente en un entorno hospitalario, particularmente para prevenir infecciones asociadas con heridas, úlceras y aberturas en la piel, por ejemplo, debido a un cateterismo y cualquier otro procedimiento o dispositivo médico.

En ciertas realizaciones, un bacteriófago y/o polipéptido de la invención se usa como un agente único para tratar o prevenir infecciones asociadas con *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, y/u otras especies bacterianas. En otras realizaciones de la invención, un bacteriófago y/o polipéptido de la invención se usa en combinación con otros agentes, incluidos otros bacteriófagos (por ejemplo, que se dirigen a una especie o cepa diferente de bacterias), o con antibióticos que se dirigen a la misma o diferentes tipos de bacterias, incluidas las bacterias seleccionadas de cualquier bacteria Gram positiva, cualquier bacteria Gram negativa y cualquier otro grupo de bacterias que no esté clasificada como Gram positiva o Gram negativa. Las composiciones de la invención también se pueden usar en combinación con cualquier otro medio para tratar una infección bacteriana conocida por un experto en la técnica.

La invención también contempla métodos de prevención y métodos de tratamiento de una infección causada por bacterias que incluyen, pero no se limitan a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus* que comprende administrar a un mamífero que lo necesite una composición que comprende una lisina que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1261, o un fragmento, variante o derivado del mismo, en el que el fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra las especies de bacterias a partir de las cuales se aisló el bacteriófago original. En un ejemplo específico de acuerdo con esta realización, la invención proporciona métodos para prevenir o tratar una infección causada por una bacteria que incluye, pero no se limita a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, que comprende administrar a un mamífero que lo necesite una composición que comprende un dominio CHAP aislado de una lisina, o un fragmento, variante o derivado del mismo que muestra al menos una actividad biológica del dominio CHAP del cual se aisló (por ejemplo, eliminación lítica de células).

En ciertas realizaciones, la invención proporciona métodos para prevenir y/o tratar una infección causada por bacterias que incluyen, pero no se limitan a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, que comprende administrar a un mamífero que lo necesite una composición que comprende una proteína de la cola que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEC. ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO : 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, o SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1266, o un fragmento, variante o derivado del mismo, en el que el fragmento, variante o derivado exhibe una actividad biológica asociada con el bacteriófago con el que se derivó.

En otras realizaciones más, la invención proporciona métodos para prevenir y/o tratar una infección causada por bacterias que incluyen, pero no se limitan a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, que comprende administrar a un mamífero que lo necesite una composición que comprende un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 y/o SEQ ID NO: 1074. Las combinaciones de las lisinas (o fragmentos, variantes o derivados de las mismas como se divulga anteriormente) y proteínas de la cola (o fragmentos, variantes o derivados de las mismas) como se describió anteriormente, también se contemplan opcionalmente con uno o más bacteriófagos de la invención o con otros tratamientos, tales como antibióticos, así como métodos de tratamiento y/o métodos para prevenir una infección bacteriana usando una o más de las combinaciones descritas en este documento.

Como se usa en el presente documento, el término "en combinación" se refiere al uso de más de un agente profiláctico y/o terapéutico. El uso del término "en combinación" no restringe el orden en el que se administran agentes profilácticos y/o terapéuticos a un sujeto con una enfermedad o trastorno. Se puede administrar un primer agente profiláctico o terapéutico antes (por ejemplo, 5 minutos, 15 minutos, 30 minutos, 45 minutos, 1 hora, 2 horas, 4 horas, 6 horas, 12 horas, 24 horas, 48 horas, 72 horas). 96 horas, 1 semana, 3 semanas, 3 semanas, 4 semanas, 5 semanas, 6 semanas, 8 semanas, o 12 semanas antes), concomitantemente con o posteriormente a (o por ejemplo, 5 minutos, 15 minutos, 30 minutos, 45 minutos). 1 hora, 2 horas, 4 horas, 6 horas, 12 horas, 24 horas, 48 horas, 72 horas, 96 horas, 1 semana, 2 semanas, 3 semanas, 4 semanas, 5 semanas, 6 semanas, 8 semanas, o 12 semanas después) la administración de un segundo agente profiláctico o terapéutico (diferente del primer agente profiláctico o terapéutico) a un sujeto con una enfermedad o trastorno.

6.4 Uso desinfectante y anti-infectivo

Los patógenos bacterianos con mayor frecuencia se infectan en un sitio de membrana mucosa (por ejemplo, sistema respiratorio superior e inferior, intestinal, urogenital, ocular y similares). Las membranas mucosas en sí mismas son a menudo el reservorio, a veces el único reservorio, para muchas bacterias patógenas que se encuentran en el ambiente (por ejemplo, neumococos, estafilococos y estreptococos). Hay muy pocos antiinfecciosos diseñados para controlar el estado de portador de bacterias patógenas. Sin embargo, los estudios han demostrado que al reducir o eliminar este reservorio en entornos como hospitales y hogares de ancianos, la incidencia de infecciones por estas bacterias se reducirá notablemente. La prevención de las infecciones nosocómicas implica la limpieza rutinaria y repetida de las superficies afectadas.

Los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención se pueden usar en composiciones antiinfecciosas para controlar el crecimiento de bacterias (por ejemplo, bacterias Gram positivas (por ejemplo, *S. aureus*), bacterias Gram negativas (por ejemplo, *K . pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli* y *P. aeruginosa*), o bacterias no clasificadas como Gram positivas o Gram negativas), para prevenir o reducir la incidencia de infecciones nocosomiales. Además del uso en composiciones para la aplicación a membranas mucosas, un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención también puede incorporarse en formulaciones tales como geles, cremas, pomadas o aerosoles para controlar o prevenir la colonización de bacterias en las superficies corporales (por ejemplo, piel y membranas mucosas (por ejemplo, para la esterilización de áreas quirúrgicos o de las manos y la piel expuesta de los profesionales de la salud y/o pacientes) y otras superficies sólidas (por ejemplo, electrodomésticos, mostradores y, en particular, equipos hospitalarios).

6.5 Uso en nanotecnología

El bacteriófago y/o polipéptidos de la presente invención también pueden usarse en nanotecnología, por ejemplo, en el desarrollo de dispositivos a nanoescala. La combinación de nanotecnología y biología molecular ha llevado a una nueva generación de dispositivos basados en nanoescala, como los conductores a nanoescala. Los sistemas biológicos funcionan en base a la estructura de macromoléculas, principalmente proteínas y ácidos nucleicos, que están organizados estructuralmente en la nanoescala. Por consiguiente, las macromoléculas biológicas pueden encontrar uso en aplicaciones a nanoescala. En particular, las proteínas con estructuras altamente organizadas pueden usarse en el desarrollo de dispositivos a nanoescala.

Se describe en este documento, un polipéptido que comprende o consiste en una proteína de la cola (por ejemplo, componente de la cola, proteína de la fibra de la cola, proteína de la cola asociada a la adsorción, proteína de medición de la cinta del largo de la cola, subunidad de porción de la placa base), o fragmento, variante, o un derivado del mismo, aislado de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o que consiste en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, o SEQ ID NO: 1074 (por ejemplo, el bacteriófago F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 o F125/10, respectivamente), se pueden usar en aplicaciones nanotecnológicas. Por ejemplo, las proteínas de la cola de las fibras de la cola del fago pueden tener estructuras altamente organizadas y pueden encontrar uso en conductores a nanoescala. Dichos conductores pueden usarse, por ejemplo, para depositar oro y/u otros iones.

En realizaciones específicas, el polipéptido de la invención usado en nanoteconología es una proteína de la cola aislada que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 27. 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO : 1266. El polipéptido descrito aquí comprende un fragmento, variante o derivado de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32 35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEC. ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ. ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEC. ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266, en donde dicho fragmento, variante o derivado posee una estructura altamente organizada. Tales polipéptidos encuentran uso, por ejemplo, en conductores a nanoescala, como se describió anteriormente.

6.6 Métodos de diagnóstico

La presente invención también abarca métodos de diagnóstico para determinar el agente causante en una infección bacteriana. En ciertas realizaciones, el diagnóstico del agente causante en una presentación de infección bacteriana se realiza (i) cultivando muestras de tejido, sangre o fluido de un paciente de acuerdo con técnicas estándar; (ii) poner en contacto el cultivo con uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención; y (iii) controlar el crecimiento celular y/o la evidencia de lisis después de dicho contacto. Debido a que la actividad del bacteriófago y/o sus productos aislados (por ejemplo, polipéptidos o fragmentos biológicamente activos, variantes o derivados de los mismos) tiende a ser específica de una especie o cepa, susceptibilidad o falta de susceptibilidad a uno o más bacteriófagos y/o los polipéptidos de la invención pueden ser indicativos de la especie o cepa de bacterias infecciosas. Por ejemplo, la

disminución en el crecimiento de los cultivos de prueba después de ponerse en contacto con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1 o 781, o con un polipéptido aislado del mismo o derivado de ella, puede ser indicativo de que la muestra de prueba comprende *K. pneumoniae*. Similarmente, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2, o un producto polipeptídico aislado del mismo o derivado del mismo, puede usarse para identificar la infección por *A. baumannii*; un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 3, o un producto polipeptídico aislado del mismo o derivado del mismo, puede usarse para identificar la infección por *E. coli* mientras que el que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4, o un producto polipeptídico aislado del mismo o derivado del mismo, se puede usar para identificar la infección por *P. aeruginosa*, y el que tenga un genoma que comprenda o consista en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560 o 1074, o un producto polipeptídico aislado del mismo o derivado del mismo, se puede usar para identificar la infección por *S. aureus*

Adicionalmente, en algunas realizaciones, los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención se pueden usar en biosensores en el alcance de los diagnósticos. Como se usa en este documento, "biosensor" se refiere a un dispositivo analítico para la detección de un analito que combina un componente biológico con un componente detector fisicoquímico. En particular, las proteínas involucradas en el reconocimiento de receptores bacterianos pueden usarse en el desarrollo de biosensores de diagnóstico.

Un polipéptido descrito aquí que comprende o consiste en una proteína de la cola (por ejemplo, componente de la cola, proteína de la fibra de la cola, proteína de la cola asociada a la adsorción, proteína de medición de la cinta del largo de la cola, subunidad de porción de la placa base), o fragmento, variante, o un derivado del mismo, aislado de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o que consiste en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, SEQ ID NO: 1074 (por ejemplo, el bacteriófago F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 o F125/10 respectivamente), se pueden usar en aplicaciones de biosensores. Por ejemplo, una proteína de la cola del fago puede reconocer específicamente una o más especies y/o cepas bacterianas, y por lo tanto puede encontrar uso en el diagnóstico de biosensores. La detección de una determinada especie y/o cepa bacteriana, por uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención, puede indicar la especie o cepa de bacterias infecciosas.

El polipéptido descrito aquí usado en aplicaciones de biosensores es una proteína de cola aislada que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO : 30, SEQ ID NOs: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO : 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266. En otras realizaciones, el polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado de la SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32 -35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 18 5, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004, SEQ ID NOs: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266, en la que dicho fragmento, variante o derivado es capaz de reconocer específicamente una bacteria, por ejemplo, una especie específica y/o una o más cepas específicas de las bacterias. Dichos polipéptidos encuentran uso, por ejemplo, en biosensores para detectar bacterias específicas y/o diagnosticar ciertas infecciones, como se divulgó anteriormente.

En general, la proteína de la cola del fago para su uso en un biosensor detectará sus bacterias huésped, o una o más especies específicas y/o cepas específicas de las bacterias huésped. Por consiguiente, en ciertas realizaciones, la invención abarca una proteína de la cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 26, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30 o las SEQ ID NOs: 32-35, o una variante, fragmento o derivado del mismo, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *K. pneumoniae*. Dicha detección puede ser indicativa de una infección por *K. pneumoniae*. En ciertas realizaciones, la invención abarca una proteína de la cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 180, la SEQ ID NO: 183, la SEQ ID NO: 185, o la SEQ ID NO: 190, o una variante, fragmento o derivado de la misma, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *A. baumannii*. Tal detección puede ser indicativa de una infeccion por *A. baumannii*. En ciertas realizaciones, la invención abarca una proteína de la cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, l SEQ ID NO: 235, SEQ ID NOs: 239-245, SEQ ID NO: 248, la SEQ. ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NOs: 433-437, SEQ ID NOs: 489-495, o SEQ ID NO: 496, o una variante, fragmento o derivado del mismo, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *E. coli*. Esta detección puede ser indicativa de una infección por *E. coli*.

Se describe en este documento, una proteína de la cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, o SEQ ID NO: 551, o una variante, fragmento o derivado del mismo, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *P. aeruginosa*. Dicha detección puede ser indicativa de una infección por *P. aeruginosa*. También se describe en este documento, una proteína de la cola correspondiente a la secuencia

de aminoácidos de la SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, o SEQ ID NO: 1266, o una variante, fragmento o derivado del mismo, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *S. aureus*.Tal detección puede ser indicativa de una infeccion por *S. aureus*. También se describe en este documento, una proteína de la cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 789, SEQ ID NOs: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NOs: 999-1004. o SEQ ID NOs: 1053-1060, o una variante, fragmento o derivado del mismo, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *K. pneumoniae*. Dicha detección puede ser indicativa de a Infección por *K. pneumoniae*.

En algunas realizaciones, la invención abarca el uso de más de una proteína de la cola, por ejemplo, una combinación de dos o más de las proteínas de la cola proporcionadas anteriormente, en un biosensor para detectar más de una especie y/o cepa bacteriana. El biosensor también puede comprender proteínas adicionales y/u otros agentes para detectar bacterias iguales o diferentes.

6.7 Variantes de aminoácidos

Se pueden crear variantes de la secuencia de aminoácidos de los polipéptidos de la invención. En algunas realizaciones, pueden ser variantes de sustitución, inserción y/o eliminación. Las variantes de eliminación carecen de uno o más residuos de la proteína nativa que normalmente no son esenciales para la función (por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana). Los mutantes de inserción típicamente implican la adición de material en un punto no terminal en el polipéptido. Las variantes sustitutivas típicamente implican el intercambio de un aminoácido por otro en uno o más sitios dentro del polipéptido, y pueden diseñarse para modular una o más propiedades del polipéptido, como la estabilidad frente a la escisión proteolítica, preferiblemente sin la pérdida (o pérdida sustancial) de otras funciones o propiedades. Las sustituciones de este tipo son preferiblemente conservadoras, es decir, un aminoácido se reemplaza por uno de forma y carga similares. Las sustituciones conservadoras son bien conocidas en la técnica e incluyen, por ejemplo, los cambios de: alanina por serina; arginina por lisina; asparagina por glutamina o histidina; aspartato por glutamato; cisteína por serina; glutamina por la asparagina; glutamato por aspartato; glicina por prolina; histidina por asparagina o glutamina; isoleucina por leucina o valina; leucina por valina o isoleucina; lisina por arginina; metionina por leucina o isoleucina; fenilalanina por tirosina, leucina por metionina; serina por treonina; treonina por serina; triptófano por tirosina; tirosina por triptófano o fenilalanina; y valina por isoleucina o leucina.

Una vez que las áreas generales del gen se identifican como que codifican una actividad antibacteriana particular, por ejemplo, como una lisina como se describió en el presente documento, se puede emplear mutagénesis puntual para identificar con mayor particularidad qué residuos de aminoácidos son importantes en la actividad antibacteriana. Por lo tanto, un experto en la técnica podrá generar, por ejemplo, cambios de una sola base en la cadena de ADN para dar como resultado un codón alterado y/o una mutación de sentido erróneo que conserva la función deseada.

Preferiblemente, la mutación de los aminoácidos de una proteína crea una molécula de segunda generación equivalente o incluso mejorada. Por ejemplo, ciertos aminoácidos pueden ser sustituidos por otros aminoácidos en una estructura proteica sin pérdida de función detectable o sustancial (por ejemplo, actividad antibacteriana o antimicrobiana). Al realizar tales cambios, se puede considerar el índice hidropático de los aminoácidos. La importancia del índice de aminoácidos hidropáticos para conferir una función biológica interactiva a una proteína se entiende en general en la técnica. Se acepta que el carácter hidropático relativo del aminoácido contribuye a la estructura secundaria de la proteína resultante, que a su vez define la interacción de la proteína con otras moléculas, por ejemplo, la interacción con un peptidoglicano dentro de la capa externa de una bacteria Gram positiva. A cada aminoácido se le ha asignado un índice hidropático sobre la base de sus características de hidrofobicidad y carga; por ejemplo: isoleucina (+4,5); valina (+4,2); leucina (+3,8); fenilalanina (+2,8); cisteína/cistina (+2,5); metionina (+1,9); alanina (+1,8); glicina (-0,4); treonina (-0,7); serina (-0,8); triptófano (-0,9); tirosina (-1,3); prolina (-1,6); histidina (-3,2); glutamato (-3,5); glutamina (-3,5); aspartato (-3,5); asparagina (-3,5); lisina (-3,9); y arginina (-4,5). También se entiende en la técnica que la sustitución de aminoácidos similares se puede realizar de manera eficaz sobre la base de la hidrofilicidad. Al igual que la hidrofobicidad, se han asignado valores de hidrofilicidad a cada aminoácido: arginina (+3,0); lisina (+3,0); aspartato (+3,0 ± 1); glutamato (+3,0 ± 1); serina (+0,3); asparagina (+0,2); glutamina (+0,2); glicina (0); treonina (-0,4); prolina (-0,5 ± 1); alanina (-0,5); histidina (-0,5); cisteína (-1,0); metionina (-1,3); valina (-1,5); leucina (-1,8); isoleucina (-1,8); tirosina (-2,3); fenilalanina (-2,5) y triptófano (-3,4). Las moléculas equivalentes se pueden obtener mediante la sustitución de un aminoácido por otro donde sus índices hidropático y/o de hidrofilicidad están dentro de +2, preferiblemente ± 1, o más preferiblemente ± 5 entre sí.

Se describe en este documento, péptidos aislados que comprenden 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más modificaciones de aminoácidos (por ejemplo, inserción, sustitución, eliminación, etc.) en relación con una secuencia de aminoácidos divulgada en el presente documento. En realizaciones preferidas, la mutación o mtaciones se realizan de tal manera que la actividad biológica del polipéptido particular se retiene o se retiene sustancialmente. Por ejemplo, la presente invención abarca polipéptidos aislados del bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/068, F44/10 y/o F125/10, que están mutados para comprender 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más modificaciones de aminoácidos en relación con una secuencia de aminoácidos enumerada en el presente documento, y que muestran actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias Gram positivas o Grama negativas, por ejemplo, contra *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. Los polipéptidos descritos aquí derivados de F387/08 o F391/08 exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana, por ejemplo, actividad de destrucción lítica, contra al menos *K. pneumoniae*, aquellas derivadas de F394/08 contra al menos *A. baumannii*; aquellas derivados de

F488/08 contra al menos *E. coli*, los derivados de F510/08 contra al menos *P. aeruginosa*, y los derivados de F44/10 o F125/10 contra al menos.*S. aureus*

6.8 Polinucleótidos que codifican los polipéptidos de la invención

La invención proporciona polinucleótidos que comprenden una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de la invención. La invención también abarca polinucleótidos que se hibridan bajo condiciones de hibridación de alta rigurosidad, intermedia o de menor rigurosidad, por ejemplo, como se definió anteriormente, con polinucleótidos que codifican un polipéptido de la invención y que codifican polipéptidos modificados que tienen antibióticos y/u otra actividad biológica.

Los polinucleótidos pueden obtenerse, y la secuencia de nucleótidos de los polinucleótidos puede determinarse, por cualquier método conocido en la técnica. Por ejemplo, un polinucleótido que codifica un polipéptido de la invención puede generarse a partir de ácido nucleico a partir de una fuente adecuada (por ejemplo, el bacteriófago F37/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 y/o F125/10). Las secuencias de nucleótidos pueden aislarse de genomas de fagos mediante métodos de rutina conocidos en la técnica (véase, por ejemplo, Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," En, Kutter y Sulakvelidze (Editores) Bacteriophage: Biology and Applications, 5ta ed. CRC Press (2005)). Si una fuente que contiene un ácido nucleico que codifica un polipéptido particular no está disponible, pero la secuencia de aminoácidos del polipéptido de la invención es conocida, un ácido nucleico que codifica el polipéptido puede sintetizarse químicamente y clonarse en vectores de clonación replicables utilizando cualquier método bien conocido en el arte.

Una vez que se determina la secuencia de nucleótidos del polipéptido de la invención, la secuencia de nucleótidos del polipéptido puede manipularse usando métodos bien conocidos en la técnica para la manipulación de secuencias de nucleótidos, por ejemplo, técnicas de ADN recombinante, mutagénesis dirigida al sitio, PCR, etc. (véanse, por ejemplo, las técnicas descritas en Sambrook et al., 1990, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2d Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY y Ausubel et al., eds., 1998, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, NY), para generar polipéptidos que tienen diferente secuencia de aminoácidos, por ejemplo, para crear sustituciones, eliminaciones y/o inserciones de aminoácidos.

En algunas realizaciones, se proporciona una secuencia de nucleótidos que codifica uno o más ORF de las Figuras 2, 4, 6, 8, 10, 12 y 14. En algunas realizaciones, se proporciona una secuencia de nucleótidos que codifica una variante, fragmento o derivado de uno o más ORF de las Figuras 2, 4, 6, 8, 10, 12 y 14, en la que la variante, fragmento o derivado exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad de destrucción lítica) contra una o más cepas de *K. pneumoniae*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 781; y/o una contra o mas cepas de *A. baumannii*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2; y/o contra una o más cepas de *E. coli*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 3; contra una o más cepas de *P. aeruginosa*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4; y/o contra una o más cepas de *S. aureus*, por ejemplo, contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560 o SEQ ID NO: 1074.

6.9 Expresión recombinante de moléculas de la invención

Una vez que se ha obtenido una secuencia de ácido nucleico que codifica una molécula de la invención (por ejemplo, un polipéptido), el vector para la producción de las moléculas puede producirse mediante tecnología de ADN recombinante usando técnicas bien conocidas en el arte. Los métodos que son bien conocidos por los expertos en la técnica pueden usarse para construir vectores de expresión que contienen las secuencias codificantes para las moléculas de la invención y señales de control de transcripción y traducción apropiadas. Estos métodos incluyen, por ejemplo, técnicas de ADN recombinante *in vitro*, técnicas sintéticas y recombinación genética *in vivo*. (Véase, por ejemplo, las técnicas descritas en Sambrook et al., 1990, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2d Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY y Ausubel et al., Eds., 1998, Current Procols en Molecular Biology, John Wiley & Sons, NY).

La presente invención proporciona vectores de expresión que codifican los polipéptidos de la invención. Un vector de expresión que comprende la secuencia de nucleótidos de una molécula identificada por los métodos de la invención puede transferirse a una célula huésped mediante técnicas convencionales (por ejemplo, electroporación, transfección liposomal y precipitación con fosfato de calcio) y las células transfectadas se cultivan luego mediante técnicas convencionales para producir las moléculas de la invención. En realizaciones preferidas, la célula huésped es distinta de la especie de las bacterias progenitoras a partir de las que se derivó el bacteriófago que comprende la secuencia. En realizaciones específicas, la expresión de las moléculas de la invención está regulada por un promotor específico constitutivo, inducible o tisular. En realizaciones específicas, el vector de expresión es pQE-30 (Qiagen) o pET-29 (a) (Novagen).

Las células huésped utilizadas para expresar las moléculas identificadas por los métodos de la invención pueden ser células bacterianas (preferiblemente no susceptibles a la proteína del bacteriófago o variante, derivado o fragmento

de la misma de la invención). Se puede utilizar una variedad de sistemas de vectores de expresión del huésped para expresar las moléculas identificadas por los métodos de la invención. Dichos sistemas de expresión del huésped representan vehículos mediante los cuales las secuencias codificantes de las moléculas de la invención pueden producirse y posteriormente purificarse, pero también representan células que, cuando se transforman o transfectan con las secuencias codificantes de nucleótidos apropiadas, expresan las moléculas de la invención *in situ*. Estos incluyen, pero no se limitan a, microorganismos tales como bacterias que no son susceptibles a la proteína o variante, derivado o fragmento del bacteriófago de la invención (por ejemplo, *B. subtilis*) transformados con ADN de bacteriófago recombinante, ADN de plásmido o vectores de expresión de ADN de cósmido que contienen secuencias de codificación para las moléculas identificadas por los métodos de la invención; levadura (por ejemplo, *Saccharomyces pichia*) transformada con vectores de expresión de levadura recombinantes que contienen secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; sistemas de células de insecto infectados con vectores de expresión de virus recombinantes (por ejemplo, baculovirus) que contienen las secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; sistemas de células vegetales infectados con vectores de expresión de virus recombinantes (por ejemplo, virus del mosaico de la coliflor (CaMV) y virus del mosaico del tabaco (TMV) o transformados con vectores de expresión de plásmidos recombinantes (por ejemplo, plásmido Ti) que contienen secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención o sistemas células de mamíferos (por ejemplo, células COS, CHO, BHK, 293, 293T, 3T3, células linfáticas (véase el documento U.S.5.807.715), células Per C.6 (células retinianas humanas desarrolladas por Crucell) que albergan constructos de expresión recombinante que contienen promotores derivado del genoma de células de mamíferos (por ejemplo, promotor de metalotioneína) o de virus de mamíferos (por ejemplo, el promotor tardío de adenovirus; el promotor de 7,5 K del virus vacuna) que contiene secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención.

En sistemas bacterianos no susceptibles a la proteína de bacteriófago, o variante, derivado o fragmento de la misma de la invención, pueden seleccionarse ventajosamente varios vectores de expresión dependiendo del uso pretendido para la molécula que se está expresando. Por ejemplo, cuando se debe producir una gran cantidad de dicha proteína, para la generación de composiciones farmacéuticas de un polipéptido, pueden ser deseables vectores que dirigen la expresión de altos niveles de productos de proteínas de fusión que se purifican fácilmente. Tales vectores incluyen, pero no están limitados, al vector de expresión de *E. coli* pUR278 (Ruther et al., 1983, EMBO J. 2: 1791), en el que la secuencia de la proteína se puede ligar individualmente en el vector en marco con la región de codificación dellacZ para que se produzca una proteína de fusión; vectores pIN (Inouye e Inouye, 1985, Nucleic Acids Res. 13: 3101-3109; Van Heeke & Schuster, 1989, J. Biol. Chem. 24: 5503-5509) y similares. Los vectores pGEX también pueden usarse para expresar polipéptidos faráneos como proteínas de fusión con glutatión S-transferasa (GST). En general, tales proteínas de fusión son solubles y pueden purificarse fácilmente a partir de células lisadas mediante adsorción y unión a una matriz de perlas de glutatión-agarosa, seguido de la elución en presencia de glutationa libre. Los vectores pGEX están diseñados para incluir sitios de escisión de proteasa de trombina o el factor Xa de modo que el producto génico objetivo clonado pueda liberarse de la fracción GST.

En un sistema de insectos, el virus de la polihedrosis nuclear *Autographa californica* (AcNPV) se utiliza como un vector para expresar genes foráneos. El virus crece preferiblemente en células de *Spodoptera frugiperda*. La secuencia codificante del polipéptido puede clonarse individualmente en regiones no esenciales (por ejemplo, el gen de la polihedrina) del virus y colocarse bajo el control de un promotor de AcNPV (por ejemplo, el promotor de la polihedrina).

Una vez que una molécula de la invención (es decir, polipéptidos) se ha expresado de forma recombinante, se puede purificar mediante cualquier método conocido en la técnica para la purificación de polipéptidos, por ejemplo, mediante cromatografía (por ejemplo, cromatografía de intercambio iónico, afinidad y exclusión por tamaño), centrifugación, solubilidad diferencial o mediante cualquier otra técnica estándar para la purificación de polipéptidos o anticuerpos.

A los expertos en la técnica se les ocurrirán ciertos modificaciones y mejoras tras la lectura de la descripción anterior.

7. Ejemplos

A menos que se indique lo contrario, los bacteriófagos de la invención se aislaron, procesaron y analizaron de acuerdo con los siguientes métodos.

7.1.1 Purificación del fágo

Las preparaciones de reserva de bacteriófagos aislados de muestras clínicas se prepararon de acuerdo con los protocolos descritos en Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," En, Kutter y Sulakvelidze (Eds) Bacteriophage: Biology and Applications, 5ª ed. Press CRC (2005).

Las preparaciones de reserva de bacteriófagos se concentraron por precipitación con PEG de acuerdo con el protocolo descrito en Carlson y Yamamoto et al., 2004, PNAS 101: 6415-6420. Brevemente, la preparación de reserva se incubó en NaCl 1 M durante una hora a 4ºC con agitación. A continuación, se añadió gradualmente PEG 8000 (AppliChem, Cheshire, MA) hasta una concentración final del 10% (p/v). La composición se incubó luego durante la noche a 4ºC. Después del período de incubación, la composición se centrifugó a 10.000 x g durante 30 minutos a 4ºC. El sedimento se resuspendió luego en regulador SM (Tris-HCl 0,05 M a pH 7,4, NaCl 0,1 M, $MgSO_4$ 10 mM) con gelatina al 1% p/v

y se centrifugó nuevamente a 1.000 rpm a 4°C durante 10 minutos. El sobrenadante que contenía el fago suspendido se guardó para purificación adicional. El sobrenadante se purificó utilizando un gradiente de CsCl de acuerdo con los métodos de Carlson.

Se eliminó el CsCl de la reserva de fagos purificada y concentrada mediante diálisis. Se preparó una membrana de diálisis, una membrana tubular de celulosa regenerada de alto grado Cellu.Sep H1 (Cellu.Sep, River Street, EE.UU.), de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La diálisis implicó una primera incubación de 30 minutos en Tris-HCl 100 mM y NaCl 3 M (pH 7,4) a 4°C. Esto fue seguido por una segunda incubación de 30 minutos en Tris-HCl 100 mM y NaCl 0,3 M (pH 7,4) a 4°C. Después de la diálisis, el fago suspendido se retiró del interior de la bolsa de diálisis y se almacenó a 4°C.

7.1.2 Extracción del ADN del fago

A 5 mL de las muestras de bacteriófagos purificados y concentrados se les añadió EDTA 20 mM a pH 8,0, SDS al 0,5% (p/v) y proteinasa K a una concentración final de 40 µg/mL. La mezcla se incubó a 56ºC durante una hora. Se realizaron extracciones sucesivas en fenol:cloroformo:alcohol en proporciones de 25:24:1 hasta que la interfaz entre las fases acuosa y orgánica fue clara. La fase acuosa se trató luego con un volumen igual de cloroformo y se centrifugó a 13.000 x g durante 10 minutos a 4°C. La fase acuosa se eliminó una vez más y el ADN se precipitó agregando dos volúmenes de etanol absoluto e incubando durante treinta minutos a 20°C. Las muestras se centrifugaron a 11.000 x g durante 30 minutos a 4°C. El sedimento se lavó con etanol al 70% a temperatura ambiente y se resuspendió en 50 µL de agua ultra pura (Gibco, California). La concentración de ADN se determinó midiendo la absorbancia a 260 nm en un espectrofotómetro ND-1000. La integridad del ADN del fago aislado se analizó mediante electroforesis en un gel de agarosa al 1%.

7.1.3 Análisis de genomas de fago

La secuenciación del genoma del bacteriófago permitió la identificación de posibles marcos de lectura abiertos (ORF) dentro del genoma. Los ORF putativos del bacteriófago se utilizaron para buscar en la base de datos de colección de nucleótidos del NCBI las secuencias de ADN homólogas utilizando el programa BLASTN (véase, por ejemplo, Zhang et al., 2000, J. Comput. Biol. 7: 203-214).

7.2 Ejemplo 1: Bacteriófago F391/08

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F391/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que solo pequeñas porciones del genoma (≤ 11% de cobertura del genoma) exhibían una homología con secuencias conocidas. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F391/08 en la Figura 1. Los ORF de F391/08, sus secuencias codificadas de aminoácidos y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 2. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. Res Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Los dominios de proteína conservada se predijeron utilizando el BLAST especializado de NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma proteína o proteínas se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la Figura 2. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (ARNt) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

La Tabla 1 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F391/08 contra 100 cepas de *Klebsiella* sp. (86 cepas de *K. pneumoniae*; 12 cepas de K. *oxytoca*; y 2 cepas de *Klebsiella* sp.) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) hasta claros (++++). Las manchas que se originan en placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 1

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al fago (%) de cepas de *Klebsiella* sp. (n = 100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F391/08	$2{,}72 \times 10^{10}$	3	26	8	11	0	52	48
	$2{,}72 \times 10^{8}$	1	5	6	1	0	87	13

	$2,72 \times 10^6$	0	1	3	1	1	94	6
	$2,72 \times 10^4$	0	0	0	0	3	97	3

7.3 Ejemplo 2: Bacteriófago F394/08

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F394/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI no reveló homologías significativas con secuencias conocidas, diferentes de las observadas para pequeñas porciones del genoma (≤ 1% de cobertura del genoma). Se proporciona una organización esquemática del genoma de F394/08 en la Figura 3. Los ORF de F394/08, sus secuencias codificadas de aminoácidos y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 4. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes de NCBI. Los dominios de proteína conservada se predijeron utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma proteína o proteínas se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la Figura 4. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (ARNt) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

La Tabla 2 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F394/08 contra 100 cepas de *Acinetobacter* sp. cepas (93 cepas *A. baumannii*; 6 cepas de *A. calcoaceticus*; y 1 cepa de *A. Iwoffi*) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). Las manchas que se originan en placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 2

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al Fago (%) de cepas *Acinetobacter* sp. (n = 100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F394/08	$2,2 \times 10^9$	67	3	1	0	0	29	71
	$2,2 \times 10^8$	66	1	2	1	0	30	70
	$2,2 \times 10^6$	9	38	8	0	0	45	55
	$2,2 \times 10^4$	0	7	1	0	32	60	40

7.4 Ejemplo 3: Bacteriófago F488/08

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F488/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que aproximadamente el 94% del ADN del fago F488/08 es altamente similar al del fago RB14 de Enterobacterias, con identidades de ORF individuales que varían de 70 a 100%. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F488/08 en la Figura 5. Los ORF de F488/08, sus secuencias codificadas de aminoácidos y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 6. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Los dominios de proteína conservada se predijeron utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma proteína o proteínas se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la Figura 4. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (ARNt) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. y otros, 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

La Tabla 3 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F488/08 contra cepas 100 de *Escherichia coli* (ECO) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado por cromatografía de intercambio iónico. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). Las manchas que se originan en placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 3

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al Fago (%) de cepas de ECO (n = 100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F488/08	1×10^{10}	0	60	1	2	0	37	63
	1×10^{8}	0	42	15	0	0	43	57
	1×10^{6}	0	8	10	7	0	75	25
	1×10^{4}	0	0	0	0	10	90	10

7.5 Ejemplo 4: Bacteriófago F510/08

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F510/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que aproximadamente el 95% del ADN del fago F510/08 es altamente similar al del fago de LUZ19 de Pseudomonas, con identidades de ORF individuales que varían de 89 a 97%. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F510/08 en la Figura 7. Los ORF de F510/08, sus secuencias codificadas de aminoácidos y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 8. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Los dominios de proteína conservada se predijeron utilizando el BLAST especializado en NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma proteína o proteínas se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la Figura 8. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (ARNt) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. y otros, 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

La Tabla 4 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F510/08 contra 100 cepas de *Pseudomonas aeruginosa* (PSA) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). Las manchas que se originan en placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 4

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al Fago (%) de cepas de PSA (n = 100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F510/08	$5{,}7 \times 10^{10}$	35	18	4	10	3	30	70
	$5{,}7 \times 10^{8}$	18	25	6	9	4	38	62
	$5{,}7 \times 10^{6}$	13	14	4	2	4	63	37
	$5{,}7 \times 10^{4}$	10	12	0	1	10	67	33

7.6 Ejemplo 5: Bacteriófago F44/10

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F44/10 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que aproximadamente el 81% del ADN del fago F44/10 es altamente similar al del fago K de Staphylococcus, con identidades de ORF individuales que varían de 80 a 99%. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F44/10 en la Figura 9. Los ORF de F44/10, sus secuencias codificadas de aminoácidos y proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 10. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Los dominios de proteína conservada se predijeron utilizando el BLAST especializado de NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma proteína o proteínas se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la Figura 10. Como se informó anteriormente para el fago K de *Staphylococcus*, el gen putativo de polimerasa (orf114a, orf114b) puede contener una secuencia similar a un intrón. (O'Flaherty et al., 2004). La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (ARNt) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. y otros, 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

La Tabla 5 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F44/10 contra cepas 100 cepas de *Staphylococcus aureus* (STA) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). Las manchas que se originan en placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 5

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al Fago (%) de cepas de STA (n = 100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F44110	$2{,}25 \times 10^{11}$	53	35	10	1	1	0	100
	$2{,}25 \times 10^{10}$	35	52	10	2	1	0	100
	$2{,}25 \times 10^{8}$	19	51	5	5	1	19	81
	$2{,}25 \times 10^{6}$	5	22	0	0	34	39	61
	$2{,}25 \times 10^{4}$	0	0	0	0	42	58	42

7.7 Ejemplo 6: Bacteriófago F387/08

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F387/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI no reveló homologías significativas con secuencias conocidas distintas de porciones pequeñas del genoma (≤ 12% de cobertura del genoma). Se proporciona una organización esquemática del genoma de F387/08 en la Figura 11. Los *orfs* funcionalmente asignados se indican a la derecha y en las Figs. 11B-C. Se realizaron búsquedas de homología de ADN con el programa BLASTN (Zhang, Z. et al., 2000. J. Comput. Biol., 7: 203-214), utilizando la base de datos de colección de nucleótidos del NCBI.

Los ORF de F387/08, sus secuencias codificadas de aminoácidos y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 12. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. Res Res. ., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Los dominios de proteína conservados se predijeron utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240).

La Tabla 6 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F387/08 contra 100 cepas de *Klebsiella* sp. (86 cepas de *K. pneumoniae* strains; 12 cepas de *K. oxytoca*; y 2 cepas de *Klebsiella* sp.) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de

suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). Las manchas que se originan en placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 6

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al Fago (%) de cepas de KLE (n = 100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F387/08	1,0 x 10^{10}	1	38	20	9	0	32	68
	1,0 x 10^{8}	0	10	14	9	0	67	33
	1,0 x 10^{6}	0	2	2	0	1	95	5
	1,0 x 10^{4}	0	0	0	1	2	97	3

7.8 Ejemplo 7: Bacteriófago F125/10

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F125/10 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que aproximadamente el 87% del ADN del fago F125/10 es altamente similar al del fago A5W de Staphylococcus, con identidades de ORF individuales que varían de 77 a 99%. Se proporciona una organización esquemática del genoma de F125/10 en la Figura 13. Los ORF de F125/10, sus secuencias codificadas de aminoácidos y proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 14. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se realizaron con el programa BLASTP (Altschul, S. F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Los dominios de proteína conservada se predijeron utilizando el BLAST especializado en NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma proteína o proteínas se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la Figura 14. Como se informó anteriormente para el fago K de *Staphylococcus* (O'Flaherty et al., 2004, J. of Bacteriology 186 (9): 2862-2871), y el fago Twort (Landthaler et al., 2002, Nucleic Acids Research 30 (9): 1935-1943), se encontraron intrones que interrumpían los genes implicados en el metabolismo del ADN; y el gen de la subunidad larga de la terminasa putativa (orf153a, orf153b) pueden contener una secuencia similar al intrón (orf154*).

La Tabla 7 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de manchas que evaluaron el rango del huésped y la actividad del bacteriófago F125/10 contra 98 cepas de *Staphylococcus aureus* (STA) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µL de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). Las diluciones de fagos que se originan a partir de placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por fagos se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 7

Fago	Título (pfu/mL)	Sensibilidad al Fago (%) de cepas de STA (n = 198)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F125/10	8,30 x 10^{9}	49	27	12	10	0	0	100
	8,30 x 10^{8}	21	38	21	16	0	2	98
	8,30 x 10^{6}	4	29	27	15	0	23	77
	8,30 x 10^{4}	0	9	20	10	22	37	62

REIVINDICACIONES

1. Un bacteriófago aislado designado como F44/10 que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 560.

2. Una composición farmacéutica que comprende el bacteriófago de la reivindicación 1 y un vehículo farmacéuticamente aceptable.

3. La composición farmacéutica de la reivindicación 2, que comprende además una o más cepas adicionales de un bacteriófago efectivo contra *Staphylococcus aureus* o una o más cepas adicionales de bacteriófagos efectivas contra bacterias distintas de *Staphylococcus aureus*.

4. Una cantidad terapéuticamente eficaz de la composición farmacéutica de cualquiera de las reivindicaciones 2-3 para uso en el tratamiento o prevención de una infección bacteriana en un sujeto que la necesite;

en la que dicha infección bacteriana es una infección por *Staphylococcus aureus*,

en la que la infección es una infección nosocomial, preferiblemente una neumonía nosocomial; o

en la que la infección es una infección del tracto respiratorio; y/o

en la que el sujeto es un mamífero, preferiblemente un humano.

5. Un método para diagnosticar el agente causante de una infección bacteriana que comprende:

(i) cultivar una muestra de tejido de un paciente;

(ii) poner en contacto el cultivo de la etapa (i) con el bacteriófago de la reivindicación 1, y

(iii) controlar la evidencia de crecimiento o lisis del cultivo

en el que la evidencia de lisis del cultivo indica que el cultivo comprende una especie o cepa de bacterias que se sabe que son susceptibles al bacteriófago o polipéptido usado en la etapa (ii);

preferiblemente, en la que la muestra de tejido es una muestra de sangre, orina, esputo, biopsia de tejido o hisopo recolectado de dicho paciente.

6. Un método *in vitro* para reducir o inhibir la colonización o el crecimiento de *Staphylococcus aureus* en una superficie sólida que comprende poner en contacto dicha superficie con el bacteriófago de la reivindicación 1,

preferiblemente en el que dicha superficie es la superficie de un aparato hospitalario o una pieza de equipo hospitalario, preferiblemente un aparato quirúrgico o pieza de equipo quirúrgico.

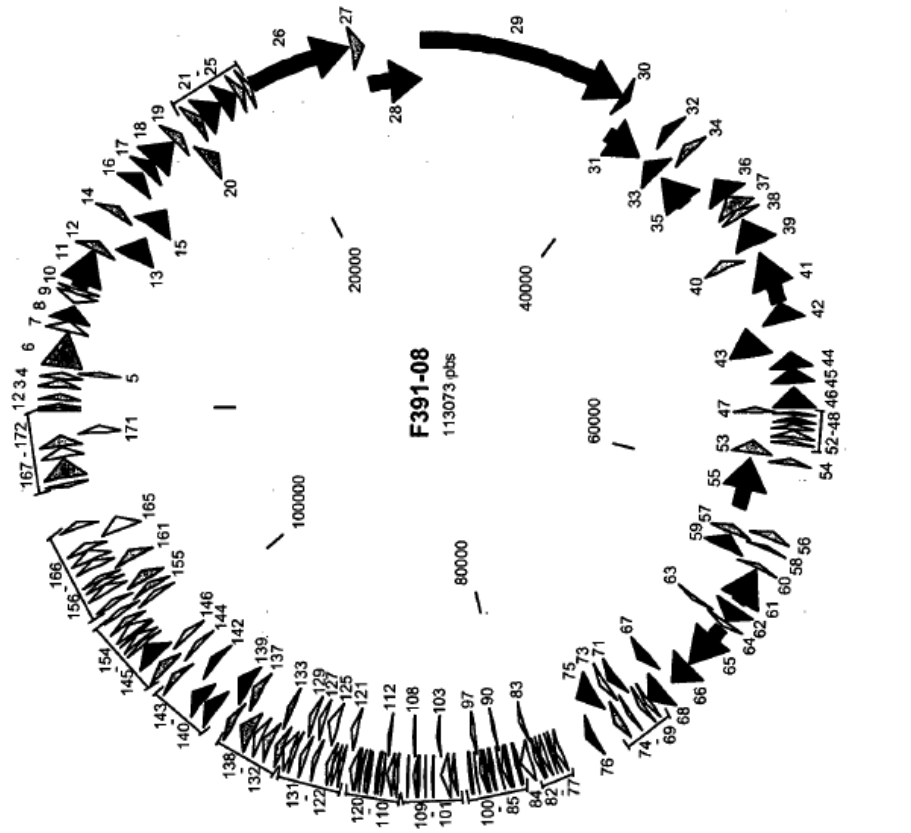
7. El bacteriófago de la reivindicación 1, para uso en la reducción o inhibición de una infección asociada con la colonización o crecimiento de *Staphylococcus aureus* en una membrana mucosa en contacto con la misma;

preferiblemente en la que dicha membrana mucosa es la piel o una membrana mucosa de un mamífero, o la piel o una membrana mucosa de un ser humano.

8. Una cantidad terapéuticamente eficaz de la composición farmacéutica de cualquiera de las reivindicaciones 2-3, para uso de acuerdo con la reivindicación 4, caracterizada porque la composición se administra por inhalación o por vía nasal,

preferiblemente como un inhalador de polvo seco o un atomizador en aerosol, y/o preferiblemente suministrados desde una bomba, pulverizador, nebulizador, inhalador o insuflador presurizados.

9. El bacteriófago de la reivindicación 1, para uso de acuerdo con la reivindicación 7, en el que dicha membrana mucosa es una membrana mucosa del tracto respiratorio superior o inferior.



orf	Función putativa
8	desoxinucleósido-5-monofosfatasa
11	receptor de la proteína de la cola de unión
13	subunidad grande de terminasa
15	Portal-Proteína
16	proteína de virión similar a Ig
17	proteasa de procabeza
18	precursor de proteína de cabeza mayor
22	proteína de cola mayor
23	proteína de cola menor
26	proteína de punta de cola formadora de poros
28	proteína de cola
29	proteína de cola
30	proteína de cola menor
31	proteína de la cola del fago
32	deoxiUTP pirofosfatasa
33	solapa de endonucleasa
35	replicación, recombinación y reparación de ADN
36	replicación, recombinación y reparación de ADN
39	helicasa dependiente de ATP
41	ADN polimerasa
42	primasa de replicación de ADN
43	helicasa de ADN replicativa
44	factor de transcripción
45	ADN ligasa dependiente de NAD, subunidad B
46	ADN ligasa dependiente de NAD, subunidad A
49	coactivador transcripcional
55	proteína de unión del origen replicativo/ helicasa
59	proteína similar a Sr2
61	trifosfato ribonucleósido reductasa anaeróbica
62	ATPasa inducible por inanición de fosfato
65	ribonucleósido difosfato reductasa aeróbica, subunidad grande
66	ribonucleósido difosfato reductasa aeróbica, subunidad pequeña
67	deshidrofolato reductasa
68	timidilato sintasa
71	ribonucleasa H
75	metalopeptidasa
76	hidrolasa de pared celular
79	ARNt1-Arg
81	ARNt2-Met
85	ARNt3-Gln
86	ARNt4-Glu
87	ARNt5-Ala
88	ARNt6-Leu
90	ARNt7-Ser
91	ARNt8-Ser
92	ARNt9-His

Fig. 1A

Fig. 1B

orf	Función putativa
93	ARNt10-Arg
94	ARNt11-Gln
95	ARNt12-Met
98	ARNt13-Ile
99	ARNt14-Met
100	ARNt15-Val
104	ARNt16-Asp
105	ARNt17-Asn
106	ARNt18-Cys
108	ARNt19-Lys
109	ARNt20-Phe
113	ARNt21-Leu
114	ARNt22-Pro
115	ARNt23-Thr
116	ARNt24-Gly
119	ARNt25-Trp
139	deoxinucleósido-5'-monofosfato quinasa
140	Clp proteasa dependiente de ATP
141	holina
142	lisozima
144	tiorredoxina
147	proteína serina/treonina fosfatasa

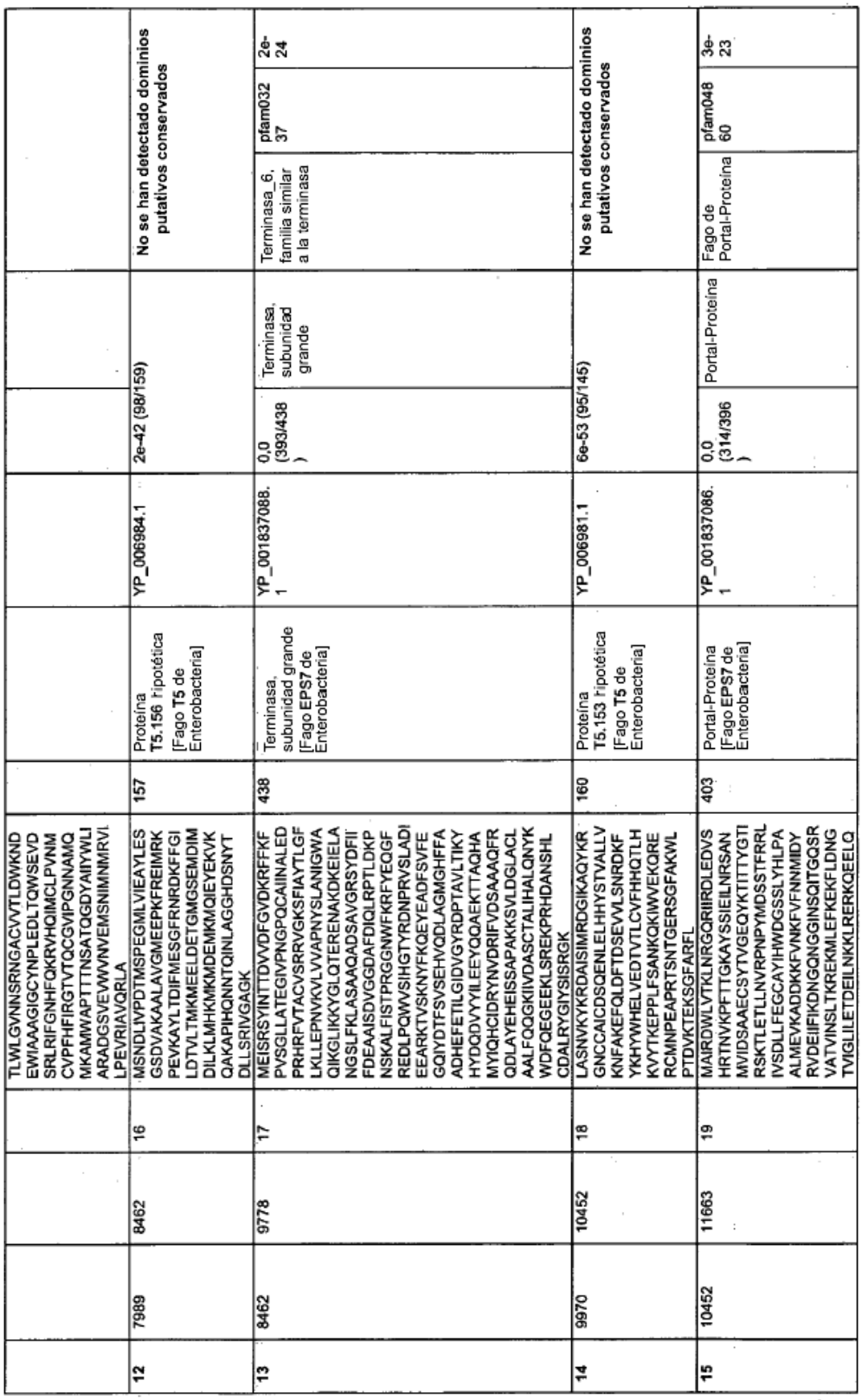
Tabla 1 – Características de los productos del gen fago F391/08 y asignación funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1	52	240	5	MKRFVISSKPAAKLNKMASSELVK MQRDMARRYRSYQRGGQQGLPMI WDNMMRYLKSLQNNV	62	Proteína T5.008 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006836.1	4e-04 (23/54)		No se han detectado dominios putativos conservados		
2	408	668	6	MQNVKTPMIGDSVFIPFVTGDVSKP GENEKIGYIKGAAMIPFDKINAVYAE TEKAKNSDAKIYSVRVDSGDVVKVI RKDDKWLAVA	86	Proteína AGC_0006 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836929.1	8e-18 (53/87)		No se han detectado dominios putativos conservados		
3	1007	1411	7	MTATKTEKFAWNETNAATAVEMYE KIIASDGLEVANSQGLIDIAKAVGAE SHVKVRSKLVSAKVYQKSDKPRKV GGGSSLRKAHYVRVLTQHAIADGLI DDADGLASLEQMKLDQLDVIARMV GVQDEVKESAE	134	A2 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006834.1	8e-44 (88/133)		No se han detectado dominios putativos conservados		
4	1479	1748	8	MALIKGSVIKLTGTVVDELIQTGYQD NKVMTPPSVKVPEYIVLWVNPDAD TFGMAINREVFKPEMLELSSREIYLL NYAFSVEEKEVVK	89	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
5	1745	1972	9	MIFFPTESLILIAGFFAAACLYGYYN FMEIGSEQTDLLRRDFWFKKASICR RWSIIFIILAVTFGISASIIPAIV	75	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2056	3732	10	MIIAIEKQKAILTAANNLNFWGKRLR AKKLEICDELSKEHYGTAKHSSEIC DWLDSNKPVKPAAEKRAQRVAVE DSRPVAAGQLNSSVESWKVIPGRR FLLTSIQNNTFPHANFWKTLQEAAK YLGATLLVSKYAYNKKGFQNGQGN DELKYDDAFSDFICDENVFLGNRET GFAFMAEINILPTADFPLSGFGETAT AYGLKGLAIGHAKITAESVPAMKGD TVRRMYSTGTATLKNYIQQKAGQK AEALHNYGALLVEIDDNGNFFARQI ETMDESGMFYDLNHKFTVNGGEE VTGHVAALQYGDIHAEKLDHAVAFA SWGPCDDSLVNVLRPRYQIVHDVH DFTSRNHHNRASGVFLAKQYAAGR DKVIDDLIDTGRVLEAMEREFSQTVI VESNHDLALSRWLDDSKANIQQDP ANAHLYYRLNAAIYEAIENKDDTFN VLDYALRNVAGCDFAAIFLTTDESM KIAGIECGSHGHNGINGARGNPKG FRKLGKMNTGHTHTPSIYGGVYTA GVAGSLDMGYNIGASSWSQTHLIT	558	A1 [Enterobacteria phage T5]	YP_006832.1	0,0 (402/559)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig 2A

7	3801	4253	11	YENGQRTLIDFKDGVFFA MKLTFIYNNRKSFTASNVVENSLVIS RDSEGRPHVSYQKVNTVDGDTVLK ALAAILPRPAEFKESGIVSQLVAADS ILYEADICEIVEIDAAAAGLMFIVVSE NDYDDTYLLGDVMDYSSSEYTPPL AIVPVMATRIKPAELADALTLFF	150	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
8	4327	5043	12	MAFNKLAIKAIKLWDLDGTVINSFAR VFPCMDDKGNLDLNMYREKACVH DAIMTDTLLPLVEYMRASLNDPTVL NIIVTARYMGKSDYYFLRKQRIRAG RGGNIQILSRDVLHRYIGDADYKEV YYSKDGIYKTHYFEMLKAEYPNATI TMIDDNRGVLAAAAAAGLQTMDAT AINDILSIGVRLAGESFIDEALDDDN DYQYLCERLAHCWEGMTEEERSD YGIIKPQQFIQSLAIAS	238	Desoxinucleósido -5'-monofosfatasa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006829.1	2e-81 (142/231)	Desoxi-nucleósido -5'-mono-fosfatasa		No se han detectado dominios putativos conservados
9	5660	5199	13	MTIVLIFTTFFFLAAVWFGVRAHDLR NAVVAADLRNKSLHQEILQTRAER QVAISKHQRVMNDLRNDPSNPYYI PPVTPQVAKRKQKRAGSDNSRKVS GSPSSNSGSSRSDDGSTAAIIATTA AVATYSGYDSGSSYCDSGSSSSSF DSGCSF	153	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
10	5888	5664	14	MEVVIGALVLLSIVLFVITVKQGKAIK QLERTNGVLQKSYDNQTRLLHKAQ LNLSECKAELESANKIYITKGMV	74	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
11	6002	7978	15	MGFYAGRIGDKKVLSLTSGNNKDV NNHTNPGWDTIIFHSDMPHVVVLET HERDLWDGGDWYRCTRMPDRIIQ VLSADYDRVVLTEVEFEDGTRRFIY GTSLGVGAKAYNAYFSNTVGSQAS AGTMASMKTNVCASADLHMDISFY FEETPGTINEKLRDGTGCMYTWGV NSEWGDRGPGPPVGAPIRPNFETII KAGWVLYRGAFSGNIAGSVSPPNR PLTIGVDAMRHPWMRTTGVNSICL RGETLNRNMYGHMGPRYGQSSNP VGGPYAHNIQTESYQEVQYKAGFF RGPPNNFMGWENTDNNNAGSGW GNNAIYRDNNFRVPKRVRWYITNM KYNGQGFYAENVFGSRNQEIKISP REFIVNGINLMNTGWKFINQNDINY SPGNRPDIRVIATNVARFSGNPTVG NNGYVHFNQPLTRPDNGAEFGQG NVSEMHVTTVGVYNFRSDAQWYV KSNPPEIGNQWGPVWSESTRPLRL VGGTGSADIGGNLRTSGNASHHLA	658	Receptor de la proteína Pb5 de la cola de unión [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006985.1	1e-127 (269/674)	receptor de la proteína de la cola de unión		No se han detectado dominios putativos conservados

Fig 2B



				TLWLGVNNSRNGACVVTLDWKND EWIAAAGIGCYNPLEDLTQWSEVD SRLRIFGNHFQKRVHQIMCLPVNM CVPFHFIRGTVTQCGVIPGNNAMQ MKAMWAPTTTNSATQGDYAIIYWLI ARADGSVEVWVNVEMSNIMNMRVI LPEVRIAVQRLA	157	Proteína **T5.156** hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006984.1	2e-42 (98/159)			No se han detectado dominios putativos conservados				
12	7989	8462	16													
				MSNDLIVPDTMSPEGMLVIEAYLES GSDVAKAALAVGMEEPKFREIMRK PEVKAYLTDIFMESGFRNRDKFFGI LDTVLTMKMEELDETGMGSEMDIM DILKLMHKMKMDEMMKMQIEYEKVK QAKAPIHQNNTQINLAGGHDSNYT DLLSRIVGAGK	438	Terminasa, subunidad grande [Fago **EPS7** de Enterobacteria]	YP_001837088.1	0,0 (393/438)	Terminasa, subunidad grande	Terminasa_6, familia similar a la terminasa	pfam03237	2e-24		
13	8462	9778	17													
				MEISRSYINTTDVVDFGVDKRFFKF PVSGLLATEGIVPNGPQCAIINALED PRHRFVTACVSRRVGKSFIAYTLGF LKLLEPNVKVLVVAPNYSLANIGWA QIKGLIKKYGLQTERENAKDKEIELA NGSLFKLASAAQADSAVGRSYDFII FDEAAISDVGGDAFDIQLRPTLDKP NSKALFISTPRGGNWFKRFYEQGF REDLPQWVSIHGTYRDNPRVSLADI EEARKTVSKNYFKQEYEADFSVFE GQIYDTFSVSEHVQDLAGMGHFFA ADHEFETILGIDVGYRDPTAVLTIKY HYDQDVYYILEEYQQAEKTTAQHA MYIQHCIDRYNVDRIFVDSAAAQFR QDLAYEHEISSAPAKKSVLDGLACL AALFQQGKIIVDASCTALIHALQNYK WDFQEGEEKLSREKPRHDANSHL CDALRYGIYSISRGK	160	Proteína **T5.153** hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006981.1	6e-53 (95/145)			No se han detectado dominios putativos conservados				
14	9970	10452	18													
				LASNVKYRDAISIMRDGIKAQYKR GNCCAICDSQENLELHHYSTVALLV KNFAKEFQLDFTDSEVVLSNRDKF YKHYWHELVEDTVTLCVFHHQTLH KVYTKEPPLFSANKQKIWVEKQRE RCMNPEAPRTSNTGERSGFAKWL PTDVKTEKSGFARFL	403	Portal-Proteína [Fago **EPS7** de Enterobacteria]	YP_001837086.1	0,0 (314/396)	Portal-Proteína	Fago de Portal-Proteína	pfam04860	3e-23		
15	10452	11663	19													
				MAIRDWLVTKLNRGQRIIRDLEDVS HRTNVKPFTTGKAYSSIEILNRSAN MVIDSAAECSYTVGEQYKTITTYGTI RSKTLETLLNVRPNPYMDSSTFRRL IVSDLLFEGCAYIHWDGSSLYHLPA ALMEVKADDKKFVNKFVFNNMIDY RVDEIIFIKDNGQNIGGINSQITGQSR VATVINSLTKREKMLEFKEKFLDNG TVIGLILETDEILNKKLRERKQEELQ											

Fig 2C

				LDYNPSTGQSTVLILDGGMKAKPY SQISSFKDLDFENDIARFNKDVCIAL GVPQLLIDGGNNANIRPNIELFYYM TIVPMLNKVCSSLTFFFGFKVTPNT KDVVALTPDKEKEAKFVTALVNNGI LTGNEGRIELGYEELADEQMKKIRI PANVAGSATGVSGQEGGAPNKDE EKQ								
16	11660	12379	20	MIDYKALKALFPNGLPEAHNVFATV KAHLTYQILRKEYGYAATNSKTWD QFKEAYAEATKPVPVASVSITGAPA SLDYTKTVQLAATVLPTNADNKTVT WKTSDATLATVSSTGLVTALSKAGT VKITATAGGKSSEVSIQVKAPVVAV TGVTMSPKTITIEAGKTGKLTGTVA PANATNKSVTYTSADTTKATVAAD GTVTVPANLAADSTVVITVKTADGN KTDTAIVTVKVPTAGV	239	Proteína de virión similar a Ig [Fago KSP90 de Serratia]	BAH15178.1	8e-21 (84/186)	Proteína de virión similar a Ig	Proteínas de superficie bacteriana que contienen dominios similares a Ig	COG549 2	7e-07
17	12576	13172	21	MQNINLNAEIKSVKAVGEGDNPPLK IKGYANTITKDRAGDVILSEAWTTS NALKNFMKNPIMLFGHNHSRPIGKI LDLVPTESGLMVEGEVSAADLQIYS LIRDEVLKTFSVGFYIKDAEWDDMT ETFIIKDLELLEISVVSVPCNQDSTF SLSKSVNHNDYMELRKSFVKSSQV QPVEQPELSNLEKFLVAAGYAKG	198	Proteasa putativa de procabeza [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006978.1	4e-60 (117/196)	Proteasa de procabeza	Peptidasa_U 35, proteasa de procabeza de caudovirus	pfam045 86	2e-25
18	13186	14568	22	MSYDIAQLSKDLGLGDIAEQLKGLT ASQKAEEARKFAAEQEAKELKRME DLVAKATGEDRKNLAEALELVKNLD EKSKQSAEAFVKAMNSQQEEITGL KEEIKSLLAARENGRSFVADGVAKA MFGKQEDFEDEVEKLVLLSYVMQK DVFGTKRGEAHLKAVNGSSSIEVST EAYETIFSLRLRDIQAKLIIGTMFEE LPMSSKLLTMMVEPEAGEASWVDA STYGTPATVGAEDKTKLSEITFKTY KLAAKAYMTDETEEDAIFTLLPIMRR RLIEAHAIAIEKAFLTGTGAAGTPKG LIQFAKDDGKVVATTAKADGSVKVT AKEIHKLRRSLGRHGLDLNKLALVV SMDAYYDLIEDEEFQDVAQVTATTA IKLQGQVGRIYGLPVLVSEFFPAKA ASAEFCVVVYRDNFIVPRQRAITVE KERQAERQRDAYYVTQRLNLMRFF ENGVVAGAYAA								No se han detectado dominios putativos conservados	
19	14627	15139	23	MQFMTDSDWRTYGGLKRPDLESNI PMLIKAANALITQLLGIDDTANVVDV LPTKPARKKYFLSSPVPSTITKITIND	170	Proteína T5.148 hipotética [Fago T5 de	YP_006976.1	3e-65 (115/170)		No se han detectado dominios putativos conservados			

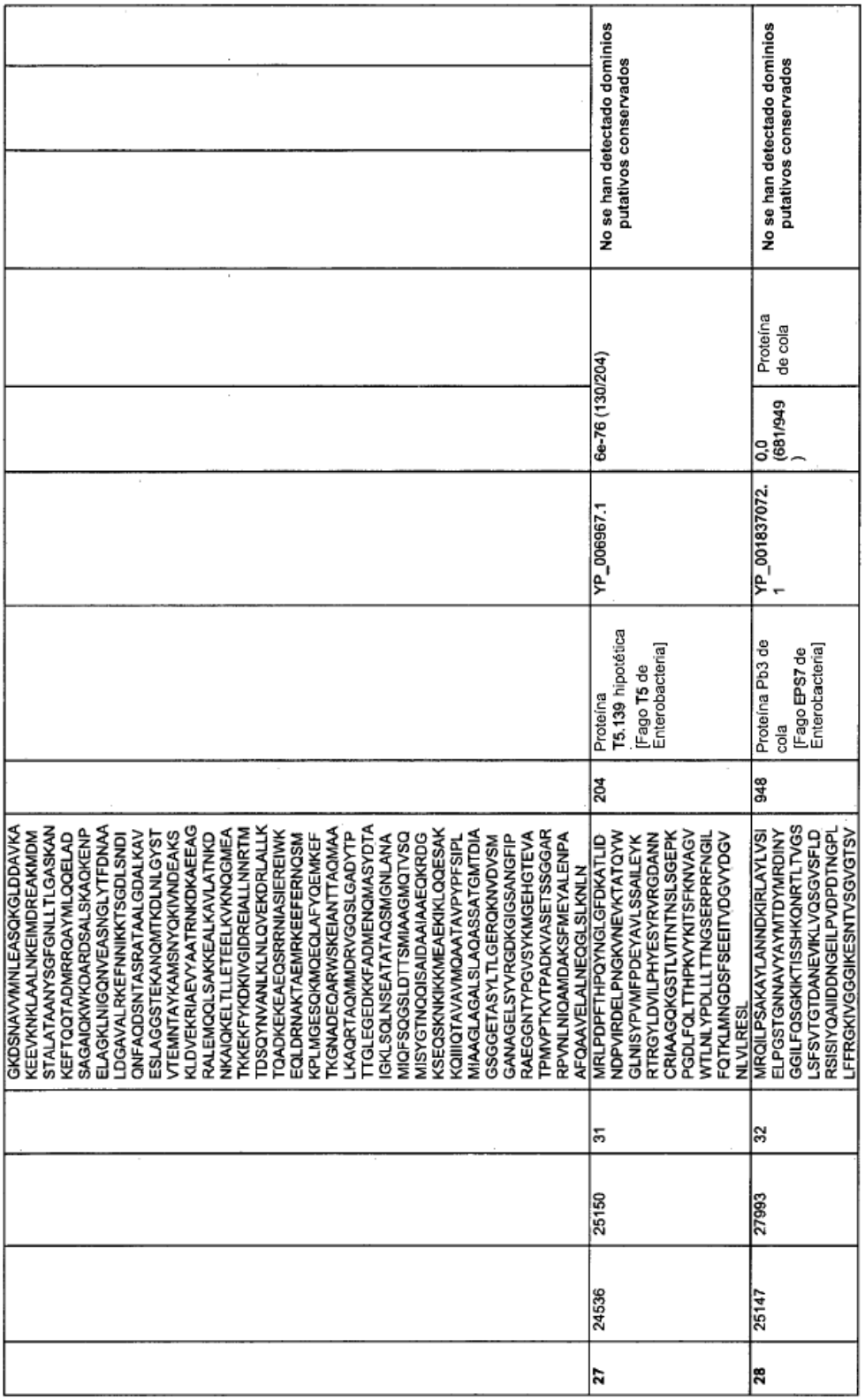
Fig 2D

				QEIDKSQYKNYPDGTLLKFSPPEG YMEVEFTQTGFTSIPDDLVLAACFL VDHWVKKDYRESRTFGGETVTFNT TKSGVPEHIRTIIEVYRRL		Enterobacteria]				
20	15139	15900	24	VALGDLARQIVKEQLDIMSGGSHST KNTVIYSAETMDNHKDGTIGKVSFR FTKPVSEDLLNVRTSSILKAVSSSLN LEGDVGVIDNLLNSITGKKSKIGRKR STGRVEVNFGDPSDADNGYAGAIS GASGRFVSNTNLRALLELVAKEYLV KDMKKAGAPLKFRTGRFANSLKIKD VLLREDAGAKTPDLNITYNYMLKPY SVFNPAVSTYRGLSLRPFPGARNP QKLIGEAIAKAARDLIHSRYRIRVNQ GT	253	Proteína T5.147 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006975.1	1e-106 (185/256)		No se han detectado dominios putativos conservados
21	15900	16385	25	MNYRTSIADALVERLKKDMDGSNP TEFFTNMYGNVSRQTYSFEQINEF PYIAVHWGTETGNYLPSAQQWVYL EIPILIYDKEKDDINMQLEKLIADVKT SIDTGGNLQYTIMKPDGSTIDSEAT DMQITSVSTDEGILSPFGFAQVNVT VRYMPLRRALDR	161	Proteína T5.146 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006974.1	8e-66 (113/161)		No se han detectado dominios putativos conservados
22	16409	17536	26	MSVQLLRNTRIFVSTVTTGFTKANT QEILVQDDVSWSQDSNSTDITLNEA GPKPTRGSQRFNDSLNAAEWSFST YILPYDDAGKQILPDYLLWHGLATG AAVNLAGTTGVFQNATNLVVNFKD NGYHELAMLNIYILTDSSWSVIRNC QVGQAEVNVDIDDIGRVTWSGNGT RLETLASQPFDPKTIGIDDALYAKIQ SSYIKNKLTILKLKNNATGGKTYNIPI TGGSFTMNNNVTYLTPNIMSRVDV PIGSFTGSFELTGSLTAYMNDAANG SIQLYKDLVSDLKAVNDFEVAIILGG EYDTARPAAVLVAKHANLNIPSIETD DVLGVSIEFKAIPTQMDAGDEGYLG FSSKYTKTSIAKLISSGDGNPVTP	375	Proteína de cola mayor [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837079.1	9e-164 (276/377)	Proteína de cola mayor	No se han detectado dominios putativos conservados
23	17546	18433	27	MLYSLMRESRVVIEYDGRAYGFDA LSDYTAGTSYEEFKANRRTIHRRSN YAYSKITAQSPSSISLTLNFSSNALE GLFFELMGFIEIDGMYQMPLFSNNI EPKMFSVYIINKNTSLRFDNCFATT CDFSLDKSVPVLNVGIESGYFEEVG HPLNSYTLDQGEVLPFSLPQVSSN GRVLPGLMSAGMSFQQQCEWRG DRSLFDINKIYNNRRAIVNELNSSAL ISMYYAKSLQIDSTHNIKPDIGLPVQI RNKYIVVDFPSTRITKRLDLTDVYKI	295	Proteína gp24 de cola menor [Fago BF23 de Enterobacteria]	BAA02256.1	6e-95 (171/296)	Proteína de cola menor	No se han detectado dominios putativos conservados

Fig 2E

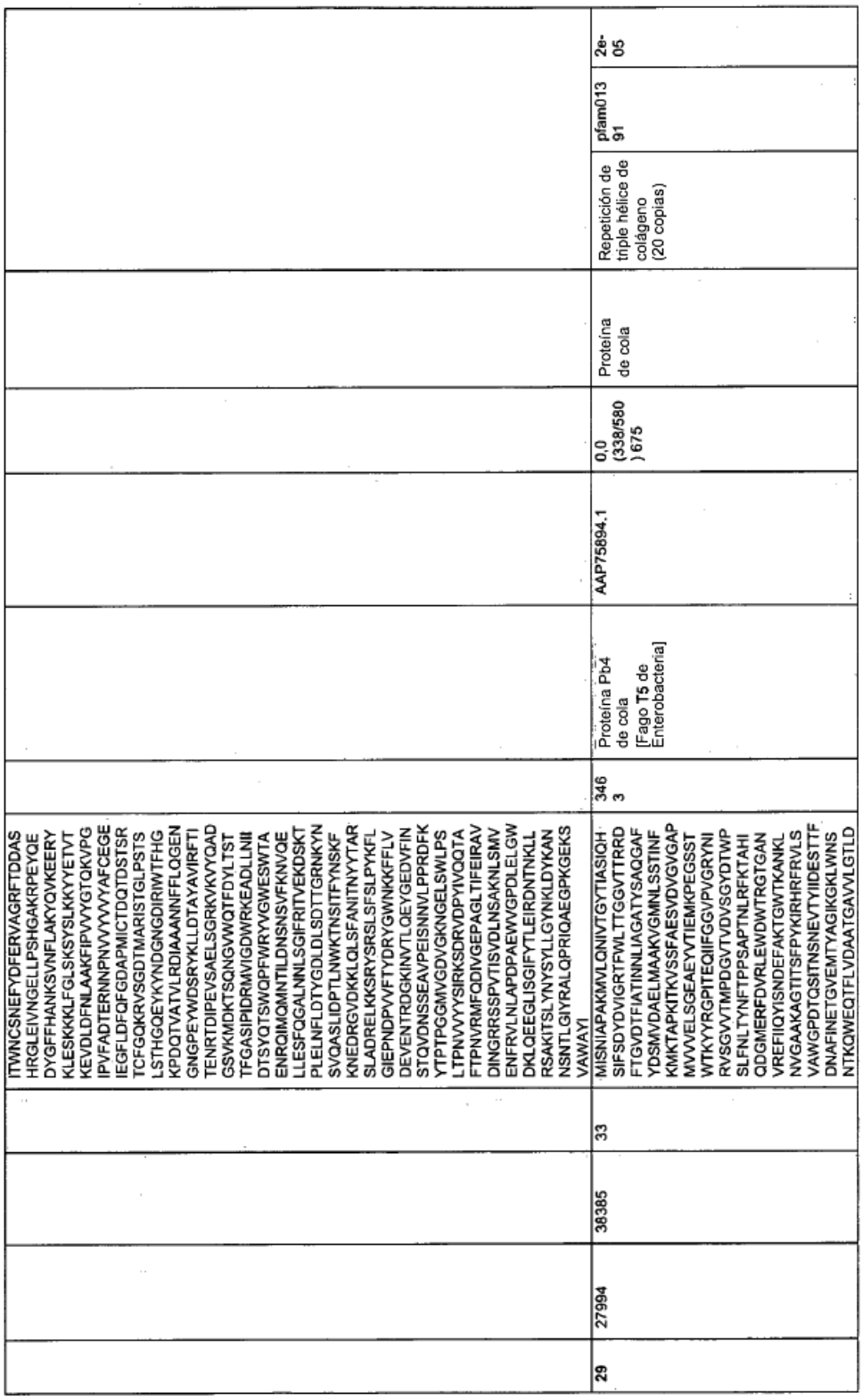
				DYDVIPTEQSDPVRIKLIGE								
24	18437	18859	28	MSINLKDIALDTKQITIAYPGLPHFKL KVNYVSRKLSKKILEAAQENQFVNG IAVKVQNDDKFAEEFVKVAIAGWEG LTVADVEKLMLIEVPEDRLEDKVEF SIDNAMMLVRNSSAFETWMNSTVF HLDTFRGSKSEPTA	140	Proteína AGC_0154 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837077.1	5e-42 (79/134)			No se han detectado dominios putativos conservados		
25	18833	19259	29	MCESLGEEPNPEVLKRFVEIHDFPE IAQTALTIYNNLSDNYIPGDYPTYLG KDKSALLVFFDIYGVEDADEKSLILQ IINIFDSHAVAASRKRVEAAIKKSKM KSSSR	108	Proteína AGC_0153 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837076.1	2e-25 (56/95)			No se han detectado dominios putativos conservados		
26	19343	24421	30	MTDRLIRELLVDIKQRGGSKAAKQI RDVEAALDGAAQSSEGLNTSLGKL PGSFTALERSVSRTAKSLEKLSSTT SITALAASIGMLSGKFTSFEVDLAKS VLKINANLNGVTSAANKMASGFDTA ATSSVADLNRVNKALQELDAHASS VAKVLQTLKAGAGLESISSSAAKAS TDLSHLVSGVEKIGNQLARMAEQA VLAGRSLQGLKADSLGAAGEHLSK AASGISVAVSSMGEEVNKLNKLLLE LAVKADLASKSIANIAPGTKLNSLGT EIQKINTSLATAANTSVAEISKIKAAL TSLVSSTATAAASMKTVGTGSGLS KLISEISAATSASTSDISKVTAALKQL NVDATAAGKALQSIKAGANLSSVPT VVGKIGTSMTQLRAQLEGSVTGIEK SLNDLSRAFATMGGTGNLNPLGNS IRGMIPSLTQLAKAAVQVNSALSKIQ AGRGVLQLPTQFKAVTASLNALETK LASTSQILERGFSKGFQDMASKSTS SSTRMINNFQKVVPELNAIEAAAIRS AAAIDKLIAKRIRLGQAGGGGNPAA FNMGALVAEMNRIVTSIEAMGNKM NTTMADMARSTDKVSDKLTDLNSG VRDVNTGLGGLNSTLTGTGSAANR ASRALGNTSGSARGATRNFAALAM VTGPMPLIYGAIASNVYYLKAAFDQ LKLGDQLNRLEQFGSIVGAKTGTPI QSLAVALQEATGHAVSFEEAMRQA STAAAYGFDAKQISEFALVARRAAA TLGVDMTDALNRVIKGVSKQEIELL DELGVTIRLNNDAYAEYVKILNAANT GITYNIQGLTSFQKQQAYANAVVAE STKRFGYLDEVLRATPWEQFAANA DSALRKVQQAAAKYLGPVIASINAA FYTSKASVSAEAATAQQESIKQMD	1692	Proteína Pb2 de punta de cola formadora de poros [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006968.1	0,0 (626/1196)	proteína de punta de cola formadora de poros	SMC_N, RecF/RecN/SMC dominio terminal N	pfam02463	4e-05

Fig 2F



27	24536	25150	31	GKDSNAVVMNLEASQKGLDDAVKA KEEVKNKLAALNKEIMDREAKMDM STALATAANYSGFGNLLTLGASKAN KEFTQQTADMRRQAYMLQQELAD SAGAIQKWKDARDSALSKAQKENP ELAGKLNIGQNVEASNGLYTFDNAA LDGAVALRKEFNNIKKTSGDLSNDI QNFAQDSNTASRATAALGDALKAV ESLAGGSTEKANQMTKDLNLGYST VTEMNTAYKAMSNYQKIVNDEAKS KLDVEKRIAEVYAATRNKDKAEEAG RALEMQQLSAKKEALKAVLATNKD NKAIQKELTLLETEELKVKNQGMEA TKKEKFYKDKIVGIDREIALLNNRTM TDSQYNVANLKLNLQVEKDRLALLK TQADKEKEAEQSRRNIASIEREIWK EQLDRNAKTAEMRKEEFERNQSM KPLMGESQKMQEQLAFYQEMKEF TKGNADEQARWSKEIANTTAQMAA LKAQRTAQIMMDRVGQSLGADYTP TTGLEGEDKKFADMENQMASYDTA IGKLSQLNSEATATAQSMGNLANA MIQFSQGSLDTTSMIAAGMQTVSQ MISYGTNQQISAIDAAIAAEQKRDG KSEQSKNKIKKMEAEKIKLQQESAK KQIIIQTAVAVMQAATAVPYPFSIPL MIAAGLAGALSLAQASSATGMTDIA GSGGETASYLTLGERQKNVDVSM GANAGELSYVRGDKGIGSANGFIP RAEGGNTYPGVSYKMGEHGTEVA TPMVPTKVTPADKVASETSSGGAR RPVNLNIQAMDAKSPMEYALENPA AFQAAVELALNEQGLSLKNLN	204	Proteína T5.139 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006967.1	6e-76 (130/204)		No se han detectado dominios putativos conservados			
28	25147	27993	32	MRQILPSAKAYLANNDKIRLAYLVSI ELPGSTGNNAVYAYMTDYMRDINY GGILFQSGKIKTISSHKQNRTLTVGS LSFSVTGTDANEVIKLVQSGVSFLD RSISIYQAIIDDNGEILPVDPDTNGPL LFFRGKIVGGGIKESNTVSGVGTSV	948	Proteína Pb3 de cola [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837072.1	0,0 (681/949)	Proteína de cola	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig 2G



			ITWNCSNEFYDFERVAGRFTDDAS HRGLEIVNGELLPSHGAKRPEYQE DYGFFHANKSVNFLAKYQVKEERY KLESKKKLFGLSKSYSLKKYYETVT KEVDLDFNLAAKFIPVVYGTQKVPG IPVFADTERNNPNVVYVYVYAFCEGE IEGFLDFQFGDAPMICTDQTDSTSR TCFGQKRVSGDTMARISTGLPSTS LSTHGQEYKYNDGNGDIRIWTFHG KPDQTVATVLRDIAAANNFFLQGEN GNGPEYWDSRYKLLDTAYAVIRFTI TENRTDIPEVSAELSGRKVKVYQAD GSVKMDKTSQNGVWQTFDYLTST TFGASIPIDRMVIGDWRKEADLLNII DTSYQTSWQPFWRYVGWESWTA ENRQIMQMNTILDNSNSVFKNVQE LLESFQGALNNLSGIFRITVEKDSKT PLELNFLDTYGDLDLSDTTGRNKYN SVQASLIDPTLNWKTNSITFYNSKF KNEDRGVDKKLQLSFANITNYYTAR SLADRELKKSRYSRSLSFSLPYKFL GIEPNDPVVFTYDRYGWNKKFFLV DEVENTRDGKINVTLQEYGEDVFIN STQVDNSSEAVPEISNNVLPPRDFK YTPTPGGMVGDVGKNGELSWLPS LTPNVVYSIRKSDRVDPYIVQQTA FTPNVRMFQDIVGEPAGLTIFEIRAV DINGRRSSPVTISVDLNSAKNLSMV ENFRVLNLAPDPAEWVGPDLELGW DKLQEEGLISGIFYTLEIRDNTNKLL RSAKITSLYNYSYLLGYNKLDYKAN NSNTLGIYRALQPRIQAEGPKGEKS VAWAYI	3463	Proteína Pb4 de cola [Fago T5 de Enterobacteria]	AAP75894.1	0,0 (338/580) 675	Proteína de cola	Repetición de triple hélice de colágeno (20 copias)	pfam01391	2e-05
29	27994	38385	33	MISNIAPAKMVLQNIVTGYTIASIQH SIFSDYDVIGRTFWLTTGGVTTRRD FTGVDTFIATINNLIAGATYSAQGAF YDSMVDAELMAAKVGMNLSSTINF KMKTAPKITKVSSFAESVDVGVGAP MVVVELSGEAEYVTIEMKPEGSST WTKYYRGPITEQIIFGGVPVGRYNI RVSGVVTMPDGVTVDVSGYDTWP SLFNLTYNFTPPSAPTNLRFKTAHI QDGMERFDVRLEWDWTRGTGAN VREFIIQYISNDEFAKTGWTKANKL NVGAAKAGTITSFPYKIRHRFRVLS VAWGPDTQSITNSNEVTYIIDESTTF DNAFINETGVEMTYAGIKGKLWNS NTKQWEQTFLVDAATGAVVLGTLD								

Fig 2H

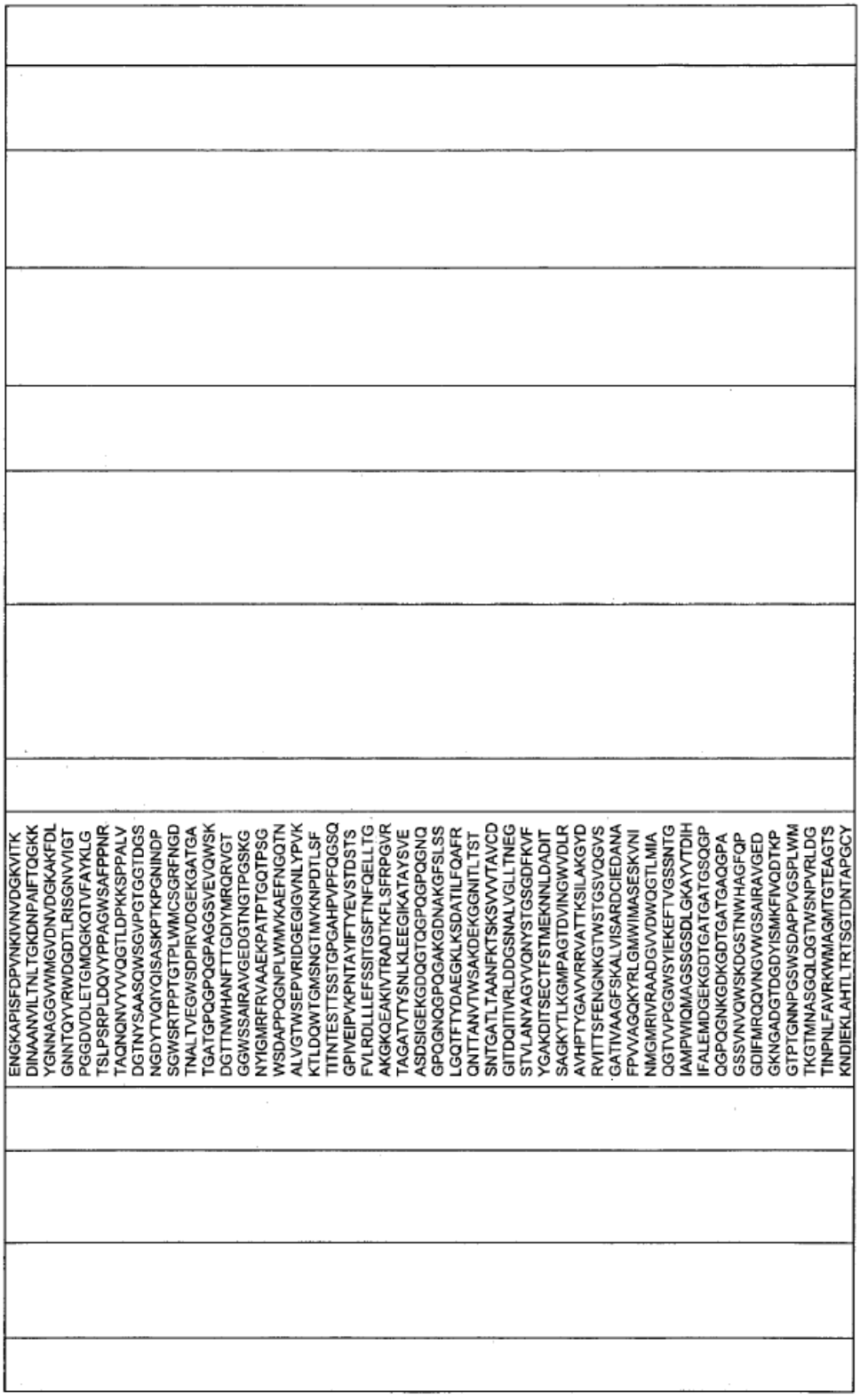

ENGKAPISFDPVNKIVNVDGKVITK
DINAANVILTNLTGKDNPAIFTQGKK
YGNNAGGVWMGVDNVDGKAKFDL
GNNTQYVRWDGDTLRISGNVVIGT
PGGDVDLETGMQGKQTVFAYKLG
TSLPSRPLDQVYPPAGWSAFPPNR
TAQNQNVYVVQGTLDPKKSPPALV
DGTNYSAASQWSGVPGTGGTDGS
NGDYTVQIYQISASKPTKPGNINDP
SGWSRTPPTGTPLWMCSGRFNGD
TNALTVEGWSDPIRVDGEKGATGA
TGATGPQGPQGPAGGSVEVQWSK
DGTTNWHANFTTGDIYMRQRVGT
GGWSSAIRAVGEDGTNGTPGSKG
NYIGMRFRVAAEKPATPTGQTPSG
WSDAPPQGNPLWMVKAEFNGQTN
ALVGTWSEPVRIDGEGIGVNLYPVK
KTLDQWTGMSNGTMVKNPDTLSF
TITNTESTTSSTGPGAHPVPFQGSQ
GPIVEIPVKPNTAYIFTYEVSTDSTS
FVLRDLLLEFSSITGSFTNFQELLTG
AKGKQEAKIVTRADTKFLSFRPGVR
TAGATVTYSNLKLEEGIKATAYSVE
ASDSIGEKGDQGTQGPQGPQGNQ
GPQGNQGPQGAKGDNAKGFSLSS
LGQTFTYDAEGKLKSDATILFQAFR
QNTTANVTWSAKDEKGGNITLTST
SNTGATLTAANFKTSKSVVVTAVCD
GITDQITIVRLDDGSNALVGLLTNEG
STVLANYAGYVQNYSTGSGDFKVF
YGAKDITSECTFSTMEKNNLDADIT
SAGKYTLKGMPAGTDVINGWVDLR
AVHPTYGAVVRRVATTKSILAKGYD
RVITTSFENGNKGTWSTGSVQGVS
GATIVAAGFSKALVISARDCIEDANA
FPVVAGQKYRLGMWIMASESKVNI
NMGMRIVRAADGVVDWQGTLMIA
QGTVVPGGWSYIEKEFTVGSSNTG
IAMPWIQMAGSSGSDLGKAYVTDIH
IFALEMDGEKGDTGATGATGSQGP
QGPQGNKGDKGDTGATGAQGPA
GSSVNVQWSKDGSTNWHAGFQP
GDIFMRQQVNGVWGSAIRAVGED
GKNGADGTDGDYISMKFIVQDTKP
GTPTGNNPGSWSDAPPVGSPLWM
TKGTMNASGQLQGTWSNPVRLDG
TINPNLFAVRKWMAGMTGTEAGTS
KNDIEKLAHTLTRTSGTDNTAPGCY

Fig 21

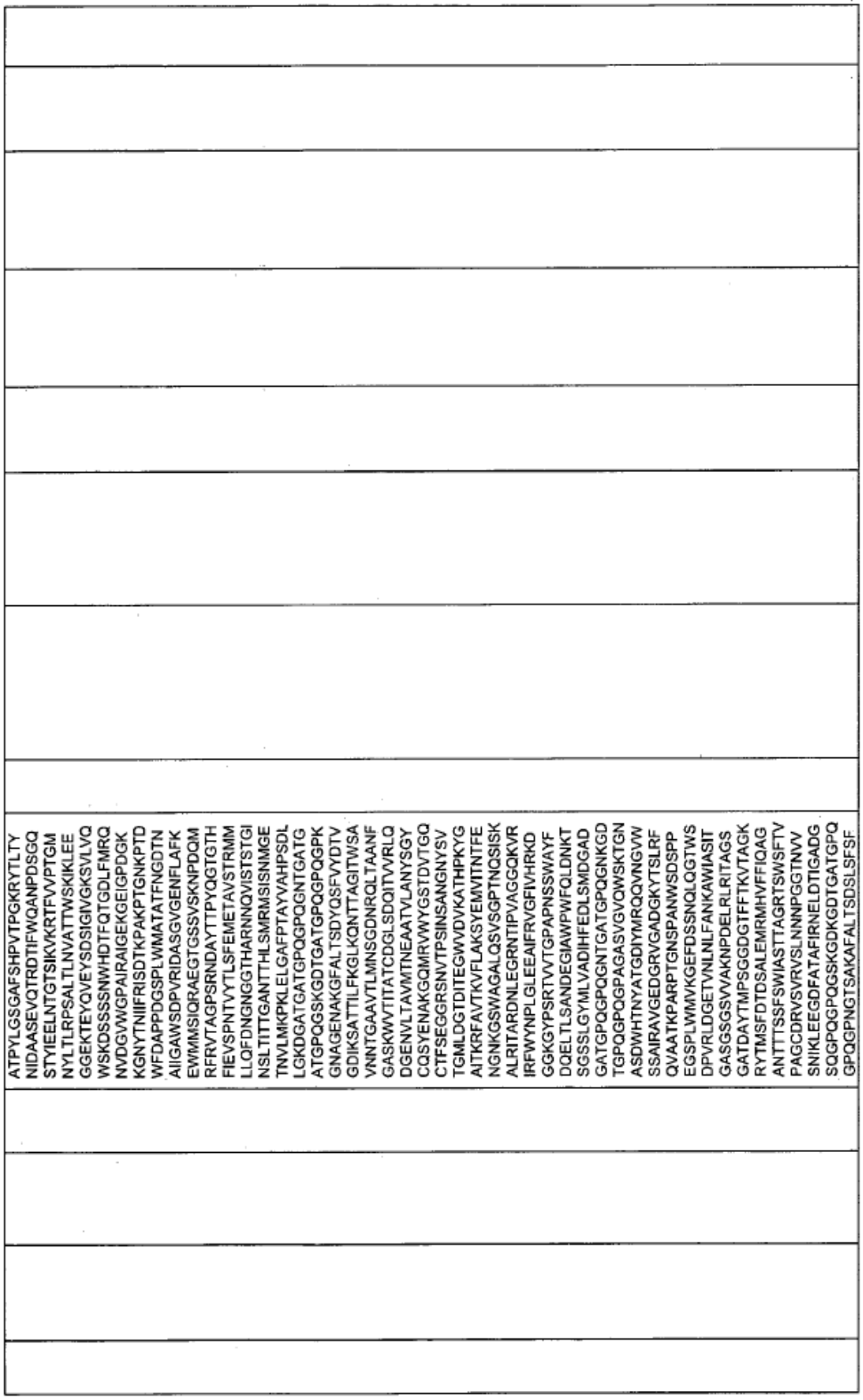
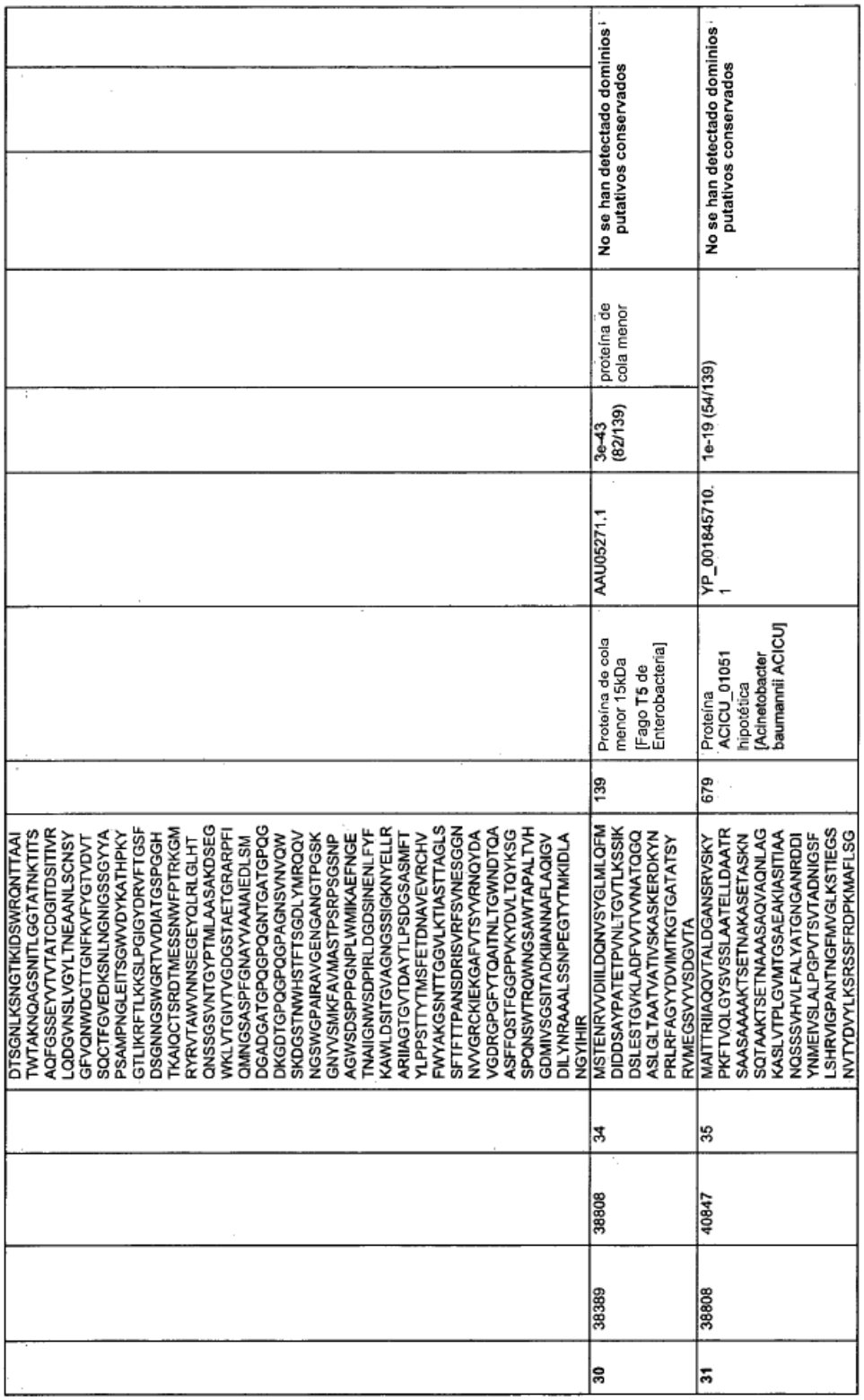

ATPYLGSGAFSHPVTPGKRYTLTY
NIDAASEVQTRDTIFWQANPDSGQ
STYIEELNTGTSIKVKRTFVVPTGM
NYLTLRPSALTLNVATTWSKIKLEE
GGEKTEYQVEYSDSIGIVGKSVLVQ
WSKDSSSSNWHDTFQTGDLFMRQ
NVDGVWGPAIRAIGEKGEIGPDGK
KGNYTNIIFRISDTKPAKPTGNKPTD
WFDAPPDGSPLWMATATFNGDTN
AIIGAWSDPVRIDASGVGENFLAFK
EWMMSIQRAEGTGSSVSKNPDQM
RFRVTAGPSRNDAYTTPYQGTGTH
FIEVSPNTVYTLSFEMETAVSTRMM
LLQFDNGNGGTHARNNQVISTSTGI
NSLTITTGANTTHLSMRMSISNMGE
TNVLMKPKLELGAFPTAYVAHPSDL
LGKDGATGATGPQGPQGNTGATG
ATGPQGSKGDTGATGPQGPQGPK
GNAGENAKGFALTSDYQSFVYDTV
GDIKSATTILFKGLKQNTTAGITWSA
VNNTGAAVTLMNSGDNRQLTAANF
GASKWVTITATCDGLSDQITVVRLQ
DGENVLTAVMTNEAATVLANYSGY
CQSYENAKGQMRVWYGSTDVTGQ
CTFSEGGRSNVTPSINSANGNYSV
TGMLDGTDITEGWVDVKATHPKYG
AITKRFAVTKVFLAKSYEMVITNTFE
NGNKGSWAGALQSVSGPTNQSISK
ALRITARDNLEGRNTIPVAGGQKVR
IRFWYNPLGLEEAIFRVGFIVHRKD
GGKGYPSRTVVTGPAPNSSWAYF
DQELTLSANDEGIAWPWFQLDNKT
SGSSLGYMLVADIHFEDLSMDGAD
GATGPQGPQGNTGATGPQGNKGD
TGPQGPQGPAGASVGVQWSKTGN
ASDWHTNYATGDIYMRQQVNGVW
SSAIRAVGEDGRVGADGKYTSLRF
QVAATKPARPTGNSPANWSDSPP
EGSPLWMVKGEFDSSNQLQGTWS
DPVRLDGETVNLNLFANKAWIASIT
GASGSGSVVAKNPDELRLRITAGS
GATDAYTMPSGGDGTFFTKVTAGK
RYTMSFDTDSALEMRMHVFFIQAG
ANTTTSSFSWIASTTAGRTSWSFTV
PAGCDRVSVRVSLNNNPGGTNVV
SNIKLEEGDFATAFIRNELDTIGADG
SQGPQGPQGSKGDKGDTGATGPQ
GPQGPNGTSAKAFALTSDSLSFSF

Fig 2J

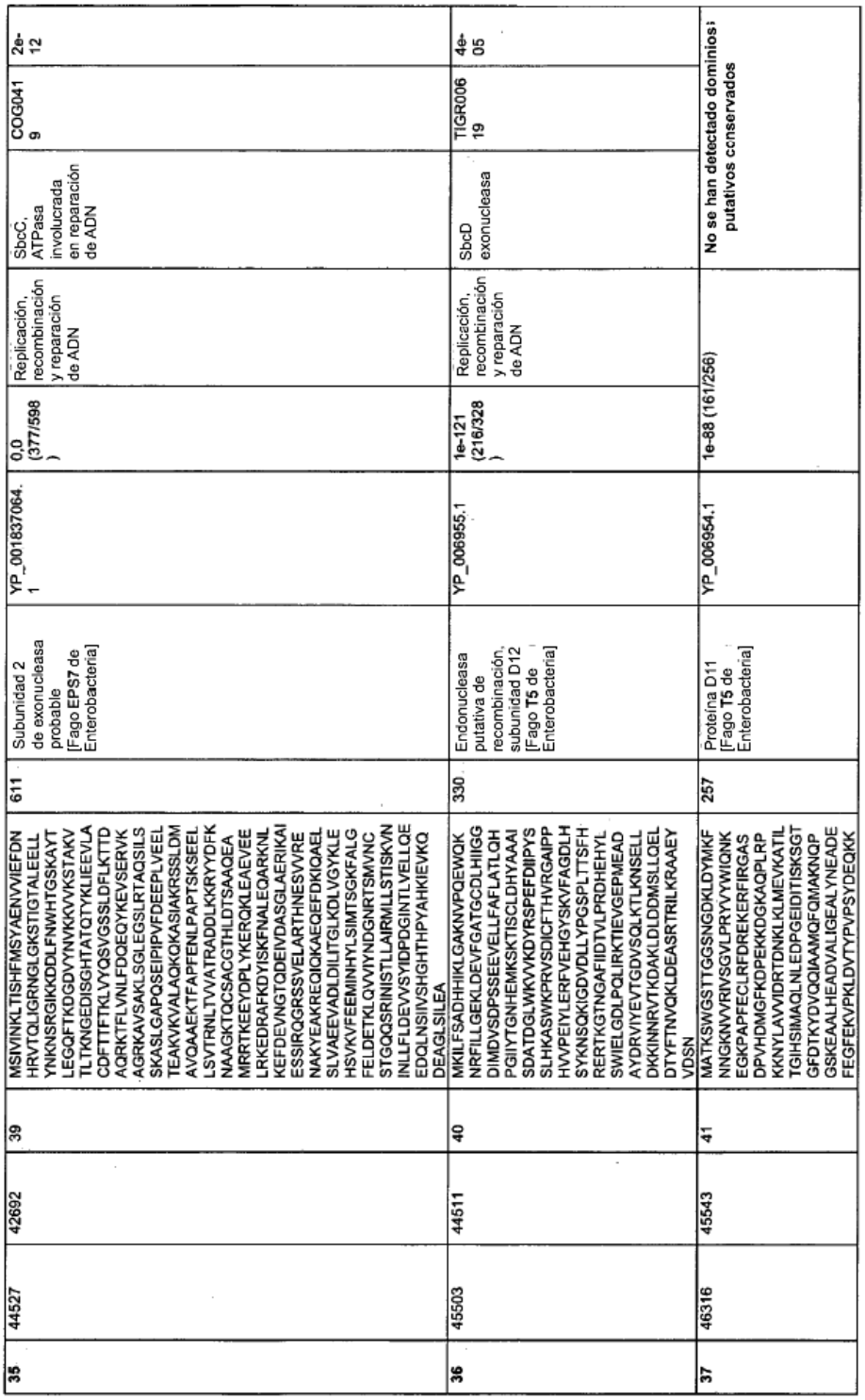


				DTSGNLKSNGTIKIDSWRQNTTAAI TWTAKNQAGSNITLGGTATNKTITS AQFGSSEYVTVTATCDGITDSITIVR LQDGVNSLVGYLTNEAANLSCNSY GFVQNWDGTTGNFKVFYGTVDVT SQCTFGVEDKSNLNGNIGSSGYYA PSAMPNGLEITSGWVDYKATHPKY GTLIKRFTLKKSLPGIGYDRVFTGSF DSGNNGSWGRTVVDIATGSPGGH TKAIQCTSRDTMESSNWFPTRKGM RYRVTAWVNNSEGEYQLRLGLHT QNSSGSVNTGYPTMLAASAKDSEG WKLVTGIVTVGDGSTAETGRARPFI QMNGSASPFGNAYVAAIAEDLSM DGADGATGPQGPQGNTGATGPQG DKGDTGPQGPQGPAGNSVNVQW SKDGSTNWHSTFTSGDLYMRQQV NGSWGPAIRAVGENGANGTPGSK GNYVSMKFAVMASTPSRPSGSNP AGWSDSPPPGNPLWMIKAEFNGE TNAIIGNWSDPIRLDGDSINENLFYF KAWLDSITGVAGNGSSIGKNYELLR ARIIAGTGVTDAYTLPSDGSASMFT YLPPSTTYTMSFETDNAVEVRCHV FWYAKGSNTTGGVLKTIASTTAGLS SFTFTTPANSDRISVRFSVNESGGN NVVGRCKIEKGAFVTSYVRNQYDA VGDRGPGFYTQAITNLTGWNDTQA ASFFQSTFGGPPVKYDVLTQYKSG SPQNSWTRQWNGSAWTAPALTVH GDMIVSGSITADKIIANNAPLAQIGV DILYNRAAALSSNPEGTYTMKIDLA NGYIHIR	139	Proteína de cola menor 15kDa [Fago T5 de Enterobacteria]	AAU05271.1	3e-43 (82/139)	proteína de cola menor			No se han detectado dominios putativos conservados
30	38389	38808	34	MSTENRVVDIILDQNVSYGLMLQFM DIDDSAYPATETPVNLTGVTLKSSIK DSLESTGVKLADFVVTVVNATQGQ ASLGLTAATVATIVSKASKERDKYN PRLRFAGYYDVIMTKGTGATATSY RVMEGSVYVSDGVTA	679	Proteína ACICU_01051 hipotética [Acinetobacter baumannii ACICU]	YP_001845710.1	1e-19 (54/139)				No se han detectado dominios putativos conservados
31	38808	40847	35	MATTRIIAQQVTALDGANSRVSKY PKFTVQLGYSVSSLAATELLDAATR SAASAAAAKTSETNAKASETASKN SQTAAKTSETNAAASAQVAQNLAG KASLVTPLGVMTGSAEAKIASITIAA NQSSSVHVLFALYATGNGANRDDI YNMEIVSLALPGPVTSVTADNIGSF LSHRVIGPANTNGFMVGLKSTIEGS NVTYDVYLKSRSSFRDPKMAFLSG								

Fig 2K

				SISVTPPTGPLVDGTSPAWKTTGFD TDVIYVNRAQVIDDGISLARIKQLAIT NGKTDSSILLLSYLNETGILSTNKKSI SLRPGGTSDSSIAATEFLPNGNIILP NGDTGNQTISWLGGPRIRVNSNGS FVLSTNNPSNQTSGFITFRPQGDQ VTSTELQIRDDGNIKQTAPQSSAGN ALIRQDAAIQHIMDKAPAAGITANPL SDLNVIPTPEGTDPWGADGVRVFQ SGVSTKNTPDGTTGRLGTILNVRHT QYRIMQFFMQSNATAPILHIRSLRA DQGNTPPAWFKVYTEYSKPNIQSDI AGITIDGNGFVKKASPIAKLIAEIPSK EDSFFWTGVETVGGYVGCNAEAQ GVFAVKTGLGKYTIKGSLGWNTEG WKFELPRDDNGNMLCFVESDWNE EEKELNIQVFTRKFDINTGNIIAGEP MEIPQGRWIDLRLEMPKVEIPEVEF PEDPEV										
32	41335	40892	36	MRIKLSHPDCKPHVGSSEAAGMDL RAYFGDRASDLLRAIPPGESLMIDT GVAVEIPEGWVGIVVPRSSLGKRRL MIANTTGVIDSDYRGTIKMNLLNMS NETQPIDNFERLCQLVIVPHYNPNDI EIVDSLTDTDRGEGGFGSSGKM	147	Proteína putativa de cola del fago [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837069.1	3e-09 (53/105)	proteína de cola del fago				
						desoxiUPT pirofosfatasa putativa [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837067.1	6e-52 (100/140)	desoxiUPT pirofosfatasa	Desoxiuridina-5-trifosfato hidrolasa de nucleótido (dut)	TIGR00576	9e-43
33	42213	41335	37	MSKSWGTMKREAEQRLASRRNLM IVDGTNLGFRFKKDSGKPIAASFAN TINSLANSYDAKHTIVLGDKGKSIFR TNIFPEYKGNRDAKYADRSEAEVE ADRQFFEYLDDAFDLIASQFPTFRI RGVEADDMAAFIIQLIGHHYDHIWLI STDGDWDTLLAPNISRFSFTTRKEY HEKDMFDNHNVDTVDQFSLKAIM GDMGDNIRGVEGIGEKRGYNLIRE HGSVLDIIDALPLPGTQKFVQALNK SGELMERNLTLVDLPSFCGEAVAA AGQDIYDQFVKDITAIATGEV	292	Solapa de endonucleasa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006958.1	1e-118 (203/289)	Solapa de endonucleasa	Exonucleasa 5'-3'	TIGR00593	5e-48
34	42692	42210	38	MAVDSREKGKRAEYQIRDMLRKYT SLDWERVPGSGAFGQSHSLKGDV YLPPSVGKMSQYCFEIKHYADEKF NSNILNVGESQLEKWWAQAAREG EQMNMKPALIFKKDRGQWLIALDS SDPMIDNLMSRAHFIVNKRGMEIVI GLFEPWLNACEIGDLVK	160	Proteína D14 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006957.1	2e-68 (118/160)	No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig 2L

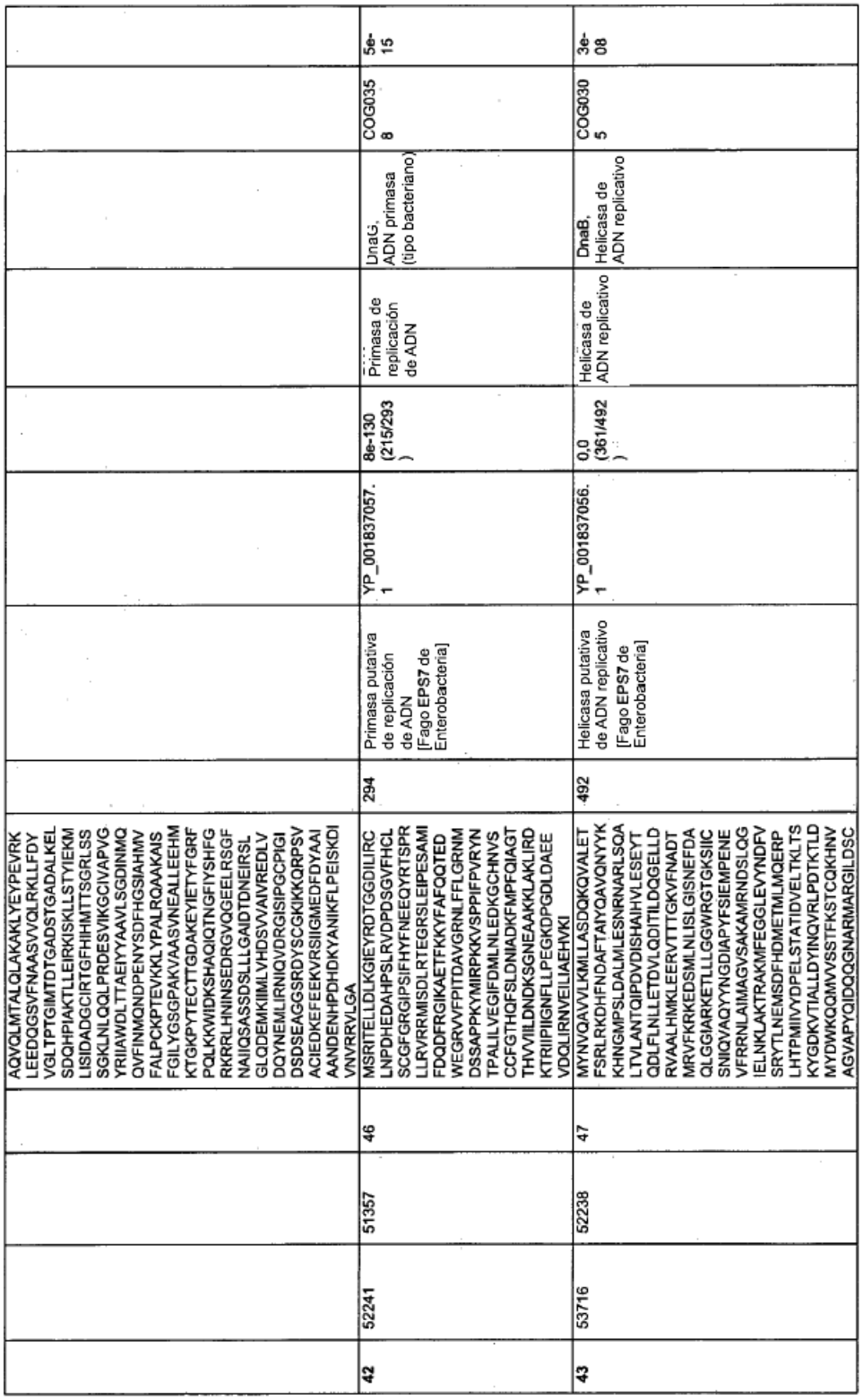


35	44527	42692	39	MSIVINKLTISHFMSYAENVVIEFDN HRVTQLIGRNGLGKSTIGTALEELL YNKNSRGIKKDDLFNWHTGSKAYT LEGQFTKDGDVYNVKKVVKSTAKV TLTKNGEDISGHTATQTYKLIEEVLA CDFTTFTKLVYQSVGSSLDFLKTTD AQRKTFLVNLFDQEQYKEVSERVK AGRKAVSAKLSGLEGSLRTAQSILS SKASLGAPQSEIPIPVFDEEPLVEEL TEAKVKVALAQKQIKASIAKRSSLDM AVQAAEKTFAPFENLPAPTSKSEEL LSVTRNLTVVATRADDLKKRYYDFK NAAGKTQCSACGTHLDTSAAQEA MRRTKEEYDPLYKERQKLEAEVEE LRKEDRAFKDYISKFNALEQARKNL KEFDEVNGTQDEIVDASGLAERIKAI ESSIRQGRSSVELARTHNESVVRE NAKYEAKREQIQKAEQEFDKIQAEL SLVAEEVADLDILITGLKDLVGYKLE HSVKVFEEMINHYLSIMTSGKFALG FELDETKLQVVIYNDGNRTSMVNC STGQQSRINISTLLAIRMLLSTISKVN INLLFLDEVVSYIDPDGINTLVELLQE EDQLNSIIVSHGHTHPYAHKIEVKQ DEAGLSILEA	611	Subunidad 2 de exonucleasa probable [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837064.1	0,0 (377/598)	Replicación, recombinación y reparación de ADN	SbcC, ATPasa involucrada en reparación de ADN	COG3041 9	2e-12
36	45503	44511	40	MKILFSADHHIKLGAKNVPQEWQK NRFILLGEKLDEVFGATGCDLHIIGG DIMDVSDPSSEEVELLFAFLATLQH PGIIYTGNHEMKSKTISCLDHYAAAI SDATDGLWKVVKDYRSPEFDIIPYS SLHKASWKPRVSDICFTHVRGAIPP HVVPEIYLERFVEHGYSKVFAGDLH SYKNSQKIGDVDLLYPGSPLTTSFH RERTKGTNGAFIIDTVLPRDHEHYL SWIELGDLPQLIRKTIEVGEPMEAD AYDRVIYEVTGDVSQLKTLKNSELL DKKINNRVTKDAKLDLDDMSLLQEL DTYFTNVQKLDEASRTRILKRAAEY VDSN	330	Endonucleasa putativa de recombinación, subunidad D12 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006955.1	1e-121 (216/328)	Replicación, recomtinación y reparación de ADN	SbcD exonucleasa	TIGR006 19	4e-05
37	46316	45543	41	MATKSWGSTTGGSNGDKLDYMKF NNGKNVVRIVSGVLPRYVYWIQNK EGKPAPFECLRFDREKERFIRGAS DPVHDMGFKDPEKKDGKAQPLRP KKNYLAVVIDRTDNKLKLMEVKATIL TGIHSIMAQLNLEDPGEIDITISKSGT GFDTKYDVQQIAAMQFQMAKNQP GSKEAALHEADVALIGEALYNEADE FEGFEKVPKLDVTYPVPSYDEQKK	257	Proteína D11 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006954.1	1e-88 (161/256)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig 2M

38	46672	46319	42	AIQAWLEGKKDEEGDESKGNEGSA NSGNIDHEAASDLD MLFYDYEKIYILARGNSSLIVQIIRRM VEDPEAHVMLTGRSFILNEDTIVYN KRKLSDRQLAEYLGLLSFRNYAEYS FSKDTSLDMQYIPPWVPRAVIEHHP LIAINKSKLTFIEEN	117	Proteína AGC_0138 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837061.1	5e-40 (78/116)			No se han detectado dominios putativos conservados		
39	48232	46874	43	MKIVISNKIYCKPSNELWEYLLKHTS YQIFKPGAKYPLMFQNSGSVGKEIK WFPVTRLDLLESFGQKVTEIVDKRT LVPMDIPKPSFTLRPGDQLPIYEDC NDTCIINGKPGFGKTILALAIAHKLG QKTLVICTNTTIRAMWEKEVRKFFG IEPGVIGSGKFNIDSPIVISNIQTVNK HGAALAKEFGTVIVDEVHHCVATTF TKFLEQSSARYKIGLSGTLKRKDGL QVMFKDYFGTKVYSPPVNNTMPPT IHRFALKTQVSGNMNVPWAIRAND VYSQPEYFQQVVDLCELYSMAGHK VLFVSDRIDLIERVTNALELRGVKTY TITGVTSLDDREQVQIDVTNDGPCV LAASQSIFSEGVSLNALSCLVLGSLI NNESLIEQLAGRVQRMADDKLDPIL VDLKLGGVGFKQAAGREAVYRLNG WEVLDFNEKNMANLDKILFAKNPK V	452	Helicasa putativa dependiente de ATP [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837060.1	0,0 (304/448)	Helicasa dependiente de ATP	SSL2, helicasas de ADN o ARN de la superfamilia	COG1061	4e-30
40	48726	46874	44	VLNFSLPVYALRAYDVLFQEGEYIVI QTRFTRYVLDNPSLPGTFSQRRLFL YGERENLPYKLYPLKKQFKYLSQIIN SGLKHFIDSTGKIVTWKPTTYYNIT ERVRGSTRIFNGKYQCYVKNVPYP FLLSEPANYISYALVRGSPVIFDTHE EEPETPRLRVKI	165	Proteína T5.123 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006951.1	9e-52 (96/165)		No se han detectado dominios putativos conservados				
41	51289	48719	45	MKIAVVDKSPNNVRYQKHFELFDH EVETFFMASEKVTGRLLKKHITIGTP ENPFNPEDFDYVILVGADPFLKFAA KKGISDYSGKRVEHDGYANWIASIS PAQLHFKPEMKPVFEATVESIHAIL NGREKRSKAGDYRPIQCPDEAEAY VKMVYTMCPGMIAYDSETSALYCR DGYMLGISISHQEYQGVYIDADVTE NTVYYLQKLFDSPEHGVVFHNLKF DMHFYCYHLGLSFDKAAEEKRLHD TMLMHYALDERRGTHGLKSLAMKY TDMGDYDFELDQFKETYCKTHKIK KEDFSYDLIPFDIMWPYAAKDTDAT LRLSNFFLPKVEANPRLKSLYYDVL MPGCVFLQRMEDRGVPISKDRLKE	856	ADN polimerasa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006950.1	0,0 (663/856)	ADN polimerasa	PolA, exonucleasa 3'-5' de ADN polimerasa I y dominios de polimerasa	COG0749	6e-84

Fig 2N



				AQVQLMTALQLAKAKLYEYPEVRK LEEDQGSVFNAASVVQLRKLLFDY VGLTPTGIMTDTGADSTGADALKEL SDQHPIAKTLLEIRKISKLLSTYIEKM LISIDADGCIRTGFHIHMTTSGRLSS SGKLNLQQLPRDESVIKGCIVAPVG YRIIAWDLTTAEIYYAAVLSGDINMQ QVFINMQNDPENYSDFHGSIAHMV FALPCKPTEVKKLYPALRQAAKAIS FGILYGSGPAKVAASVNEALLEEHM KTGKPYTECTTGDAKEYIETYFGRF PQLKKWIDKSHAQIQTNGFIYSHFG RKRRLHNINSEDRGVQGEELRSGF NAIIQSASSDSLLLGAIDTDNEIRSL GLQDEMKIIIMLVHDSVVAIVREDLV DQYNEMLIRNIQVDRGISIPGCPIGI DSDSEAGGSRDYSCGKIKKQRPSV ACIEDKEFEEKVRSIIGMEDFDYAAI AANDENHPDHDKYANIKFLPEISKDI VNVRRYLGA	294	Primasa putativa de replicación de ADN [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837057.1	8e-130 (215/293)	Primasa de replicación de ADN	UnaG, ADN primasa (tipo bacteriano)		COG0358	5e-15
42	52241	51357	46	MSRITELLDLKGIEYRDTGGDILIRC LNPDHEDAHPSLRVDPDSGVFHCL SCGFGRGIPSIFHYFNEEQYRTSPR LLRVRRMISDLRTEGRSLEIPESAMI FDQDFRGIKAETFKKYFAFQQTED WEGRVVFPITDAVGRNLFFLGRNM DSSAPPKYMIRPKKVSPPIFPVRYN TPALILVEGIFDMLNLEDKGCHNVS CCFGTHQFSLDNMADKFMPPQIAGT THVVIILDNDKSGNEAAKKLAKLIRD KTRIIPIIGNFLLPEGKDPGDLDAEE VDQLIRNVEILIAEHVKI	294	Primasa putativa de replicación de ADN [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837057.1	8e-130 (215/293)	Primasa de replicación de ADN	UnaG, ADN primasa (tipo bacteriano)		COG0358	5e-15
43	53716	52238	47	MYNVQAVVLKMLLASDQKQVALET FSRLRKDHFNDAFTAIYQAVQNYYK KHNGMPSLDALMLESNRNARLSQA LTVLANTQIPDVDISHAIHVLESEYT QDLFLNLLETDVLQDITILDQGELLD RVAALHMKLEERVTTTGKVFNADT MRVFKRKEDSMLNLISLGISNEFDA QLGGIARKETLLLGGWRGTGKSIIC SNIQVAQYYNGDIAPYFSIEMPENE VFRRNLAIMAGVSAKAMRNDSLQG IELNKLAKTRAKMFEGGLEVYNDFV SRYTLNEMSDFHDMETMLMQERP LHTPMIIVYDPELSTATIDVELTKLTS KYGDKVTIALLDYINQVRLPDTKTLD MYDWKQQMVVSSTFKSTCQKHNV AGVAPYQIDQQGNARMARGILDSC	492	Helicasa putativa de ADN replicativo [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837056.1	0,0 (361/492)	Helicasa de ADN replicativo	DnaB, Helicasa de ADN replicativo		COG0305	3e-08

Fig 2D

				DMAANLNAAKONEGHDGAIKFDFV KTRNSEGMTFMPKINWNSLRMDQ TSDLKLEDIRQMEAEFVIPLESDKP KDKPKRKKASDEDTNPTGESSRDL									
44	53716	52238	48	MAKLTWNEEITASLTAKANALNATV ISQEAVANIAAELAAETGKEVTARS VGSKLRKEGFEVQKASDVTKSPWT PGQEDELVAFLNDHPGQYTYAEIA AAVVGGAYTAKQVQGKILSLELTAA VKPTEKAAAVRSFSPDQEAAFNAV ASGASVEAIAAQIFERTVKQIRGKAL SLLREGRIEAMIPVQEVSNAKARED VLEGLNIADMTVAEIAEATGKSERG VKSMLSRRGIISAKDHDGVAKRAKL DAKSAK	252	Factor putativo de transcripción [Fago T5 de Enterobacteria]	AAU05255.1	5e-95 (185/240)	Factor de transcripción	No se han detectado dominios putativos conservados				
45	55311	54562	49	MKIEIPLNCHSCGSKLDLVNDQLFC RNKSMCPAQSSKLIENFCSKMKLK GFGPQTIAKLEITKVSELFFLTKEDL VRAVGDKVATKLELETKURQDV DFGSVLGSLSIPLIGEVAAKKLSQLY NDFQSVKAEGKAGENLASWKNTP AGQNVINLPWKFSGAREAQVTPAT ESNGVVLCITGKLNDFKNRADATKY LESLGYTVKTSVTKAVNYLICEDET KIGSSSYKKAQSLGIEVLTIKILLENK	249	ADN ligasa dependiente de NAD, subunidad B [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006945.1	5e-91 (181/254)	ADN ligasa dependiente de NAD, subunidad B	Lig_ADN ligasa dependiente de NAD (contiene el dominio BRCT tipo II)	COG027 2	3e-30
46	56473	55511	50	MQHVKEFIKLCQDAYYKGMSIISDE EYDALIRRFPLEEEIGPKGDVPHLF RMFSLQKVYPGRGEEVPFQGIETP KLDGCAISLLYIDGKFVSALTRGNG VLGNDVTHNVKLLNIPKRISQKTPV QITGEVHITKEVENMRNFASGAINL KDSGEFLSRIAEGGLMFTAYSIQCE TGKVGLTATFCGDMHILQGDGFVT CLDISSRVDWFPTDGVVVRMDGNN QFNAAGWTNKFPRGAYAIKEDDEG EVTTLERVEWQWGASGKVTPVGYF TPVVIDDAVISKATLNNVGYITALDL EIGCQIRVIRSGGVIPRIVERVYE	320	ADN ligasa dependiente de NAD, subunidad A [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837053.1	6e-136 (234/323)	Subunidad A de ADN ligasa dependiente de NAD	LIGANc, familia de ligasa N	smart 0032	3e-56
47	56748	56473	51	MQKITLNAYSSPPLQGQELVLTWLE KEKGKPVVRTTMSGFQMLGMWYEK NVLVCELYSPKSKRRVMSTFQAVC ENFYWEGKTQIMLFDYYEAK	91	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados				
48	56866	56729	52	MKDHEIAQLVNKLTEAAKTYAHTQ QLRAHMSRIVNEALKNAKDNA	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados				
49	57258	56950	53	MNQNICQDYEGHIDQQSHVIFEDE GRQIRMTVSEFRGNLYFGFRLWLL	102	Coactivador p15	AAU05252.1	2e-34 (68/101)	Coactivador	No se han detectado dominios putativos conservados				

Fig 2P

									transcripcional					
50	57605	57309	54	MNKAQVVAICEKHGEFCMQYTKLR TKGVTYLYGTTEFDPKQDKYLAERI VREGLEPADKDHILVFSRSSDKFRY IPIANIKRITSLNQELDRATPVGR	98	Proteína AGC_0128 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837051.1	5e-31 (62/68)		**No se han detectado dominios putativos conservados**				
51	58022	57618	55	MSTPTQWSPELEAELTSAYVAKIEL FPEDERPGVSMEIVAEIAKEHGVSP NGLRMKLSKAGVYVKKEAGKSTAK TGGDAPKAGGRTSKSDAQAELRAA FNDAGLEDGFLDESIVDKLTGKAAS HLAEAIRKITK	134	Proteína D3 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006941.1	5e-45 (92/137)		Arginina descarboxilasa	PRK053 54	0,008		
52	58315	58097	56	VSKYQLLNLFQIYSEGATAIRDLHYA LPMDEAEDNGWLTKYDRGLLKMY RLSPNGLVAVNQILENSVCFAAQ	72	**No se encontró una similitud significativa.**								
53	59003	58308	57	MAIRKKLHANSIPDEKFKEAIQWLE EGKTKKGACEILGVASNSTMERLIE EWKDNQRVSAEMRKKKRGTKIEG AELANVIDSYLSGDSFEAIAERFYR SANMIRMVLSAHGALLRVNGEVDP LFPPAIPEESMKEVFEVGEHVWVP GYQCIGEVKKALDNPVGAYRVYLL SEARQQYVNYMYWDLASVEHLVAL GVDIKSLGFKWGKEDVAELVNNAV KAALKLEKRGKGE	231	Proteína D2 [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837048.1	6e-82 (152/223)		**No se han detectado dominios putativos conservados**				
54	59320	59036	58	MSKRDARWETRKFPKRDTKARKA KEIELCRVIPIRLAQMPNIYDWLEAQ RKTRLSIRINMELNMGYKSLSEFMH VTFDPTFYENRDCLEAKSVL	94	ProteínaAGC_0124 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837047.1	1e-10 (34/74)		**No se han detectado dominios putativos conservados**				
55	62096	59307	59	MFSILEGHAGFSRDPASGNWKEVK TTDYLFAKEFSNEHPEGKPASMPY KFNVVDTVDPKNLNEAYELMVQLT QDPHLVAVRGTCLVAEKAVRRKRT NFKIDHKSNIIAMDVDGISDTGGCD RFDIVGMGRHVIKLLNSISEDMFPL NAGFIAHASSSAGIKPGIRMHMLLE SNIPVTQGQLKFLFTSLNDSSRQKY GFDIADLAYYSSVQLHYFADPIFRD QFTDPFKAEGKPRLVKVNGARIELP NTMPDYEATRGEFKEEFLSLLNQIK GKRVASEKVEQTIAELEEAEDGYYL RIIPKLYHRALEDGVDFAWLEKEITS ALSDYINTKDNSRSLQDYFNNGRK QALKAFVNNSMRDIPESNVKGVPV HKLTSDSPDGMNYLKINRPPPEGH LTFIKASLGTGKTTAVTKWLERDQL KGNFLAVTNTRALVSSNAKKFEAG	929	Proteína putativa de unión del origen de replicación [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006936.1	0,0 (731/929)	Proteína de unión del origen de replicación/ helicasa	DEXDc, superfamilia de helicasa similar a DEAD	inteligente 0047	3e-05		

Fig 2Q

				QYDKSVDMLNFKRGAIDRMSTTIHS IHKFKNFVGQIDVIFIDECDAVMNDL LFAPVVKQRRECISVLREILLSAKVV ILSDGDISAETIEAYGSLIDFDKPVSY YKHHRKMLSDAQAYEFPDESSIWV ALQTSLEMGEKSILVSDCGPDELNE KGLTLRNNTGAIVKEIHSNSTSDIDI RRILDYTTNELIEQQIDCLLCSPSVT SGVDFNYFDNVFVITRTANQAPNM RFQAIRRDRGAKNIFYFIDKSTSGF SAGSEQYNIDEGWLELAQQLYVKR RELESRNFISTLRYYLLDQGATIDIF SESWGKIDSSAAEYTAERVSAILSS TPDWCAPRHADAYEAKLMLVKYFH LDSIKSITQEHAEMWISKKPHKRAE FFHKLQDIFWKDIKKCSNVTISPFIE ALKKHKKDFFIRTGQSANPKYARM YLTQMGINKEMETEQIVDWYRTYC SIEGISVPYEFMTDEEKALADEAQN ELGVRNEQA									
56	63090	62695	60	MSIPKMERISWADIPKELIDVAENLL RAALRDEELCFIIQHDVCVGLSKGS LAQDYEILFDWDDLSDLGLMVLVN NVVFHPSNFAAFREPGAGISPGFLV ADEPWTYAPEVLREGKQNASSNSI NIMGWNA	131	Proteína T5.107 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006935.1	8e-13 (48/130)						No se han detectado dominios putativos conservados	
57	63488	63087	61	MLVNEKVVNQGVGLVPWAEIPLDV KESLLDHLRVWCDNMEVYFDYDN MHLGLWVPMDEDQDEVLDWGDLT EMGLVFALGYVCLLRESYIPVGVTG VSAGIWVGRNEDYYAPENINGWIQ VLRRFGFQVEGLTK	133	Proteína T5.106 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006934.1	2e-13 (43/124)						No se han detectado dominios putativos conservados	
58	63639	63475	62	MYHPDDILLWPNGSWCYRSDVQD MSHLSDDYQVLRADSEQWHEFIQ MGEEYAGQ	54	Proteína T5.104 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006932.1	2e-05 (20/44)						No se han detectado dominios putativos conservados	
59	64405	63623	63	VPTFRKGAITPLWDKYKLTEVCNIQ AFDKGFHYLNDPMPPLEALSEGSD DEPSRNLYELTHEFYNMRRQELGT VEPNIAHLRIAEWYERFPGQVVNFT TNVDDLLERAGIPHDDVIHAHGYLT EIMYRRGKDVIVEDIGYTAVDYRKY EWVKPAITFFGETAPWYMGQINLF DTLTTQDLVIVVGASNQVIDFNWEL FPAHSRGTKVWVVNNGINYLEQSL YEERGIPVWYDTAANVFSNKHFIG QVEAWLEEKIYYPSR	260	Proteína putativa similar a Sir2 [Fago rv5 de Escherichia]	YP_002003582.1	2e-64 (127/263)	Proteína similar a Sir2	Desacetilasa dependiente de NAD	PRK004 81	2e-21	
60	64654	64442	64	MKIHKTDEKRIYFMMDSGAYGSISR	70	No se encontró una similitud significativa.									

Fig 2R

61	66544	64715	65	EDVVKLLRCRNHLWKDKVDPRTSE CLSEKAEQLRKEEMRNYMEFL	609	Trifosfato reductasa de ribonucleósido anaeróbico [Fago T5 de Enterobacteria]	AAX12030.1	0,0 (379/608)	Trifosfato reductasa de ribonucleósido anaeróbico	Trifosfato reductasa de ribonucleósido anaeróbico	PRK09263	<1,0e-180
				MNELDLIDNIYSILDNEGEEDLMFN NANKASEQFPTQRDMIAGEVSKYV VAQELPAYLLAAHNRGEIHIHDMDY RAQGYTNCCLVDLAGMFKNGTKIG GAEIETPKSISTAAAVTAQVIAQVSS CQYGGTSIDRIDEVFAPYVRKSYDK HLAIGQRWLHDSKKAAVYATEMTE KEVYDACQGLEYEVNTLFNSNGQQ PFVTFGFGLGESWEARMLQKAMLE VRIRGLGASGHTAVFPKLIFAVKEG LNKSPSDPNYDIKQLALTCTSKRMY PDYVSYERVTAVTGDFKFPMGCRS FLSAIESGETAGRNNLGVVSINLPLV AVESEGYFDRFWKLLDEYIDKAMA AHDWAIERLKRVRAKQAPILYMHG AFGVRLKANDLVWPIFEGRASVSL GYIGINELVEVMFEDTDPMSPPAIE FAVQVLNHMKDRCNKKAEETNLGF SLYATPSESLCNRFNTKIAEQYPEY DWLTDKGYLTNSHHLDVRTKVAPN VKFDYEANFTTIANGGNISFVELPE MRKFIPALEWVVDYGLSKSHYIGVN IPVDECEECGYLGESVSGEHGFVC PQCGSGNISVTRRVCGYLGSPGSR PFNPGKQQEVMQRVKHMNLK	249	Proteína inducible por inanición de fosfato [Fago T5 de Enterobacteria]	AAU05235.1	7e-96 (173/246)	ATPasa inducible por inanición de fosfato	Proteína similar a PhoH	pfam02562	5e-40
62	66854	67603	66	MRKAARRKESRRNGSAKRERHEN VIPVDFEARERFQPTAKELKPKNAE QKHYISTIRNFTVTVGIGEAGTGKTF IPSVLAAQELATPGSVYEKFILVRPN EPLGKSLGMLPGDLNEKMAPWLEP IADGFKWALGERSYQGLVERKAIQ YLAIEHARGRTFNNSYVIVDEAQNIS VEAMKCILTRVGQDCKLVICGDVAQ KDIKSDSGLQLIMDIYDQYEHVPFSL VELHDNVRSAESKAFQAIFNDMGI	59	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
63	67539	67718	67	MITCVPLNPKHSRQSLTIWESNMVT ELIIGYGEGITSEENWGFVGFGEGIT SHDERPDL	69	No se encontró una similitud significativa.						
64	67733	67942	68	MNNVFTLNNFRTRKTKVHPVSLAT VNKYNANYPEDERRHHAAFKIANE FPNQPLGTKELVSRMKKLHFY	774	Difosfato reductasa de ribonucleósido aeróbico, subunidad grande	YP_006924.1	0,0 (534/776)	Difosfato reductasa de ribonucleósido aeróbico, subunidad grande	Subunidad alfa de difosfato reductasa de ribonucleósido	PRK09103	9e-145
65	68071	70395	69	MTQRIEYVIKRDGTKEPFMAQKLND WAKYIGIRSDVPWSPVAVAAVKNL PKGDVHSDDLQTMLIKSAESMIERD HRYDRFALELRLAQLRKNLFDSYTP PSLRFFHDHMVELGAWEDMSGWI									

Fig 2S

			SDDQFEALNEVIDHSRDELFTNAGL KQFMDKYSRRNIYTEEIYETPQFAY MGMAMAAMLSQPHWSMLDAIDLYN ALSLQKINVPTPPLVGLRSADRGFA SCCLVDGTDTLDSIDAAEHVVFKMV AARAGIGYHLESRSIADPVRKGAFP HSGKLPYYRHIDRSVKANTQQSRG GSATVYTAFFDPEIIQVMEAKSNRS PDEKKIDKMDYNLKFNSILLKRFLRK ENITLMSFLYAPEVYAAFDSGDVAE FERLYIAAEKRLAGVTKRGFKGEVL PVAPVIPAAELIEFWKTVRMETGRL YTMDAGEVNRNSRYKDPVRMSNL CVEIVQPTFPIPHVVDLYRTDEELD KMDVSEYGEVSLCNLGGFALGRIK TLEEWEKISYILLKFVDTIIEIQHYPF PAMKYTALRRRNVGIGLMNAAGAM AAEGLAFEGEEARNWIHREAEKAS FFLHKASVRLAKEIGPCEWFHRTHT SDGTLLIDTYKKTVDDLVSVGLEMD WESLREEIKTHGMRNSVLTASMPG ESSSVLIGVTNAVEPPRSAVTIKTS GVNKVITVAPGLDDWDTMQSYKYA FDIDRTEHIKWLAVLQKFTDQAISAN LYYDFNKYPGGIIPGTEIIKDLLNSTK YGIKNLYYANFDVDTGGSAAEQGC SSGGCTL	386	Difosfato reductasa putativa de ribonucleósido aeróbico, subunidad pequeña [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006922.1	5e-118 (225/390)	Difosfato reductasa de ribonucleósido aeróbico, subunidad pequeña	NrdB, subunidad beta de difosfato ribonucleótido reductasa	PRK091 01	2e-63
66	70492	71652	70	MATVFNREWDHTESKLFLGQDLGI ADYVNVRYPRLEELALLQRSQFWV ETEISLEADKKQWPNLPQHIKNKTL LNLAWQTQADSIITRAPEDAILKLVS RPELEGMLIQWSYFENIHSRAYSNII RNVLPNPGEFIATVQANDEAFARLA LPVSVIDELAEIADIWLDARANLEIAE KEGTLEYTEEADFLALTEQVQQKIL EFYYAVYALEAIMFYASFACTFALA ENDILTGIAKNLQLIAKDEALHTVMA MEVLRILQNGEIPPHVVAAAQANAP KILRSILETEINWAHYIFPEGEDIPGL NADLLVEYLYYNARLAFMAINIPWP EDLPVIMEDPIGWMKGWLNTKNQQ VAPQEAQITNYRVGATSQANPDDL SDEFGEFL	187	Dihidrofolato reductasa putativa [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837029.1	1e-08 (40/122)	Dihidrofolato reductasa	Dihidrofolato reductasa (DHFR)	cd000209	9e-07
67	71652	72215	71	MITALYAMRYDAAFGIFNPATMDAY GELPWGSIPEELEQFYRILDTYQVVI VGHNTYETAPPRLKKALEKKSMVY VVGSKAPVLIKNPPRNVRFITHLGS KIRDFCNEVEVVCIGGKALLETLAT									

Fig 2T

68	72212	73066	72	MGCLDAIYRSTIYPKAGTVPSLDHI MYLEHPILTSTPPDAVVTHIASGEN ERYRFVMEGVYL VIHYINEGKRILEEGVWLENPRTGV RCLTVIGSNFEYDVLGKKFPLITTRK AYALQAIMELIGYLRGYDSAEQFRA GCNTWNANANENEAWLVNPNRKG TDDMGRVYGVQGRTWLRPDGSHF DQLYKIYENLRRGIDDRGEILTFWN PGEFDQGCLRPCMHTHQFSLLNG NLYLDSFQRSNDFLLGQAFNMVQC YTFLALMAQITGNRAIRANQRIVNM HIYENQYKVLMEHGQFDRKPFPAP RLEINPEIKTLEDVLTWVSKDDFKIV GYKSHDPIAYPFTA	284	Timidilato sintasa [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837028.1	9e-120 (204/282)	Timidilato sintasa	ThyA, Timidilato sintasa	PRK018 27	2e-82
69	73073	73306	73	MGLFNRRPKITFSEREESQLKFLVQ SSGLHIDVILGMVKYKGMDALMRQ FAPKPPKENPPAKRDYNSNLLVPP AKLL	77	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados			
70	73404	73679	74	MSFTDAKAMAAKAKRSNDMAVIAA RRSIISNIDGSASSGKTEVDSYALN GLPIAARSQIMEDLKDAGYEVKVNH PFDQRDTESITISWGHA	91	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados			
71	73679	74161	75	MFHVYTDGGCRGNTRGVDNVGA WAMVVYNSSEEQIGTKSAPKRNTT NNEMELQAVLEALLWSNKNPGRP MTIYLDSTYVKNGCESWVWGWER KGWKKADGDTPLNLDQWKWIIDEL KKYRLNHNEIPTFVKVKGHSGVEG NEAADNLLNVRMTELEMEDM	160	Ribonucleasa H [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837024.1	7e-44 (85/160)	Ribonucleasa H	RNasaH	cd06222	6e-26	
72	74161	74322	76	MLENLRRLVSEMKYEVLLMEPGVD RVVMKLRIARMEAQIFEAEWKALR GGDEL	53	No se encontró una similitud significativa.								
73	74322	74672	77	MAPDLRDLFPNVPQYQLDLYAAFL EASKSGNPLRVYRQDRRHGKSWIL RWLKENEPLLKKLSERNSVQHRHT TKVGTSTSAQKSRQNISGGNRYEFI IFDDLVDENEKTQLLNAKN	116	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig 2U

74	74726	75136	78	MAKQTSKKAVETKVATFPKTEANR KARLERHLRKHPADTQAASAVGKP APRRKKPVTKGSTSGYVSKIVGWS TPDKADTKEVLRKTQGRFGSVKPNI FGCEYSRENVRALCYGVGIKFTGK ANKPRNQKRKPAKKA	136	Proteína T5.089 hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006917.1	8e-31 (83/170)					**No se han detectado dominios putativos conservados**		
75	75136	76140	79	MRNFVAKNDFNRAATHKSALDYSR VNSRELMDSCYEELEDWAADWPS MEENWDVSEDMTKPPPEVASKCD NTSRSNFNNKGNNMQNLQDRWIS VCDIESLGTPGDCKSTFIAMPFFAF VLMKDLSLDPYVLGTPNVAQQLAL GAKVSAGTIAFWMNEARAGSAPSL SIIEALNAKDGESTVLVCNPTHESP VSKHTFMDLICPFVEAKQVIEGIDE QGIDTRSLRHYGNGPQFDMSIYET VAAQANVFSPSDPAIVPWKFWDIS SARNPRDYFEALGGDWKALVRCA EIYAHDVIERYNLIPEGVYPSKHDPV FDALVEAYCIKTIESKLKI	334	Metalopeptidasa putativa [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006915.1	2e-39 (96/244)	metalo-peptidasa	Hidrolasa de la pared celular	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
76	76205	76666	80	MKAAILMISILTSFHAQAKIDAHEIEC IAKNAYFEARGEGVKGMTAVAQVT KNRVNYGKFPSTYCKVVYQPGQFS WVGKKKHKLDRKDEEWKQAKEIAR LVYYMDLPVDPTKGALYFHSKDTK PYWTKDKDFKRTSKIGNHVFYKLK SQLPNA	153	Precursor de la enzima lítica de la corteza de la espora [Fago **T5** de Enterobacteria]	AAX12015.1	2e-44 (96/146)	Hidrolasa de la pared celular	Hidrolasa_2, hidrolasa de la pared celular	pfam074 86	7e-23	
77	77991	78317	81	MNDLSMLTKIRSDIESMVSRRSELT KAKQIISGGTQKRFTLQAGDIKFDL CGSQTRDYTFEMKPCYDMVKLGLI KALDIKQIDQCTDAIKTLNVQFAAEC DRLKNSIKV	108	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**		
78	78320	78496	82	MVASVHTPPYERPAPNLTPEQKQLI ARRTLEFKESLHKSVGRYSEQVHD LVVIKTLKLY	58	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**		
79	78498	78570	83	GCUUCCUUAGCUCAGAGGAuAGA GCAACGGUCUUCUAAACCGUGG GuCACAGGUUCGAAUCCUGUAGG GAGUA					ARNt1-Arg					

Fig 2V

80	78725	79018	84	MAYKIEYLKKGVLTELVIDANMARN EGTKSVFYKDGSVARMINTEDIQDL YVISDEEAGFVKDPEPAEDTPTEDT PVADTTTEEPPVEGTPEDEAAV	97	**No se encontró una similitud significativa.**			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
81	79051	79122	85	GGGCCGGUAGCUUAAAGUuAAAG CAGUGGCCUCAUAAGCCAACGAg UGGGAGUUAGAGUCUCCCCUGG CCCA				ARNt2-Met		
82	79147	79344	86	MSTKNAIVSFVDDSGIVLESTVTDIS PKRLLHRDGDILEILNKRSETMLVIP VNRLLSIKIVWED	65	**No se encontró una similitud significativa.**			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
80	79344	79553	87	MDAQLQTQYYMLLGMLEDAGPTV RGHYERHKAAFEALLKEVNENEGG KGSDSYAAFIIALQVFLINQLK	69	**No se encontró una similitud significativa.**			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
84	79564	80058	88	MLNIKRKGFFYKWLNFSSASFTYRL NDNRVTLCSLFWHSVWYFLLQIGV TAIAVLFSLGMGSILSTFLGLTFELGI TPWYMLVGLSLAGLSTIIAILLAIAGI GWACAKIGDRIQEWNASKSFERAQ KEYNARDEELRFGNIYQKMRIYKKD KLCPLIRVDHGE	164	**No se encontró una similitud significativa.**			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
85	80153	80225	89	AAGGGAAUAGCCAAGUGGUuACG GCAUCGGCCUUUGACUCCGAGA UcGGUAGGUUCAACUCCUCCCUUC CCUUG				ARNt3-Gln		
86	80239	80312	90	GCUCCUGUCGGUCUAAGCuGGUuA GGACACCACUCUUUCACAGUGG GAACACGGGUUCGAACCCCGUU GGGAGUACCA				ARNt4-Glu		
87	80589	80667	91	GGGGGAUGGGUCUGCUGGGAgu GGACACCGCACUUGCAAUGCGG GAAuCagAACGGUUCAAAUCCGU UAUCCUCCACCA				ARNt5-Ala		
88	80675	80761	92	GGGGAUGUGGCGAAAUUGGCaG CCGCGCUAGAUUUAGGUUCUAG UGGuGAAAUAUCCGUGUGGGUU CGACCCCCUCCCAUCCCUACCA				ARNt6-Leu		

Fig 2W

89	80779	81015	93	MNIEIMQLDRKKNEFRKVHTFPSKE ALEFHIKCMGLVLPESEIFDLACAN GVLYVWEITYHADPDELRKEVEQIL TGE	78	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
90	81007	81091	94	GGAGAGUAGUGCUCAUGGGAGC AAGCUGACUUGAAAUCAGUCGCC AUCGGAAACGGUGAGGGUUCGA UUCCUUUAUUCUCCGCCA					ARNt7-Ser			
91	81099	81184	95	GGAAAGCUGGUGAAAUGGUaGC CACGCAUCACUGCUAAUGAUGAG UCCGCAAGGGCAUGAAGGUUCA AGUCCUUCGCUUUCCGCCA					ARNt8-Ser			
92	81444	81520	96	GGGAUAUUAUCAUAACUGGAuAA UGACCUCGAUUGUGGAUCGAGU CUaUCUUGGUUCGAAUCCAAGAU AUCCCUCCA					ARNt9-His			
93	81528	81602	97	GCACCAUUAGUUUAAUGGAuAGA AUAUAGAGCUACGAACUCUAUGG UUGAGGUUCGAUUCCUCGAUGG UGUACCA					ARNt10-Arg			
94	81732	81807	98	UGGGGUAUAGCUCAGUAGGUAG AGCGGAGGUCUCUGAAGCCUAG GuCACAAGUUCGAUUCUUGUUGC CCCUGCCA					ARNt11-Gln			
95	81810	81886	99	UGCACCGUAGAGGAGAGGCcgUC CUCGCCAGUCUCAUAAGCUGGA GAuCGCAAGUUCGAAUCUUGCCG GAGCAUCCA					ARNt12-Met			
96	81900	82094	100	MMRISFTERVLGTGVMLITSWDGD SWCNVTGLRKSEQTPENIAKIKKR MAEAASRPGAPRNGKR	64	Proteína hipotética [Bacteriófago 5]	CAE53211.1	2e-18 (41/63)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
97	82081	82260	101	MVNVEVTMTRYQGMLINTHTKEIVF LAPAFHDTYNEAEEDARIAKIHPDE EICVRQQEQ	59	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
98	82262	82337	102	GCUUCAAUAGCUCAGUUGGUAG AGCAAACGACCGAUAAUCGUUAG GuCACUGGUUCGAGUCCAGUUC GGAGUACCA					ARNt13-Ile			

Fig 2X

ES 2 825 050 T3

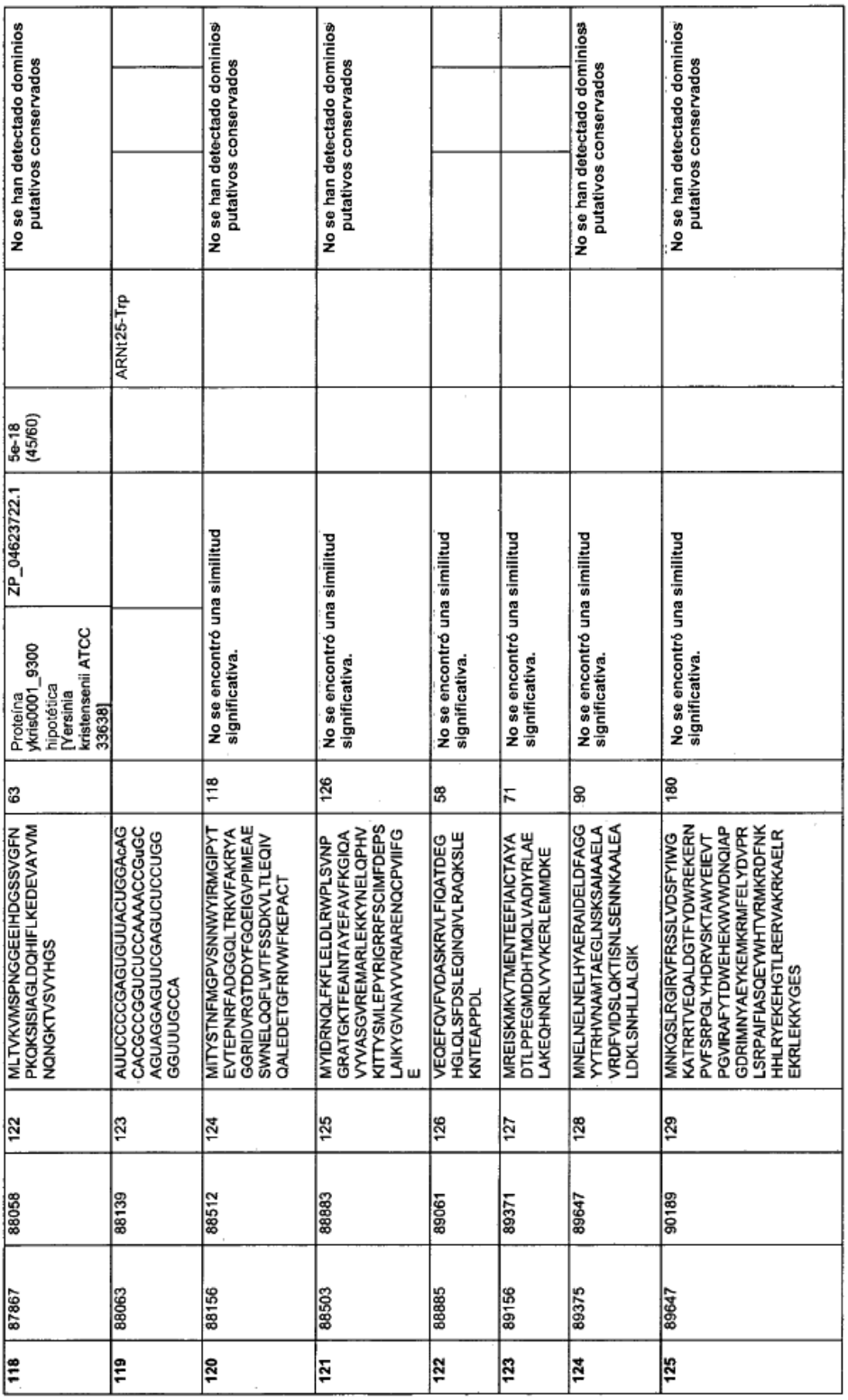
99	82495	82571	103	GGUCAGUUGGCAGAGAUGGUuU AUGCACUCGCUUCAUACGUGAGA CUaCAGUGGUUCGAGUCCACUAU UGACCACCA					ARNt14-Met			
100	82575	82650	104	ACUUGCUUAGCUCAAUCGGGAG AGCAUCGUCUUUACACGGCGAG GGuAGCUGGUUCGAAACCAGCAG CAAGUACCA					ARNt15-Val			
101	83285	83566	105	MEKITATGIESALVVDWAGWDGDH EWMVFYSCTLQPELWTRLTDEHA MPYGIIDVEIEINKLVGTIMVHRAEG DHKEIFRKSIKLVVSTGDFI	93	Proteína AGC_0078 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837001.1	3e-09 (31/87)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
102	83587	83964	106	MYTRPTNGNSAVVRLMIVQDNLSN NIESLDRRIEEYRTEMLSLMRREA KIEEQLEVCEAIDRLVDGTAVFMAE APAEPTFTPVAPADMQYAILPFHLE EEDGEGPSLEDVVRFLLASGFPNG GR	125	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
103	83964	84179	107	MDFIVVCGANTDCFELLNDALDKVD EHMQEGRTPTFIDLSQGKTYFYPSL DVEPTVLPIFMHSLSWDEEDD	71	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
104	84374	84450	108	GCGGCUAUGGUGUucAGCGGUcA ACAUACCGGCCUGUCACGUCGG AGcCACGGGUUCGAAUCCCGUUA GCCGCGCCA					ARNt16-Asp			
105	84784	84861	109	GGGAGAGAAGCagUAAGUGGUAU AgGCGGUCGCCUGUUAAGCGAAU GAcAGUGAGUUCGAAUCUCACCU CUCCCGCCA					ARNt17-Asn			
106	85090	85163	110	GCAUCAUUGGCCGAGUGACUAG GCAGAGGCUUGCAAACCCUCGAA GCAUGGUUAAAAUCCAUGAUGGU GCUCCA					ARNt18-Cys			
107	85180	85359	111	MIKYKAFVTRESQTGDSSIKFEGTT LHDTFEAALTEAETHIVSKSCYAHV WEVNTILDR	59	**No se encontró una similitud significativa.**						

Fig 2Y

108	85350	85425	112	AGAUCGCUAGCUCAAUGGUuAGA GCACUCGCCUUUUAAGCGAUAG GuUCCGGGUUCGAGUCCCGGGC GGUCUACCA					ARNt19-Lys			
109	85601	85678	113	GCAACUGUAGCUCAGCgaGGUgA GAGCACUGGUUUGAAAGUCCAG GGGuCGUUCGUUCAAAUCGAACC GGUUGCACCA					ARNt20-Phe			
110	86126	86320	114	MNQKILMRYNPRALWFRWEVIVSY QIRVRNGDPENNIIVLETFSNRDAA VKFLNTIDNTLIKVY	64	**No significant similarity found.**						
111	86323	86661	115	MDIFTTPAINLVGVGLFQATVYRIDD STDVVTFIVPEFFLEKFFEEFEQFRE EHDAYSNMEDLAAMFPTVYGYIFE GNDLLLDKSELVELNWGISFEVGSP FPRYFQGLEIR	112	Proteína AGC_0081 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837004.1	3e-20 (48/53)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
112	86661	86810	116	MGGYSNFIENYINSVDSWNQETLV VVLKERFNISTLEALEAIEAYLDND	49	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
113	86812	86889	117	ACCCACUUGGUCCAAUCuGGUaG AGGCAUGAGGCUUAAGACUUCA GGGuUCCCGGUUCGAGUCCGGG AGUGGGUACCA					ARNt21-Leu			
114	87022	87098	118	UUCCCCUUAGCUCAGUCuGGCAG AGCGGGCGCUUUGGGAGCGUCA GGuCAAGUGUUCAAAUCACUUAG GGGAGACCA					ARNt22-Pro			
115	87104	87179	119	GCCUCAAUAGCUCAGCCGGGAG AGCAACCGCCUUGUAAGCGGUA GGuCGUGGGUUCGAUUCCUACU UGGGGCACCA					ARNt23-Thr			
116	87472	87547	120	GCGACUAACUGUACGGGuuACAG CGUCCGCCUUCCAAGCGGUACU GAGuGGGGUUCGAUUCCCCCUA GUCGCUCCA					ARNt24-Gly			
117	87647	87748	121	MKAFDAELVFSLLAEMEACVDRVR ALRLSMFSS	33	**No se encontró una similitud significativa.**						

Fig 2Z

ES 2 825 050 T3



118	87867	88058	122	MLTVKVMSPNGGEEIHDGSSVGFN PKQKSISIAGLDQHIFLKEDEVAYVM NQNGKTVSVYHGS	63	Proteína ykris0001_9300 hipotética [Yersinia kristensenii ATCC 33638]	ZP_04623722.1	5e-18 (45/60)		No se han detectado dominios putativos conservados
119	88063	88139	123	AUUCCCCGAGUGUUACUGGAcAG CACGCCGGUCUCCCAAAACCGuGC AGUAGGAGUUCGAGUCUCCUGG GGUUUGCCA					ARN125-Trp	
120	88156	88512	124	MITYSTNFMGPVSNNWYIRMGIPYT EVTEPNRFADGGQLTRKVFAKRYA GGRIDVRGTDDYFGQEIGVPIMEAE SWNELQQFLWTFSSDKVLTLEQIV QALEDETGFRIVWFKEPACT	118	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
121	88503	88883	125	MYIDRNQLFKFLELDLRWPLSVNP GRATGKTFEAINTAYEFAVFKGIQA VYVASGVREMARLEKKYNELQPHV KITTYSMLEPYRIGRRFSCIMFDEPS LAIKYGVNAYVVRIARENQCPVIIFG E	126	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
122	88885	89061	126	VEQEFQVFVDASKRVLFIQATDEG HGLQLSFDSLEQINQIVLRAQKSLE KNTEAPPDL	58	No se encontró una similitud significativa.				
123	89156	89371	127	MREISKMKVTMENTEEFIAICTAYA DTLPPEGMDDHTMQLVADIYRLAE LAKEQHNRLVYVKERLEMMDKE	71	No se encontró una similitud significativa.				
124	89375	89647	128	MNELNELNELHYAERAIDELDFAGG YYTRHVNAMTAEGLNSKSAIAAELA VRDFVIDSLQKTISNLSENNKAALEA LDKLSNHLLALGIK	90	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
125	89647	90189	129	MNKQSLRGIRVFRSSLVDSFYIWG KATRRTVEQALDGTFYDWREKERN PVFSRPGLYHDRVSKTAWYEIEVT PGVIRAFYTDWEHEKWVWDNQIAP GDRIMNYAEYKEMKRMFELYDVPR LSRPAIFIASQEYWHTVRMKRDFNK HHLRYEKEHGTLRERVAKRKAELR EKRLEKKYGES	180	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados

Fig 2AA

126	90176	90403	130	MVKASLLRFTPGVGLQYKIVGGHK FQYFTPGKLYFVELHDSRAGYKLR SDANEGIWVSFTQVKRWFTVEGYN DYE	75	**No se encontró una similitud significativa.**						
127	90390	90758	131	MIMSKVVYFVKCGRDTLELVDHKM QTCKCGASSIDGVAGAYYRFLGDK SNFMRLNEFQLEVEKNRPALEAEA ERLKDFDGNIVAYNMVSGKDFWSE LAEKLNMPRQAAKALYHGFNYSPR WN	122	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**
128	90727	90993	132	MASTTRHVGIKFSNSNRTYVYRVP SYWKYSPEIGDVVIPGNVMFNNP RRAKVVEVHGMYGKPEYKERKNIS YVELHDYLPKEERNGR	88	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**
129	90983	91288	133	MDDKIAREAIELVRKRLEERNVEVP KIMLIGYGGIGGFPSFTDLERMERE SQASFLELESYAREMEHEHPIGNN FMPRSSRQEVTHGKTNSWPTPKR RGRK	101	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**
130	91285	91494	134	MITTGFGYSHEELCKMVESAPFIKK LVEEQRPVCLHAACTKCHGTGVDK NGKMCVHALSCPCPKCSWSC	69	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**
131	91496	91933	135	MDLGYCVVHEFMEQGLPDRICVVT SRNLEAAQSLVERLSGYYRDHERY QQKVFDLTKLYHQKALDMPTPQLD DLKQFSPEAWYSVKDASPVDYTVQ VFSHYGTRHWINRKWDSMVDYLN SELEKGAAEYKRKRAEAKVLKNSV AL	145	**No se encontró una similitud significativa.**						**No se han detectado dominios putativos conservados**
132	91980	92303	136	MSKLSIESIIRPLMHGYVQGSCVSE TEALNVIEEELVANGYNLHEGVIEDL FWQTAEDMEIFRCVNCGWWCPAF ERAENQIEEICRDCEPDLEGEVDEQ DNEGEDYE	107	Proteína T5.053 hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006881.1	2e-05 (31/87)				**No se han detectado dominios putativos conservados**
133	92296	92568	137	MNKITKVKTMSKRSIAAIIAFSMMIYS GVSLAAERNKVEISDNGRVRVTTN GITKGAGKFRKSETRFGETKIYTNK TYGKPAVTLDRYGRQVEDEDDSDE	99	Proteína AGC_0054 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836977.1	6e-04 (25/70)				**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig 2BB

134	92561	92995	138	MSNLHPKLQETLDWINEECAFEEA PYCVWARAGAAPSEWCTVFDNRY RITVELSLKEDKVYAKASMTALGLS GFVEMQELCMPNTHLRVQIEQLATI RLMLPEDNINIDHFHKVIENEYKLRR QRRKARREVEKTRMMCNMNPHV	144	Proteína AGC_0053 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836976.1	1e-14 (43/115)	No se han detectado dominios putativos conservados
135	93115	93507	139	MFTLFILAVSAWMAVGINHGLDSAK LLSAKAFEFLAKFATRKDIEAIIAKG GAKDASSVLKSFDKILELRNGKHAA ELRCMSRKTIGRLCKAIFIVQGALK GPFAKYKPDSIKRAKIFNDYCVEHH PLNR	130	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
136	93616	94314	140	MRIISKLKDVYDLQGTMYDAERAW YREEVKEVVNVSADFEQIIFYAEILR NRTSSGYGGVNMGTLEVRPVLICG TLRWLYGYHTGLGADAVHIQTFDP VKVKEVLEEQGYYLRMGWDMNTIE KIDAHVRNATATASAFLETFNKPIA MAWDAAKSKTDPTVNITVKTDFNF HAEDFPWQEIDPNLYRWHQTLESY IFGVLGQGEPKTESTSDRDRLIAKG FDAKVSFRNMER	232	Proteína AGC_0049 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836972.1	1e-34 (92/237)	No se han detectado dominios putativos conservados
137	94280	94741	141	MLKFLSGIWSGKTGAILFLAIAAGTF GGAYYITNKLTDMSSSLQSLSNRN EQLEKTVGNLQTEIRNRDRNTTTYI TNLAKNQEDLDGRINKLDAARAKE GVVAAKPKLATKVAKDKVNEFQER LSCVTGNMDSCSRLQLSHPGVQN GQTQVAQ	153	Proteína AGC_0048 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836971.1	2e-20 (56/143)	No se han detectado dominios putativos conservados
138	94654	94983	142	MRNWKYGLLLSAAIIASGCAERPDP SSTVTGVEPQHLPWPASLQTCPFN FEFINEEGKVYVRIPYQDWITMGKC NEQVYTYIANLTALTCTYRVSLNEY RCKPFNKETK	109	Proteína AGC_0047 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836970.1	1e-19 (50/108)	No se han detectado dominios putativos conservados

Fig 2CC

139	94980	95741	143	MKYVLGLIGDAGAGKDTFADMAKV WAWEVLGPEYSISKFSFAAPVYEL AAVILGVTPEKLAERRTKEIKQWFW VTQEALERTANVWKRFGIDKYADF SYVWPQFEASALYPLIAKTAPDFYQ GRETPLYPLYTSPRKMLEFVGTEL GRALVDENLWLNIVVDRITATKADIS IISDVRFDNEAALVRNFPGAQNSSIL KVHAPNNIHAIQSTHASARGVAPEF IDDVVTNNFDGLENFRKNVNAFCD ERILFI	253	Desoxinucleósido-5-monofosfato quinasa [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006871.1	9e-54 (117/250)	Desoxi-nucleósido-5-monofosfato quinasa	**No se han detectado dominios putativos conservados**			
140	95751	96362	144	MGQINNVEQKGGNKTPNYFASLVA TKAEYNIYHYHLDQPIVDVDYYRDL SVTLATMQEGDTLNLYINSPGGYV DTAVQLCNLIMNCQGTVIGHLVGPS ASAACSIFLACHGWLVHPYVMLMG HTYRGAHYGKGKNEIQHYADQFNS FFEDMMLDLYYPFFSLEEITEMIEG GKDIWLTSKEINERVDRMAAHREQ EARKAAGQ	203	Proteasa Clp putativa dependiente de ATP [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006870.1	7e-51 (96/181)	Proteasa Clp dependiente de ATP	S14_ClpP_1, proteasa caseinolítica (ClpP)	cd07016	5e-19	
141	96520	97182	145	MDKFIQLISLLLQEAKDPASLLKRLL TLLVGLVIYLFIANTSEVMSYLKTFS TSAVLQDVKVQRTLEFPNVAREKA MILFSQTRADAVFVVKYKPEAINDY QTIIAWESNVQLDKSDVSDKAVDKT SMLYRAHLDGLNFAIDAREKRGLSK WSGTGLPPFKSANFEYVYTCPYFN LNNIYSGYVAVAWEKYPLQDEDMG MFNDYMAKICASPQRSLGRSI	220	Holina putativa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006869.1	1e-82 (144/220)	holina	Holina de bacteriófago T	pfam110 31	8e-47	
142	97179	97592	146	MSFRFGNRSLQQLDTVDPKLKALAI RALELSPHDFTIIQGKRTVQQSAQN IANGTSFLKDPSKSKHVTGKAIDFA PYINGKIDWNDLEAFWAIVGAFKKA ANEMNIAVRFGADWNNSGDYRDEI QRGTYDGGHVELL	137	Lisozima [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006868.1	8e-57 (104/137)	Lisozima	**No se han detectado dominios putativos conservados**			

Fig 2DD

143	98142	98546	147	MSDRFYTQMCEHFKVSPYELNIAL WDRESPEFKKIAKKSEGVMSNGKK MTRIDLNNALTKLLGVNIEGQKLSM PTLTTILEKVKAGDVKKVAVPEGRL KKPYQEAIIEAFGEKLDLDTATVKT MKALLESININV	134	Proteína T5.038 hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006866.1	1e-37 (86/141)			**No se han detectado dominios putativos conservados**			
144	98539	98823	148	MSKKIVFLKGSSCVPCKQFEPVFDK LTAEFNLPVEKRTDDVDSLRKFGLR TVPAVVLVDVENGREEAHHILSGAT LRSAVVSKAIQDFIDYVEE	94	Tiorredoxina putativa [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006865.1	6e-21 (48/91)	Tiorredoxina	Familia TRX	cd02947	8e-04		
145	98925	99329	149	MTKQAYLILNNGFAVGTTFVDLGYT KEEWQALDAAQKNQLVNEAAWEY AEAYVEAVDDELVIVVSLGAVGCDA HVHTDFQSEEEIWDELDLTHQNALI NEAFWEVVDCYVAFCKDDDEANT CTNYGYEHDDVECA	134	Proteína AGC_0039 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836962.1	3e-21 (49/103)			**No se han detectado dominios putativos conservados**			
146	99329	99691	150	MQKFSRDWSSDMARKNRAAAYYN KKIQLDKLIKGITYNVERGFSGIKVD ARSLDYSCILWAKQNGYAFKRIGNE ILIAWEPEGLVQYVIYDPYRGEYVR DHRQQPTDFSLPKRYYLETRY	120	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**			
147	99691	100521	151	MNVHETVTVPDNANIFFIGDIHGEY DMMMGALKLAGYEEGRDYVFCVG DLIDRGPKNLQVLAKFLYNPKFRSV RGNHDEFMIQDDYANWMYNGGS WTITEGFDTDTMKGIAEDMDSKMP YIMTVEHRGKRYGVVHAGIPLRYQ AQGMGVTVPVWDDIVHEHESTPDL RRLGVLLWDRDVIQEVGFNLYRSG EKHPYFDRYASFSEECAVDVPEIVG VDYTFHGHTGVPFPIRWKNRVYLD TGGTFNGRMTVASPVLGQLYTFTT DRDDPCGSADII	276	Proteína de treonina/serina fosfatasa putativa [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836961.1	3e-98 (176/283)	Proteína de treonina/serina fosfatasa	PP2Ac, homólogos de la fosfatasa 2A de proteína, dominio catalítico	cd00144	2e-08		
148	100532	100765	152	MKLFKDLEEGEVFVVAGGFELQKC VAMLDNGNSVFTDDANISVTIAPDT ETWKPKEFWEIHKDRPLDDLLDIL FTA	77	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**			

Fig 2EE

149	100774	101142	153	MKLESRYIVFKQSDAAKYLTSTAIR EINDSLSLIYKGREADGKVGFPNYIV LEEDWPEYPIAKEALEGRIVLEEFN KRAEKKRGAKAAEDHYKQHQSTEL LRGISPFCAGWNDYMRRLVIEE	122	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
150	101145	101264	154	MYTGMGNDMAKMFIGLLILAALVGA AIVGGIWALVAFVF	39	**No se encontró una similitud significativa.**					
151	101328	101756	155	MKNAMIELNANMESLRHAVNTARA SFNLLMRDESIPLSARVKAFEEFAD ELLHMGDYLSDSPFNEDRRDYQHA YCNRGEIVYLTDVLESVLEYANSFM RTPDEWEDASNDYVLDEIQKNWPE IKKLVEEHIHSEVYAYRIDW	142	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
152	101838	102143	156	MAKNTISYTTGKTADEQANTLTKDE MVAVLVILLDMSGFEGQLAKLSLPA LRALYEGTNKNAAAYNLAKNEARW AKEHQQVAERRAESFERDLKREKA KKK	101	Proteína T5.032 hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006860.1	2e-23 (52/81)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
153	102143	102424	157	MVLEILSGLLIAALVTGTGLAVWVSI LRENNRRMRLTNNGLHEKLMDQV QDADEFSAAAERLLVRLAKIEEIIGQ DSTMSKTTKMRLITEIKK	93	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
154	102421	102669	158	MISPIVAALYLVVVGYLSGKYHGFG LKGTIKAAMLVPLYPLAILLTGYYAC VLRIFGRGKVNYDNCTALLDDIENTI KKEEK	82	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
155	102666	103007	159	MNLNSKERQVLVDALRQVVDHDLL CDEDIVESIALIAKIELAEKDSWRPL SELPPLGLAIVVQRADGAPFNTVMV RRDLAKSYSPDIITLHTKITNEPFEF NTRHYYWRLTNA	113	Proteína T5.028 hipotética [Fago **T5** de Enterobacteria]	YP_006856.1	7e-08 (40/111)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
156	103000	103227	160	MLNQLRIYNFLDCNFQVWRELPSR FLGWALFLSMVVSVFHNVPATFYM EAIQPVTVFIYEMYLVAINGWKDGRI N	75	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig 2FF

157	103211	103678	**161**	MAASTEVLNQYFNREHQEFSDLFI QMFVNANNALDYRFFNEFHETTFS HQDINSALKELIGSKVIPFRQTANAE TLELSVVWGLFKKAYEFGKYQNAR HWIYEVYLNTEVILPRQMMLGWIAK QRPERNAKSFAPINDGNLYHASEK FDAPKSVA	**155**	Proteína AGC_0027 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836950.1	7e-32 (65/147)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
158	103701	104027	**162**	MLLVEGLTEEDICLNSFYNCKTHVM QALDEERVELSKFMVNIATAQVHW QTQGLSADDILKHTLNAIAEYGKAR GEALLASKKEFDKSESMLKMAIDIH MEGIDGTIH	**108**	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
159	104039	104326	**163**	MAKKRVVVNFLEEDSGDCEYGCW NTGYGVEVMVDGKCVHRQEAWAS CTNNSSVDFDVLAHVLQGIKTKEGY PVKADHIDFGDPSDYPEEFLDLFT	**95**	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
160	104378	104566	**164**	MKSIDNYLRGENPVDQAAVTVEKV RKECFILTQRGGGNRPNRVYLNWT QSKDLYERLKREFE	**62**	**No se encontró una similitud significativa.**				
161	104566	105042	**165**	VEELRQKINQELVWEAKSFPINQFL KRDGSINHNKIKQLRPDFRQDAKNL IFINRALDAHGVFFGYEKLVFHSLN QLVEIWCPDHQDYFMQTARSHLEG NGCQKCRHRMVTRVTDYGSYTVP AYYHKFSIDGDSIIWYNNSSKLIKPL EVKDEIRFPE	**158**	ORF022 [Fago T5 de Enterobacteria]	AAX11959.1	2e-50 (91/153)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
162	105020	105421	**166**	MKYDSLNNPSTNYLTDQSVSEIKFH PNYSPDSSKPSVAAISFRFRNLRFT FVGEEDKMISIDKVKAVSELSGSDT VKFEALTSLLLTSGATVGKFELIQPH VSALTNTRNFWDQANVESLIKWDS ATEFYNK	**133**	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
163	105434	105943	**167**	MLFCTVDFEEANETYIVYGMSESKV RILWNQFQLEVPDDISKTPKDFFHLI DIKAVKARKKLTPYVFPGAVFVHEL TAYTNVVLKKSRQHPGYLTMLTYK VGAIHDGELVVRVDARLQQEVEEMI RQCQNKAELKQRARLFDMAAPSEA VAAYHGFYKEIAESDEDFFM	**169**	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig 2GG

164	105956	106276	168	MNEKYEVWTPVGENCSYLLRTLCT REDGTSFSEYLSECHAKAQQDNPL FKIRGEDILKVNGVPYTPVDSFAAL QVFKEHRERENRRMIERLTGREPF SHPRWNEET	106	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
165	106276	107040	169	MSRVEKLQHIYNLVKKADQKKLSEL SEEEYQAVLFCCSAMPAKLDGVLA KSDIHNGKETTFQPPYKWLASNIQQ MVGKVTGFSNRKTPNIFIDITPRTPE FTKDWRDALDSFPSWKVFYKPDDE TYAHLPFLKHPGYTVEDPSSGVNF KDFKCTDENIAYGLMRTSVRIAMDH ELDKQDLAVMALCKDRYIKVKRIAEK LSVLSCFETIRDCEPEGEYPKGSLY WKDVKHLGLSEEAVFLGLVVTGRF LRLQEK	254	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
166	107102	107431	170	VGYSRDPFYRLNSLQLHRLPHRGL QDIVIHSVYIIDDASEFSAKLLEKAAH KKFKPMRVNFGDKFDGHTEWFDV EPHVIEKFFLSVGAKQVPIDKLIAQE QKIRKSTKK	109	**No se encontró una similitud significativa.**				Dominio T5orf172	pfam10544	1e-05
167	109330	109160	171	MRTLRGGSPKSRSHNTYQLNVIRD GQKKGGDGGGGEWGFRVIMVIIMT LVFLQSCQ	56	**No se encontró una similitud significativa.**						
168	109640	110605	172	MLQKFTPVANLPMVRGGARNLLDG SKCASIGHILGVYRSNMESRTSRAF EHSRDYVLANPGAAIVIFHDDQYLV DSQPIDLIVSTTTDAYLYKASEGKQ ASRRFCYHESELLAFTDARAWIKNL CDHLELPPARISSEMMIFVLDKDGSI LLPCDPYDIIEEGARTGNYRYDGE LEEVAPAVTENVVNPNINFETGALQ MNTIKSTATAIVAANKNAAVNAAKL EAGSIVLKKVSGIAASKAPFMVRGY VDTAVGRVVIANLLNFAVSQYAPNN RKAVIAADAAMQAAMLELVQSFNV GEMIDEVLKGVNLSSLIESDVAE	321	Proteína T5.011 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006839.1	3e-39 (116/324)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

Fig 2HH

169	110672	111166	**173**	MERLTATFEGEKMTIANVWQRLRQ NGDRGNFAIFIEPKNLDNLARQIDR RDCYPDTDDMLGIPLRIIGVYGYGF DICGDSSFEIDCESGATEIEVFLINL GSLTFLDTPPAEPEPEKLEVKTSVIV SSLTMDELADIVSTYDEIHADAIKEL NNRLDTFRDKL	**164**	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
170	111218	111745	**174**	MFHVKSCVPGINYTVEAEEGLYLE GGRIESQEVAAVLKCDTNVCGTSW TDLHFLGRGIDVDSLSWEKACEHA ESMLNEDDWDDDDSDEKYANAGV EGSFYMYWPGHSCNLVNGGSPLH SVLERAIYLGYIQIVDGKAVINLRELK TFIYIPDAETILHIEEGLKSGWKVSG VVYL	**175**	Proteína AGC_0009 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836932.1	**2e-09 (43/137)**		**No se han detectado dominios putativos conservados**
171	111742	112089	**175**	MIYIYVNKYFLAHYKTMESVIQYVSR QNARHIDEVATLKIGLRGDAINISWP LLILICRDLVAGKPVSVSALGESYPL SDDLDLYDLLTKVKTERLFYRGGSV CSSGETIETVFR	**115**	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
172	112942	>113073	**176**	MLKENVMSSEIVNEFTVADAEHFIE TYLNVVYDVDLAFHKDGQI	**44**	**No se encontró una similitud significativa.**				

Fig 2II

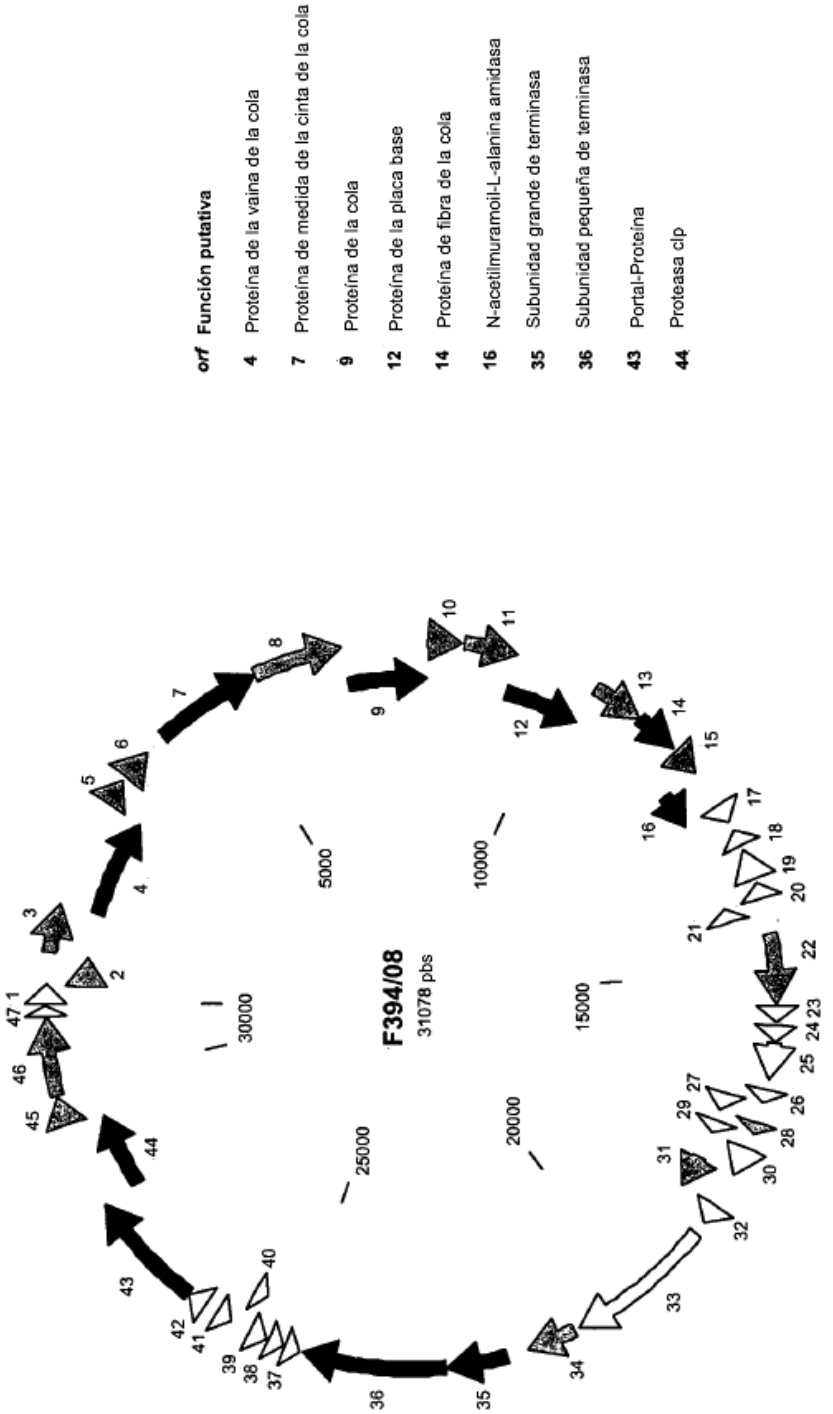
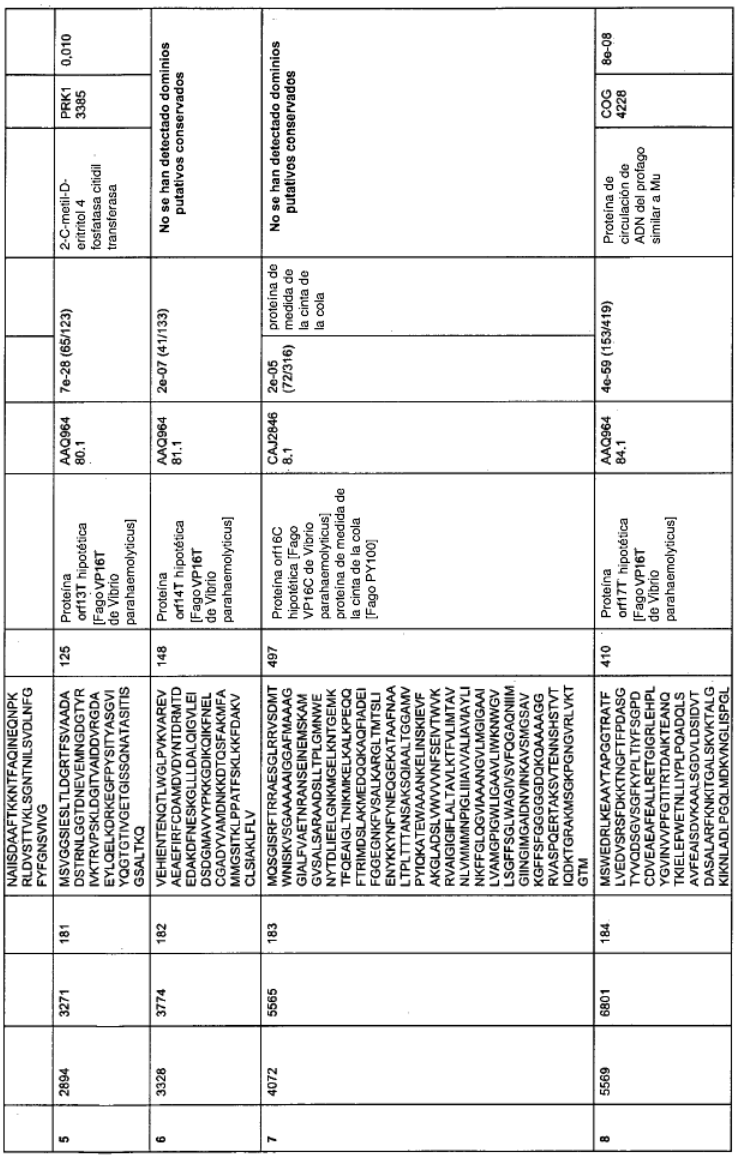

orf Función putativa
4 Proteína de la vaina de la cola
7 Proteína de medida de la cinta de la cola
9 Proteína de la cola
12 Proteína de la placa base
14 Proteína de fibra de la cola
16 N-acetilmuramoil-L-alanina amidasa
35 Subunidad grande de terminasa
36 Subunidad pequeña de terminasa
43 Portal-Proteína
44 Proteasa clp
F394/08
31078 pbs
5000
10000
15000
20000
25000
30000

Fig. 3

Tabla 3 - Características de los productos del gen fago **F394/08** y asignación funciones putativas.

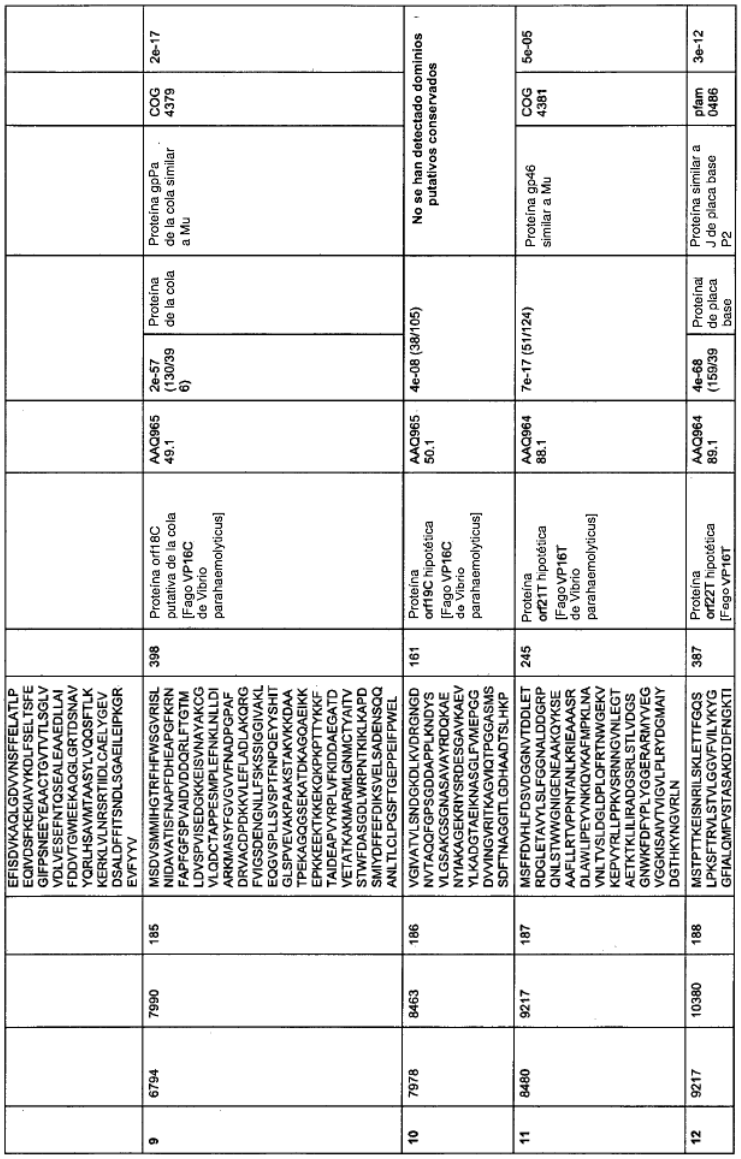
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1	<2	268	177	NPEQGQAAAAESTPADPAANVS RETKPEDLIKNDVAPAELTPAFYV VAEGRAITSKRGILAAGEAVEARD FVGGEETLNSLLERGLVE	88	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
2	265	720	178	MNIRDLAAQDFLNIVNDKNSGFG VPVVLIAPDGNAQPLSGLTTDISS YIDPETGVLVAGRVASVTFANKAI RAAGFAEMPVAVADSNKRPWVV CFRDPEGIPYLFKVVKAMPDRAIS GIVLELEVYKRSIYFNGAYKFDGT TLYDGVLDLL	151	Proteína orf10T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96477.1	4e-17 (51/129)		No se han detectado dominios putativos conservados		
3	717	1394	179	MNIEGFKKLQSPINKLDSFEIVRD QIAAILFLELENQKAIAGRAQIDPA RFDMKVYKERSNPWDLFDDGEN KPIINVWFSNSDFDYTNSSTVDK QKTTAIFNIDCIATAISQETATGQT LGDEMASLEVQRVAKVIRNILMS DTNTYLQLRGLVWSRRVLSLNIF QPSAENGMMQNLCAARLVLQAT FSEFSPQYEPQELEILSVTVHNCD GQILFNKEIAKNGN	225	Proteína orf11C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96542.1	3e-35 (87/218)		No se han detectado dominios putativos conservados		
4	1384	2886	180	MAISTAVDISAVARVLGIKTNFKNL RDGRVVILPQRIALIGQGSTGMVF ATSKRQVTSANEVGSLYGYGSPL HLAAKQLFPNNGDGVGTIPVTVY PLSDADGSQAATGSIELLGTQLE SGAYRVVVNGIRSEQFSILINEAG QTVLNRVAAAINSVLDMPVRATA DSELQKVTLVSKWKGLSANAISV QVDGDLGQGIEFAVTQPAGGLIN PSVSGALSQFGNVWETMVLNCL NIQDTEALSAYSDFGEGRWGALV RKPLIVFTGNTEADVNSAVSVPD ARKRDRTNVQLVAPDSIDLPFVV ASRQLARIVKIANENPACDYGSQ VADGINPGEDGKQWLYNVRDMA VKKGSSTIEIRDNQVFIGDVVTFY HPEGEENPPYRYVCDIVKLQNIIF NLNLIFAVPEWDGAPLIPNDQPTT NPRAKKPSMAVAAIASLVDSLGL	500	Proteína orf12C de la cola putativa [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96543.1	4e-120 (228/501)	Proteína de la vaina de la cola	GpL_similar a Mu, proteína de la vaina de la cola de bacteriófago Mu (GpL)	pfam06274	3e-26

Fig. 4A



				NAIISDAAFTKKNTFAQINEQNPK RLDVSTTVKLSGNTNILSVDLNFG FYFGNSVIVG										
5	2894	3271	181	MSVGGSIESLTLDGRTFSVAADA DSTRNLGGTDNEVEMNGDGTYR IVKTRVPSKLDGITVAIDDVRGDA EYLQELKDRKEGFPYSITYASGVI YQGTGTIVGETGISSQNATASITIS GSALTKQ	125	Proteína orf13T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 80.1	7e-28 (65/123)		2-C-metil-D-eritritol 4 fosfatasa citidil transferasa	PRK1 3385	0,010
6	3328	3774	182	VEHIENTENQTLWGLPVKVAREV AEAEFIRFCDAMDVDYNTDRMTD EDAKDFNESKGLLLDALQIGVLEI DSDGMAVVYPKKGDIKQIKFNEL CGADYVAMDNKKDTQSFAKMFA MMGSITKLPPATFSKLKKFDAKV CLSIAKLFLV	148	Proteína orf14T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 81.1	2e-07 (41/133)		No se han detectado dominios putativos conservados			
7	4072	5565	183	MQSGISRFTRRAESGLRRVSDMT WNISKVSGAAAAAIGGAFMAAAG GIALFVAETNRANSEINEMSKAM GVSALSARAADSLLTPLGMNWE NYTDLIEELGNKMGELKNTGEMK TFQEAIGLTNIKMKELKALKPEQQ FTRIMDSLAKMEDQQKAQFIADEI FGGEGNKFVSALKARGLTMTSLI ENYKKYNFYNEQGEKATAAFNAA LTPLTTTANSAKSQIAALTGGAMV PYIDKATEIVAAAANKELINSKIEVF AKGLADSLVWVVVNFSEIVTWVK RVAIGIGFLALTAVLKTFVLIMTAV NLVMMMNPIGLIIIAVVALIAVIAYLI NKFFGLQQVIAAANGVLMGIGAAI LVAMGPIGWLIGAAVLIWKNWGV LSGFFSGLWAGIVSVFQGAQNIIIM GIINGIMGAIDNVINKAVSMGSAV KGFFSFGGGGGGDQKQAAAAGG RVASPQERTAKSVTENNSHSTVT IQDKTGRAKMSGKPGNGVRLVKT GTM	497	Proteína orf16C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] proteína de medida de la cinta de la cola [Fago PY100]	CAJ2846 8.1	2e-05 (72/316)	proteína de medida de la cinta de la cola	No se han detectado dominios putativos conservados			
8	5569	6801	184	MSWEDRLKEAAYTAPGGTRATF LVEDVSRSFDKKTNGFTFPDASG TYVQDSGVSGFKYPLTIYFSGPD CDVEAEAFEALLRETGIGRLEHPL YGVINVVPFGTTTRTDAIKTEANQ TKIELEFWETNLLIYPLPQADQLS AVFEAISDVKAALSGDVLDSIDVT DASALARFKNKITGALSKVKTALG KIKNLADLPGQLMDKVNGLISPGL	410	Proteína orf17T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 84.1	4e-59 (153/419)		Proteína de circulación de ADN del profago similar a Mu	COG 4228	8e-08

Fig. 4B



				EFISDVKAQLGDVVNSFFELATLP EQIVDSFKEKIAVYKDLFSELTSFE GIFPSNEEYEAACTGVTVTLSGLV VDLVESEFNTQSEALEAAEDLLAI FDDVTGWIEEKAQGLGRTDSNAV YQRLHSAVMTAASYLVQQSFTLK KERKLVLNRSRTIIDLCAELYGEV DSALDFFITSNDLSGAEILEIPKGR EVFYYV									
9	6794	7990	185	MSDVSMMIHGTRFHFWSGVRISL NIDAVATISFNAPFDHEAPGFKRN FAPFGFSPVAIDVDDQRLFTGTM LDVSPVISEDGKKEISVNAYAKCG VLQDCTAPPESMPLEFNKLNLLDI ARKMASYFGVGVVFNADPGPAF DRVACDPDKKVLEFLADLAKQRG FVIGSDENGNLLFSKSSIGGIVAKL EQGVSPLLSVSPTFNPQEYYSHIT GLSPVEVAKPAAKSTAKVKKQAA TPEKAGQQSEKATDKAAGQAEKK EPKKEEKTKKEKQKPKPTTYKKF TAIDEAPVYRPLVFKIDDAEGATD VETATKAKMARMLGNMCTYAITV STWFDASGDLWRPNTKIKLKAPD SMIYDFFEFDIKSVELSADENSQQ ANLTLCLPGSFTGEPPEIFPWEL	398	Proteína orf18C putativa de la cola [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96549.1	2e-57 (130/396)	Proteína de la cola	Proteína gpPa de la cola similar a Mu		COG4379	2e-17
10	7978	8463	186	VGIVATVLSNDGKDLKVDRGNGD NVTAQQFGPSGDDAPPLKNDYS VLGSAKGSGGNASAVAYRDQKAE NYIAKAGEKRIYSRDESGAVKAEV YLKADGTAEIKNASGLFVMEPGG DVVINGVRITKAGWQTPGGASMS SDFTNAGGITLGDHAADTSLHKP	161	Proteína orf19C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96550.1	4e-08 (38/105)		No se han detectado dominios putativos conservados				
11	8480	9217	187	MSFFDVHLFDSVDGGNVTDDLET RDGLETAVYLSLFGGNALDDGRP QNLSTWWGNIGENEAAKQYKSE AAFLLRTVPPNTANLKRIEAAASR DLAWLIPEYVNKIQVKAFMPKLNA VNLTVSLDGLDPLQFRTNWGEKV KEPVYRLLPPKVSRNNGVNLEGT AETKTKLILRADGSRLSTLVDGS GNWKFDFYPLYGGERARMYVEG VGGKISAIVTVIGVLPLRYDGMAIY DGTHKYNGVRLN	245	Proteína orf21T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96488.1	7e-17 (51/124)		Proteína gp46 similar a Mu	COG4381	5e-05
12	9217	10380	188	MSTPTTKEISNRILSKLETTFGQS LPKSFTRVLSTVLGGVFVILYKYG GFIALQMFVSTASAKDTDFNGKTI	387	Proteína orf22T hipotética [Fago VP16T	AAQ96489.1	4e-68 (159/396)	Proteínal de placa base	Proteína similar a J de placa base P2	pfam0486	3e-12		

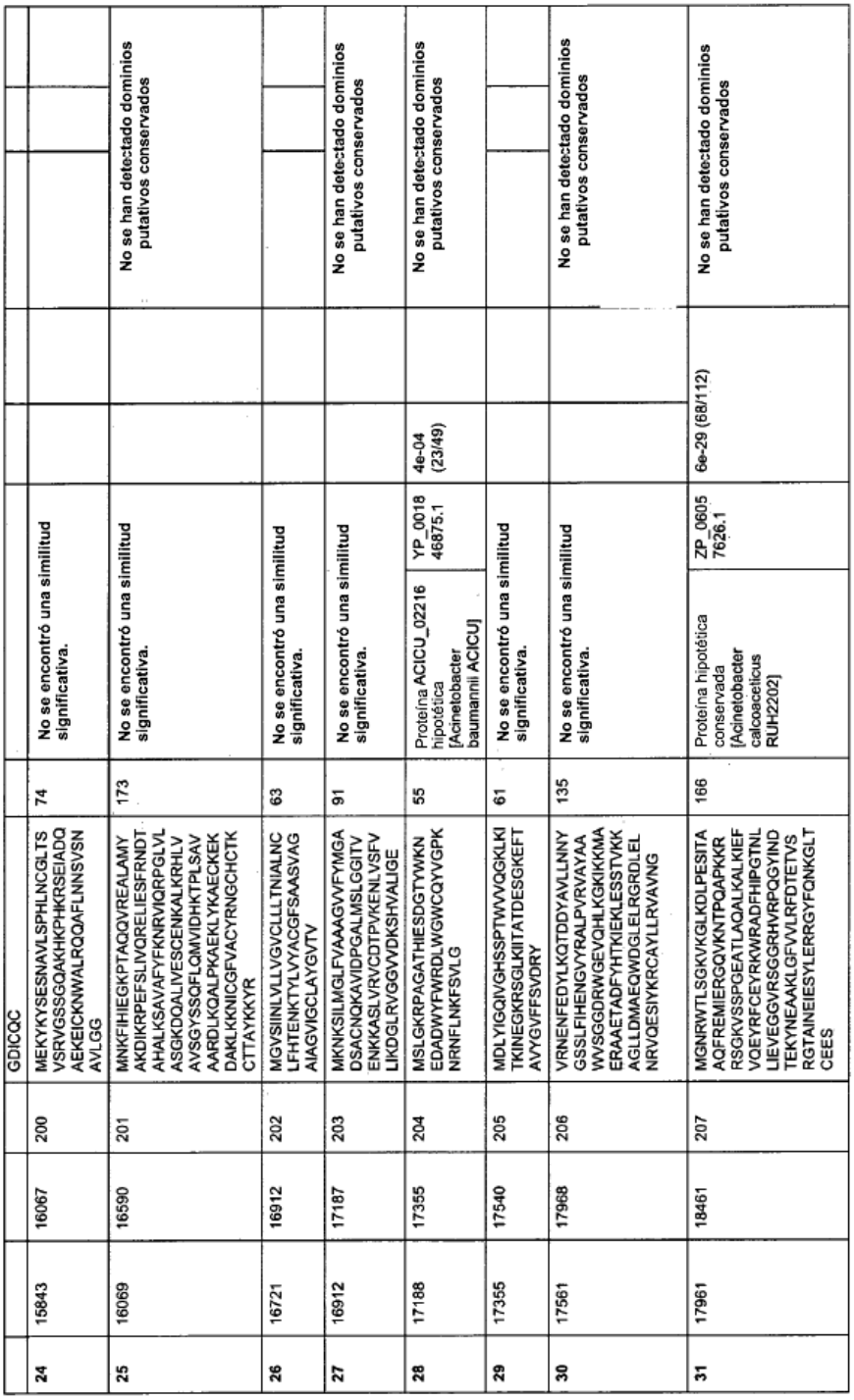
Fig. 4C

					de Vibrio parahaemolyticus]		2)			5	
13	10382	11101	189	MNMFKHLLPSGRAWNLTAEKPL KAFFRCLDVLRTDAVNYFNLLFLD INPKTTRLLDQWEQQQFGINRGFL TEAQRRERVAAAWRDVGGQSPA YIQEVLRNNGFDVYIHEWFDPAD RGEVGEKQPITPRNPLSIMSAQY AEVLPVVDCGEPLALCGEEFAHA GNYLGLVGYPLVNKFVYDADKYG YTVPVDPAYWYHFFYVCGPNFG DVAQVEATRRAEFEALILRIKPAH LWAGVIVRYV	239	Proteína orf23T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96490.1	2e-45 (101/242)		Proteína no caracterizada conservada en bacteria (DUF2313)	pfam10076	1e-09
14	11103	11705	190	MSLVFNEKFPGKTAGATQNYPY GEARNVSGPGNGDGTPWDAALV NDIFGLLQGLLVRANIQPNGQSDT ALNSQYLQALLAFMPKQTPISGK LEQNGYLTIPFPVVINGQTVEREF TIQWGSKDWSSYPGEIQDSIVFE KPFKTACFGVFPIRKMSQHSAYG DGGVKPISVSKTGFTVSLQAYGG SVGHLLGYYWFAVGV	200	Proteína orf24C Putativa de fibra de cola [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96555.1	1e-13 (46/108)	Proteína de fibra de cola	No se han detectado dominios putativos conservados		
15	11765	12151	191	MEPISTGGTAAFLKVYGVWLAVV TALVFVATVVLMMRLPRSPQEFL VGIITTVVSSLMGGSFLILYFDLQI WANSAYGLMVIGGLYFVAGIPGW ALVRWVFNFIDAREGSTLLDIFRE FNEEFRGGKK	128	Proteína ACICU_01067 hipotética [Acinetobacter baumannii ACICU]	YP_001845726.1	2e-33 (66/121)		No se han detectado dominios putativos conservados		
						Proteína PAJU2_gp73 hipotética [Fago PAJU2 de Pseudomonas]	YP_002284407.1	2e-07 (27/75)				
16	12148	12696	192	MSKIIAICAGHSDKDPGAVNGKRT EAAIVLDMRKMVASYLEKAGVKY LTDGKGGVNQPLAEAIKVAKQASI AVEFHCNAATSKKATGVEVLSAE	182	N-acetilmuramoil-L alanina amidasa [Psychrobacter arcticus 273-4]	YP_263737.1	1e-44 (88/173)	N-acetilmuramoil-L alanina amidasa	N-acetilmuramoil-L alanina amidasa o MurNAc-LAA	cd02696	7e-20

Fig. 4D

				KNKALAKQIAAKINGVLNIPLRGE SGWKSEGSGQHSRLGFISSGGG LIVELFFISNDDDLAKWDAKKWLV AKEVAAVLIEQVKKAEAA					amidasa			
						PlyB054[Fago B054 de Listeria]	YP_0014 68737.1	5e-07 (46/171)	endolisina			
17	12697	12954	193	MAALTIFNAISEVTSFAGVAREIFD TAANAMDAAQNEKKGGGNKKV WVMAYMESFINDLGENWERWAK AIFSFIDFAKSIFNSKR	85	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados		
18	13318	13079	194	MRNTADKSTIDFIEETTGDAYKPV KGCGTVRGYKAGCACNNCHKAQ IGRMADKIVKAALRTRIKSSEPTH QPKEQAWNF	79	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados		
19	13809	13393	195	MTKTELKTAIIEFSALTTLQVAGQF SIEELTGLKTHLNGQREALLMDKA PAHIKGEKEAKINAQLSDVNNLIK KANKAIGLIQVNQAELKQSKVKQ DTHFLSTFHDVAQSYLTNELYAD LKQKALNVMRIAKANGKND	138	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados		
20	14092	13865	196	MSETTNLFNPDALDANFFYENSG QALAAALDPIEKCVLEKALKYSKY NIAEVSRILGINRLTVIKKKMKKHGL TEI	75	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados		
21	14306	14076	197	MKQPVIQRQQLSNFSQETANHG AKIKEILSTLFFCFMLAALSYMFIIK QADEIDKQAEFVAEYNAQFKEYP NERNH	76	No se encontró una similitud significativa.							
22	14582	15553	198	VKKFNTKFKQNLDDANNNAFIPN SFQITNAFVDNIMDKISDAAVKIYLI TVRKTTGWGKQIDSISLSQYEAY SGKSRPTVVKCLKELVKVGLLVE HTGTRYGNSYSVALVNSIGFELLS ASKKILLVKSFNYTSKKSLLPLVKI FNTQKQLSKNTNQKQINKRDWFS LKTLKDELFKTGLQIEAEDLTAAK WFDREKTAFENYAPNQNLSDPQ KMYYFVDWLLKAKRKYDAAERQ QAAKAKAEGKNQNQNPEDTKTE NDPFKLSTKQISFFASQLAHLPSF AKYCTGNKGFKEFEMWIASMLN NPENVKKWNKYLNELGYLIG	323	Proteína ACICU_02758 hipotética [Acinetobacter baumannii ACICU]	YP_0018 47417.1	9e-48 (136/365)			No se han detectado dominios putativos conservados		
23	15572	15802	199	MKISNFHFQMQILLLISKNTVLDFE GLKEKLAPSITDNALTECLEELLM WGWVQVQKGLYMVSGVAYQIM	76	No se encontró una similitud significativa.							

Fig. 4E



				GDICQC								
24	15843	16067	200	MEKYKYSESNAVLSPHLNCGLTS VSRVGSSGQAKHKPHKRSEIADQ AEKEICKNWALRQQAFLNNSVSN AVLGG	74	No se encontró una similitud significativa.						
25	16069	16590	201	MNKFIHIEGKPTAQQVREALAMY AKDIKRPEFSLIVQRELIESFRNDT AHALKSAVAFYFKNRVIQRPGLVL ASGKDQALIVESCENKALKRHLV AVSGYSSQFLQMVIDHKTPLSAV AARDLKQALPKAEKLYKAECKEK DAKLKKNICGFVACYRNGCHCTK CTTAYKKYR	173	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
26	16721	16912	202	MGVSIINLVLLVGVCLLLTNIALNC LFHTENKTYLVYYACGFSAASVAG AIAGVIGCLAYGVTV	63	No se encontró una similitud significativa.						
27	16912	17187	203	MKNKSILMGLFVAAAGVVFYMGA DSACNQKAVIDPGALMSLGGITV ENKKASLVRVCDTPVKENLVSFV LIKDGLRVGGVVDKSHVALIGE	91	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
28	17188	17355	204	MSLGKRPAGATHIESDGTYWKN EDADWYFWRDLWGWCQYVGPK NRNFLNKFSVLG	55	Proteína ACICU_02216 hipotética [Acinetobacter baumannii ACICU]	YP_0018 46875.1	4e-04 (23/49)			No se han detectado dominios putativos conservados	
29	17355	17540	205	MDLYIGQIVGHSSPTWVVQGKLKI TKINEGKRSGLKIITATDESGKEFT AVYGVFFSVDRY	61	No se encontró una similitud significativa.						
30	17561	17968	206	VRNENFEDYLKQTDDYAVLLNNY GSSLFIHENGVYRALPVRVAYAA WVSGGDRWGEVQHLKGKIKKMA ERAAETADFYHTKIEKLESSTVKK AGLLDMAEQWDGLELRGRDLEL NRVQESIYKRCAYLLRVAVNG	135	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
31	17961	18461	207	MGNRWTLSGKVKGLKKDLPESITA AQFREMIERGQVKNTPQAPKKR RSGKVSSPGEATLAQALKLKIEF VQEYRFCEYRKWRADFHIPGTNL LIEVEGGVRSGGRHVRPQGYIND TEKYNEAAKLGFVVLRFDTETVS RGTAINEIESYLERRGYFQNKGLT CEES	166	Proteína hipotética conservada [Acinetobacter calcoaceticus RUH2202]	ZP_0605 7626.1	6e-29 (68/112)			No se han detectado dominios putativos conservados	

Fig. 4F

32	18448	18720	208	VKKVKKFKYDWRAVPDHINWLAT YEGGEMAWGYVNKPYRKENAGI WYETGGEWRHRVPVAPYRGHW TQSLEKRPSKAQLVEWVLNGAVV V	90	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados
33	18896	20953	209	MAENSFIQPIARKDAIALIGRDELV EGGPEGAANKQAIALANNIKYLM GLIPENWGVEKTEYGLDEVVRLS NGDVVKSVIDENINNPNENLSGW SFVTSNSVNTISDLLSIKNPKNGM KVYVLGYHKPDNFALLSPYEGGG LFIYSGNKAAENDGGVVLNGWIR QYVGDVDISWFGAKQGQDASPFI EAALKVKMSIVIRGEYKLETICGIP RQNNYAAKVIRIKGENQASLTVN CPDGAVFTSLDAKANPTSLSNIFT AKIDVFGINFVGTTVANSVLFNGD RLYNINIHHNNFKTNITVKAYLKR EASRQYTQSVSINHNHLAEIHRVI ESDKSYNFDFAYNMCEACKGGM YIGVDAPYDPSGISITIHRNLWEA SGVLLKTNGGIIAGSVSKNYFEAN VYQDAAIDKCLIYINRSGTGAGYS GGLTFENNLFSGTSSIPDYVDVR VLGQSTETSGNSKSATTRPPVFI GNWSNSYMLTNMAQAILIGNKCS NREKMLNAYSPQEARVTYYSGY FTKQLANILTDKKLNLLKVNTSAV HAIGSSQANFKTTLDVIVFFKTSG AVGTAMATFKLDLFVYESVGLGA GNVPKANLKAVMYNFMQSTADD KITPTVNMFSAISDPLINVVDNSD GTYSIELSSFTNKSSPNWGFVSE LHIEYTAQATLIASHTSSYSAANLL TIS	685	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 4G

34	21027	21707	210	MFDIDTKQLHGLERRLERLNRRG LPYATRQTMNDLAFESRAVARAE LPTRMVLRNKHAINSIQVTKATSL NISQQAAHVGSTADYMATQETG GIKTKQGGAAVSIPTTTAAGQGR NAKPRTRLPRAALKMGAIHLKRIA ASRNAKNRKQRNAIAMATSDKYV FLDLGRRKGIFRKDKGGGVTMLH DLTRASVQIPKNEWLKPATEAAE RKLPGFYGRALEFQLRRF	226	Proteína orf62C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96593.1	7e-29 (86/232)			No se han detectado dominios putativos conservados			
35	21993	22844	211	MVKKLISRSDFAAKAGVSGAAISK ACKGPLLDAVEGKFIDLNHKSAIA YLESKKNGKTTPALEGIDSLYEEA LEVCREAGRCSQTLLRDKLMIGS DRARKLVALIQNANIQIDFEKPAAE KVKREEKARPHTRGTAAKKQQAI QEDDEELFELLDRNVAQYADMTL RDIVRKFGTATRFAEYLRAMKEIS MIEDREIKIAQTKGELVHRDLVSQ LIEPIDSAHVKLMRDGSKTIAVRM AAMHGSGADINEMQLVTSELIAS FIKPVKAKVNKIATELKRGAEA	283	Proteína orf62C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] subunidad pequeña probable de terminasa	AAQ96469.1	2e-07 (35/121)	Subunidad pequeña de terminasa	FtsK_gamma, dirige la translocación de ADN orientada y forma una estructura helicoidal alada	*smart*00843	0,005	

Fig. 4H

36	22847	24826	212	MNFIGMDWLCDKVENLTEYIKHV TPSQFNEENRYLPESVTSIPGFIR YDVNPFMREIVDCFDINSPVREV NLKKGVQITYSTVLESGALYYMG HVKTLPIMYMTADKELAKARIENN FIPMLAQSDMAHIVRSSDEGNSR KTGKTDNHIQFEGGGYLVPFGAI NANKMRSFSIAVMLKDEIDAWPD RVGKDGDPDKLSDDRCSAYWER RKIFRGSTPLIKGSSKIEKAYLRG DQRKYHVLCKKCSFPQELRWST PDGVGGFKWDTDEDGILKLDSVR YCCQQCGEPHFEHDKERLFSEK FGAKWIPTARPVEPGIRSYHLPAL YSPFGMQPWYKCVIAYLDAFDPV ERKVKDIELYQVFYNNVLAEPFEI QGAKVRFETVSHHRRTVYRLGHI PNRYAVQYAGSPILFLTCQVDVH KSFLAVSVMGWAKDAKCFVIDYL RIEGEDFSDSAEPGWGKLRELIE EKQYIADDGKKYRVALTFIDSGYA NDTVVKFCSEYSSSVYPILGRDR PSKNQAIKEFADFKTQEGTTGFRI IVDHYKDRLAPVLRREWDEMGG GLQPVYHFNAPVDLSDKSLKELT VETRKEKTDASGNTSYFWHRPG NARNELWDLLCYGHAAVEIFAWS LCVKNMEQKEVDWAWFWEFLET EAPYFEQGEPVASE	659	Subunidad grande orf3T putativa de terminasa [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 70.1	4e-127 (252/656)	Subunidad grande de terminasa	Subunidad de terminasa de fago (GpA)	pfam 05876	1e-69
37	25079	24870	213	MQYENNLEKLKGNKPEGATIVAV KGDRIAYFKEAEQKGRLLTFNRIM WVKTWFTPDHLNLKHFDFIAVL	69	No se encontró una similitud significativa.					
38	25316	25092	214	MNNQSFNNWRGHKIEIVQAGATI QQHGYPVQITDQNTIAFDGKIYMT QNTYNSIAKNMPQCQTPNFNNQ GLNIF	74	No se encontró una similitud significativa.					
39	25582	25334	215	MIDKKYLVFGGWVRSKHDKQSH YVAPRMVAYLYNVNPHECIFITDK TELNPRTHLPYGLLNENHNLIKLGP QTNGKYNLPATN	82	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados	

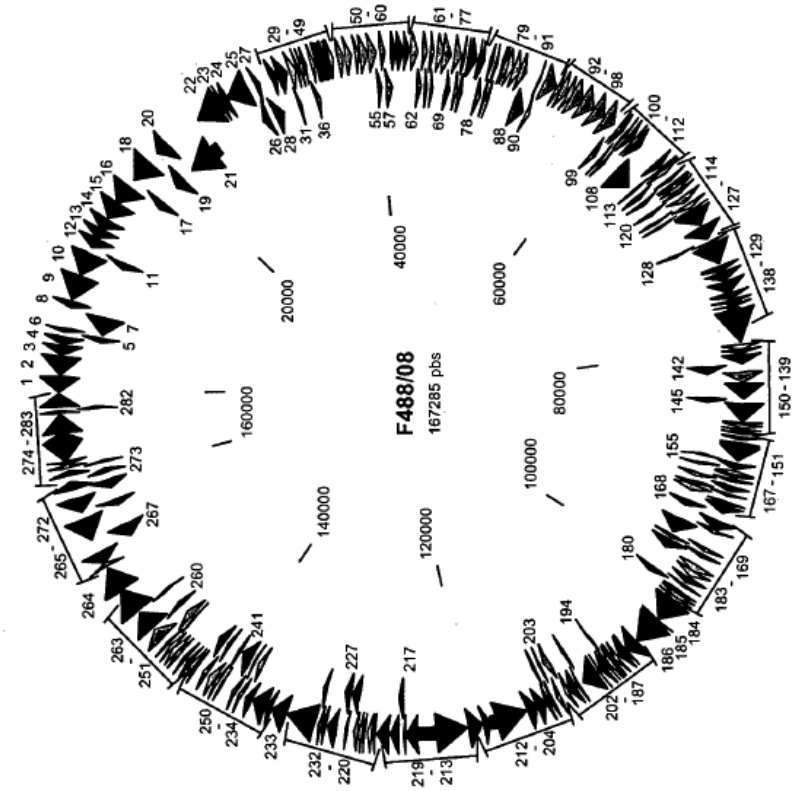
Fig. 4I

40	25770	25579	216	MGQSEARQKQKSDYEKKRVIKN FSLLKERDKHLIEYIETVPNVGDL VRDLLNQHLKNEAVSKK	63	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
41	26098	25883	217	MLMIGNTQVKTPRELTKPLKKILG PEYKVKRDVWLMVEGKNLNEAK RIIESIGLFANDMGGFLTVFMAEE M	71	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
42	26286	26540	218	LDQAFLKERIEATKRQIVAYEDAV NQLSSGAVQSYSLNTGQTTQNV TRFDVARLNGDIDGLYNRLATLEA RLNGSGSTLVRPGW	84	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
43	26544	28217	219	MNYDFSRGLVKVPTVGLKTEFKY SGATIAPPPMQGAKSDAIEINALG GGFNHSAFTGEKFIGGFGPTSLF TMDYWTLRKRSEQLFSENLYAA GLIERLVTNEINTGLTPEACPDERI LGLKPGDLEDWTELVENRFSIWA NSSEYCDFYGQNSLGEIQRIARR EALICGDVLVVLRQNQSTKMPQV QLVSGSLIRTPPDIPRKGHKIKHG VELDTQGRQCAYWVLQDDGTYK RLPAFGEKSKRRIAWMVYGAQR RLGELRGQPLLSIVLQSLKEIDRY RDAAQRKAVVNSILAMFIEKTQDK MSTLPITGGAIRRDRKVTDNSNTAA PRSFEIASQVPGVVLQELQAGEK PVGFHSQGTDINFPAFEEAVISAV AWCKQIPPEILKLSFSSNYSASQA AINEFKIYLNMVWNEWGANFCQP IYTEFLISEALLGKIDAPGFLDAWR DPVKMDIFGAWLWCDWFGSIKP STDMRKMGQGLALAVEQGWTTN AQASRQMFGTKFTKNIARQRRER ELQASLLRPMLELQKEYGISAEHL VNVAHAIGGTISAQTEETEEI	557	Proteína orf5T putativa de cápside [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96472.1	4e-96 (186/487)	Portal-Proteína	Portal_lambda, Portal-Proteína de fago, familia lambda	TIGR01539	1e-25
44	28217	29368	220	MDWFLTPEALKEIQELHARGLVL TAEQMTEFNALYSDDFPGSRIFQ KVGTVAQVNIAGVLTKEPNWMYR YYGGGNTAYSEIISAINEAERDPAI KEIILAIDSPGGQTNGLCSAMDAIK NTKKTVLAVVEGQAASAAYGLAS QANKIIAADRGCMVGSVGAAASIV	383	Proteasa orf16C putativa [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ96537.1	1e-46 (137/368)	Proteasa Clp	Superfamilia similar de proteasa C	cd00394	1e-07

Fig. 4J

				VSENVVDIASTNAPKKRPDVTTD AGKAVIRETLDQIESIFIADIAAGR KVTADKVKLEFGQGGMYVAAHA LERGMIDEIKTADSSATTNAKSSA TYTASEENSTMDAATLKAQFPAV YTAIYNEGKTAENERVSAHLTLGE ASGDMQTAISAINDGSELTASIQA KYMAANMKRGQVAGRETDDTAA ANALDGVKPGATATDANAVTNM VAKNLGVA							
45	29414	29803	221	MMQVTQHTNSSINWGEVACQDD TLTLGANATLKEGTILARAATGKLI PFVKGGADGAGVPVAIAMHEIKT VAAGDVSVRAGISGQVRKNNLVI HADGNATNIDGAVTDALRSYGIV AFTVNSTNKPDNQ	129	Proteína orf7T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 74.1	1e-06 (38/106)			No se han detectado dominios putativos conservados
46	29818	30903	222	MTTSTIAGVYTQVAPKPLFLSGFF KAPPQNHFNTESVELDIERDSQQ VAAVVQSLGSDYNKNETGEFTNK KFTPPVYKEGFSLNAFDLLKREA GQSGFNTPSEQIRGNLITRFIKGA RKVEAKILRGIELQASQILQTGNLL LKDQEGKDAFKIDYKPKATHFVN VANVWTGANADPMKDLESLSEVI QTDGLVIPDIIMGASALAAAKGNE KFIKNFDSRNISGNVLADMQITAR GGIYQGTLRVGNAVCELYTYGVG YQASSSAVATPFLNTNKVLMLSS ESQLDALFGAVPNIADILGVSLRE QLLPELPTRFDSNSTDLFTNVYLS ASGEQLMGGVASRPILVPTAIDSF GCLTVA	361	Proteína orf8C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 39.1	4e-57 (133/347)			No se han detectado dominios putativos conservados
47	30912	>31076	223	MNPLQWGFFLLNLEIFDVTKTDLI NAIKAIDSNAKTSGLDKDELQALL TELQAKA	55	No se encontró una similitud significativa.					

Fig. 4K



orf	Función putativa
1	precursor de la subunidad del vértice de la cabeza
2	proteína de cápside mayor
3	proteína de andamio del núcleo de la procabeza
4	proteasa de la proteína del núcleo de la procabeza
5	proteína del núcleo de la procabeza
6	proteína del núcleo de la procabeza
7	proteína del vértice portal de la procabeza
8	proteína del tubo de la cola
9	monómero de vaina de la cola
10	subunidad de terminasa
11	enzima de empaquetado de ADN terminasa, subunidad pequeña
12	estabilizador de la vaina de la cola y proteína de finalización
13	proteína de finalización de cabeza
14	proteína de cuello
15	bigotes de cuello de fibritina
16	fibras de cola corta
17	pasador de cola de finalización de cuña de la placa base
18	pasador de cola de finalización de cuña de la placa base
19	conector de fibra de cola de finalización de cuña de la placa base
20	subunidad de la cuña de la placa base
21	iniciador de la cuña de la placa base
22	cuña de la placa base
25	subunidad del centro de la placa pase y lisozima de cola, dispositivo de punción celular
26	finalización de cuña de la placa base
27	finalización de cabeza
28	proteína de protector del final de ADN
29	finalización de cola y proteína estabilizadora de la vaina
30	dNMO quinasa
31	montaje de la chaperona larga y fibra de la cola corta
38	ARNt1-Gln
39	ARNt2-Leu
40	ARNt3-Gly
41	ARNt4-Pro
42	ARNt5-Ser
43	ARNt6-Thr
44	ARNt7-Met
45	ARNt8-Tyr
46	ARNt9-Asn
47	ARNt10-His
48	ARNt11-Arg
58	hidrolasa nudix
59	lisozima soluble
60	endonucleasa V
69	modificador de la sintetasa de ARNt-valil
75	timidina quinasa
77	regulador de la inhibición de lisis, proteína de membrana
101	NrdC tiorredoxina

Fig. 5A

Fig. 5B

orf	Función putativa
105	inhibidor de proteasa
107	empaquetado de EndoVII y endonucleasa VII de recombinación
108	subunidad de la ribonucleótido reductasa anaeróbica
109	subunidad de la nucleótido reductasa anaeróbica
113	glutarredoxina
126	alfa-glucosil transferasa
127	subunidad de endonucleasa de recombinación
130	subunidad de endonucleasa de recombinación
132	proteína de unión de ARN polimerasa
133	pinza deslizante de ADN polimerasa
134	subunidad de cargador de pinza, proteína accesoria de ADN polimerasa
135	subunidad de cargador de pinza
136	proteína represora de RegA de traducción
138	ADN polimerasa
140	inmunidad a la superinfección de proteína de membrana
141	dCMP hidroximetilasa
142	endodesoxirribonucleasa
144	proteína recombinasa similar a RecA
145	chaperona de ensamblaje del vértice de la cabeza
146	subunidad de helicasa de ADN primasa
147	Discriminador de degradación de ARNm
151	proteína periplasmática de destello, regulación de lisis
154	primasa
155	dCTP Pirofosfatasa
159	proteína de la cápside externa pequeña
162	fosforilación afecta el huésped sigma32
163	señuelo postulado del huésped sigma32
167	enzima de adenilrribosilante
168	enzima de adenilrribosilante
169	señuelo postulado del huésped sigma32 o sigmaS
171	ADN helicasa
175	DexA Exonucleasa A
178	modificador MotB de transcripción
179	modificador de supresores T4 ARNt
180	moderador del metabolismo de ARN
184	subunidad de ADN topoisomerasa
186	membrana asociada afecta a la membrana ATPasa del huésped
187	protector rIIB de lisis temprana inducida por profago
189	endonucleasa IV
196	proteína de disrupción de nucleoide
197	proteína de resistencia a la acridina
198	subunidad de ADN topoisomerasa
201	promotor medio activador
206	inhibidor de nucleasa de restricción MrcBC
208	Proteína 70 anti-sigma Asia
209	holina
210	proteína de fibra de cola
211	proteína de fibra de cola
212	fibra de cola larga de conector a bisagra
213	bisagra de fibra de cola
214	subunidad de fibra de cola próxima
215	ribonucleasa H
216	proteína de unión ADNbc
217	proteína accesoria del promotor de transcripción tardío
218	cargador de ADN helicasa orf146
219	unión al ADNmc, reparación, recombinación y presíntesis de ADN
225	tidrofolato reductasa
227	timidilato sintasa
228	endonucleasa buscadora I-TelV
229	timidilato sintasa
232	subunidad A de ribonucleótido reductasa
233	subunidad B de ribonucleótido reductasa
234	endonucleasa II
235	ARN ligasa
236	inhibidor de transcripción del huésped
241	dN 3' fosfatasa
248	dCMP desaminasa
251	cochaperona de ensamblaje de cabeza
252	proteína rIII accesoria de inhibición de lisis
261	ADN ligasa
263	proteína empaquetada de adenosilribosil transferasa
264	ADP robosilasa de ARN polimerasa AII
266	iniciador del tubo de la cola de placa base
267	placa base
268	subunidad del centro de placa base, determinador de longitud de cola
269	subunidad del centro distal de placa base
270	subunidad del centro de placa base
271	catalizador de montaje de centro de placa base
272	subunidad del centro de placa base
273	subunidad de la cuña de placa base
274	proteína de recombinación, reparación y unión a ADNmc
277	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa
278	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa
279	proteína de cápside menor
280	proteína Hoc de cápside externa
283	ARN ligasa 2 RnlB

Tabla 5 - Características de los productos del gen fago F488/08 y asignación funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1	1232	<3	224	MAKINELLRESTTTNSNSIGRPNL VALTRATTKLIYSDIVATQRTNQP VAAFYGIKYLNPDNEFTFKTGAT YAGEAGYVDREQITELTEESKLT LNKGDLFKYNNIVYKVLEDTPFA DIEESDLELALQIAIVLLKVRLFSD AASTSKFESSDSEIADARFQINK WQTAVKSRKLKTGITVELAQDLE ANGFDAPNFLEDLLATEMADEIN KDILQSLITVSKRYKVTGITDTGFI DLSYASAPEAGRSLYRMVCEMV SHIGKESTYTATFCVASARAAAIL AASGWLKHKPEDDKYLSQNAYG FLANGLPLYCDTNSPLDYVIVGV VENIGEKEIVGSIFYAPYTEGLDL DDPEHVGAFKVVVDPESLQPSIG LLVRYALSANPYTVAKDEKEARII DGGDMDKMAGRS	410	Precursor de Gp24 de la subunidad de vértice de la cabeza [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 09.1	0,0 (410/410)	Precursor de la subunidad de vértice de la cabeza	Proteína Gp23 de cápside mayor	pfam0706 8	5e-13
2	2881	1316	225	MTIKTKAELLNKWKPLLEGEGLP EIANSKQAIIAKIFENQEKDFQTA PEYKDEKIAQAFGSFLTEAEIGG DHGYNATNIAAGQTSGAVTQIGP AVMGMVRRAIPNLIAFDICGVQP MNSPTGQVFALRAVYGKDPIAS GAKEAFHPMYGPDAMFSGQGA AKKFAALKASDTLEVGTIYTHFFQ ETGTVYLQATAAKQIDSGASDAD KLDAEIKKQMEAGVLVEIAEGMA TSIAELQEGFNGSTDNPWNEMG FRIDKQVIEAKSRQLKAAYSIELA QDLRAVHGMDADAELSGILATEI MLEINREVVDWINYSAQVGKSG MTLTPGSKAGVFDFQDPIDIRGA RWAGESFKALLFQIDKEAVEIAR QTGRGEGNFIIASRNVVNVLASV DTGISYAAQGLATGFNTDTTKSV FAGVLGGKYRVYIDQYAKQDYFT VGYKGPNEMDAGIYYAPPYVALTP LRGSDPKNFQPVMGFKTRYGIGI NPFAESAAQAPASRIQSGMPSIL	521	Proteína (g23) de cápside mayor [Fago T4 de Enterobacteria]	AAA32503.1	0,0 (503/521)	Proteína de cápside mayor	Proteína Gp23 de cápside mayor	pfam0706 8	<1,0e-180

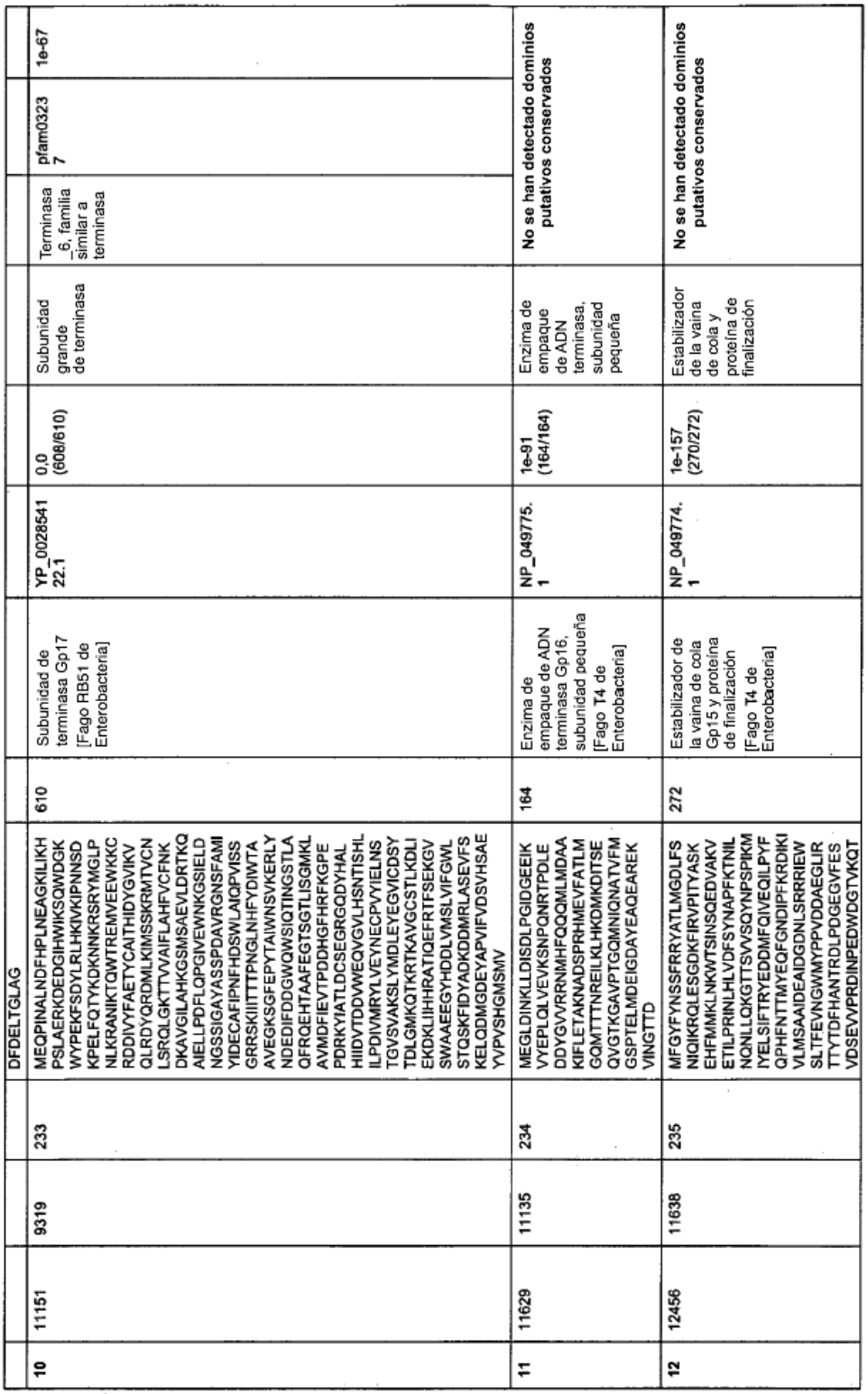
Fig. 6A

				NSLGKNAYFRRVYVKGI								
3	3709	2900	226	MLKEQLIAEAQKIDASVALDSIFE SVNISPEAKETFGTVFEATVKQH AVKLAESHIAKIAEKAEEEVEKNK EEAEEKAEKKIAEQASKFLDHLA KEWLTENKLAVDKGIKAELFESM LGGLKELFVEHNVVVPEESVDVV AEMEEELQEHKEESARLFEELNK RDAYINYVQREVALSESTKDLTE SQKEKVSALVEGMDYSDAFSSK LSAIVEMVKKSNKDESTITESINT PDTEAAGLNFVTEAVEDKSAQG AEDIVSVYAKVASRF	269	Proteína Gp22 de andamio de núcleo de procabeza [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 29.1	9e-147 (268/269)	Proteína de andamio de núcleo de procabeza	No se han detectado dominios putativos conservados			
4	4378	3740	227	MNEPQLLIETWGQPGEIIDGVPM LESHDGKDLGLKPGLYIEGIFMQ AEVVNRNKRLYPKRILEKAVKDYI NEQVLTKQALGELNHPPRANVD PMQAAIIIEDMWWKGNDVYGRA RVIEGDHGPGDKLAANIRAGWIP GVSSRGLGSLTDTNKGYRIVNE GFKLTVGVDAWWGPSAPDAWVT PKEITESQTAEADTSADDAYMAL AEAMKKAL	212	Proteasa de proteína de núcleo de procabeza [Fago T4 de Enterobacteria]	AAA32501.1	1e-120 (212/212)	Proteasa de[3] proteína de núcleo de procabeza	Peptidasa_U9, proteasa de proteína de núcleo de procabeza	pfam0342 0	1e-104
5	4803	4378	228	MLLIPETHELVLENVEALIPEAQG RFDELSSALNKDDINTIVENMLD DETDLAVALASINENMPLNEFIVK HVSARGEITRTKDRKTRERNAFQ TTGLSKAKRRRQIARKATKTKIANP AGQSRAQRKRKKALKRRKALGL S	141	Proteína Gp68 de núcleo de procabeza [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049784. 1	8e-75 (141/141)	Proteína de núcleo de procabeza	No se han detectado dominios putativos conservados		
6	5042	4803	229	MEGLIEAIKSNDLVAARKLFAEA MAARTTDLIKEEKIAIARNFLIEGE EPDDEDDDEDEDSDDKDDKKDK DSDEDEDDE	79	Gp67 núcleo de procabeza [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 26.1	2e-19 (50/51)	núcleo de procabeza	No se han detectado dominios putativos conservados		
7	6616	5042	230	MKFNYLSLFAPWAKMDERNFKD QEKEDLVSITAPKLDDGAREFEV SSNEAASPYNAAFQTIFGSYEPG MKTTRELIDTYRNLMNNYEVDNA VSEIVSDAIVYYEDDTEVVALNLDK SKFSPKIKNMMLDEFSDVLNHLS FQRKGSDHFRRWYYVDSRIFFHKI IDPKRPKEGIKELRRLDPRQVQY VREIITETEAGTKIVKGYKEYFIYD TAHESYACDGRMYEAGTKIKIPK AAVVYAHSGLVDCCGKNIIGYLH RAVKPANQLKLLEDAVVIYRITRA	524	Proteína Gp20 de vértice portal de cabeza [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049782. 1	0,0 (524/524)	Proteína de vértice portal de cabeza	Proteína de montaje de cápside similar al bacteriófago T4 (Gp20)	pfam0723 0	<1,0e-180

Fig. 6B

				PDRRVWYVDTGNMPARKAAEH MQHVMNTMKNRVVYDASTGKIK NQQHNMSMTEDYWLQRRDGKA VTEVDTLPGADNTGNMEDIRWF RQALYMALRVPLSRIPQDQQGG VMFDSGTSITRDELTFAKFIRELQ HKFEEVFLDPLKTNLLLKGIITED EWNDEINNIKIEFHRDSYFAELKE AEILERRINMLTMAEPFIGKYISH RTAMKDILQMTDEEIEQEAKQIE EESKEARFQDPDQEQEDF	163	Proteína Gp19 de tubo de cola [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049781.1	1e-91 (163/163)	Proteína de tubo de cola	Proteína gp19 de tubo de cola de virus similar a T4	pfam06841	1e-83
9	9287	7308	232	MTLLSPGIELKETTVQSTVVNNS TGTAALAGKFQWGPAFQIKQVT NEVDLVNTFGQPTAETADYFMS AMNFLQYGNDLRVVRAVDRDTA KNSSPIAGNIEYTISTPGSNYAVG DKITVKYVSEDVETEGKITEVDAD GKIKKINIPTAKIIAKAKEVGEYPT LGSNWTAEISSSSSSGLAAVITLG KIITDSGILLAEIESAETAMTAVDF QANLEKYGIPGVVALYPGELGDK IEIEIVSKADYAKGASALLPIYPGG GTRASTAKAVFGYGPQTDSQYAI IVRRNDAIVQSVVLSTKRGEKDIY DSNIYIDDFFAKGGSEYIFATAQN WPEGFSGILTLSGGLSSNAEVTA GDLMEAWDFFADRESVDVQLFI AGSCAGESLETASTVQKHVVSIG DARQDCLVLCSPPRETVVGIPVT RAVDNLVNWRTAAGSYTDNNFN ISSTYAAIDGNYKYQYDKYNDVN RWVPLAADIAGLCARTDNVSQT WMSPAGYNRGQILNVIKLAIETR QAQRDRLYQEAINPVTGTGGDG YVLYGDKTATSVPSPFDRINVRR LFNMLKTNIGRSSKYRLFELNNA FTRSSFRTETAQYLQGIKALGGIY EYRVVCDTTNNTPSVIDRNEFVA TFYIQPARSINYITLNFVATATGA	659	Monómero Gp18 de vaina de cola [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 23.1	0,0 (654/659)	Monómero de vaina de cola	Proteína de vaina de cola de fago	pfam04984	8e-95

Fig. 6C



				DFDELTGLAG									
10	11151	9319	233	MEQPINALNDFHPLNEAGKLIKH PSLAERKDEDGIIHWIKSQWDGK WYPEKFSDYLRLLHKIVKIPNNSD KPELFQTYKDKNNKRSRYMGLP NLKRANIKTQWTREMVEEWKKC RDDIVYFAETYCAITHIDYGVIKV QLRDYQRDMLKIMSSKRMTVCN LSRQLGKTTVVAIFLAHFVCFNK DKAVGILAHKGSMSAEVLDRTKQ AIELLPDFLQPGIVEWNKGSIELD NGSSIGAYASSPDAVRGNSFAMI YIDECAFIPNFHDSWLAIQPVISS GRRSKIIITTPNGLNHFYDIWTA AVEGKSGFEPYTAIWNSVKERLY NDEDIFDDGWQWSIQTINGSTLA QFRQEHTAAFEGTSGTLISGMKL AVMDFIEVTPDDHGFHRFKGPE PDRKYIATLDCSEGRGQDYHAL HIIDVTDDVWEQVGVLHSNTISHL ILPDIVMRYLVEYNECPVYIELNS TGVSVAKSLYMDLEYEGVICDSY TDLGMKQTKRTKAVGCSTLKDLI EKDKLIIHHRATIQEFRTFSEKGV SWAAEEGYHDDLVMSLVIFGWL STQSKFIDYAQKDDMRLASEVFS KELQDMGDEYAPVIFVDSVHSAE YVPVSHGMSMV	610	Subunidad de terminasa Gp17 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 22.1	0.0 (608/610)	Subunidad grande de terminasa	Terminasa_6, familia similar a terminasa	pfam0323 7	1e-67
11	11629	11135	234	MEGLDINKLLDISDLPGIDGEEIK VYEPLQLVEVKSNPQNRTPDLE DDYGVVRRNMHFQQQMLMDAA KIFLETAKNADSPRHMEVFATLM GQMTTTNREILKLHKDMKDITSE QVGTKGAVPTGQMNIQNATVFM GSPTELMDEIGDAYEAQEAREK VINGTTD	164	Enzima de empaque de ADN terminasa Gp16, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049775. 1	1e-91 (164/164)	Enzima de empaque de ADN terminasa, subunidad pequeña	No se han detectado dominios putativos conservados		
12	12456	11638	235	MFGYFYNSSFRRYATLMGDLFS NIQIKRQLESGDKFIRVPITYASK EHFMMKLNKWTSINSQEDVAKV ETILPRINLHLVDFSYNAPFKTNIL NQNLLQKGTTSVVSQYNPSPKKM IYELSIFTRYEDDMFQIVEQILPYF QPHFNTTMYEQFGNDIPFKRDIKI VLMSAAIDEAIDGDNLSRRRIEW SLTFEVNGWMYPPVDDAEGLIR TTYTDFHANTRDLPDGEGVFES VDSEVVPRDINPEDWDGTVKQT	272	Estabilizador de la vaina de cola Gp15 y proteína de finalización [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049774. 1	1e-157 (270/272)	Estabilizador de la vaina de cola y proteína de finalización	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 6D

				FTSNVNRPTPPEPPGPRT							
13	13268	12498	236	MATYDKNLFAKLENRTGYSQTN ETEILNPYVNFNHYKNSQILADVL VAESIQMRGVECYYVPREYVSP DLIFGEDLKNKFTKAWKFAAYLN SFEGYEGAKSFFSNFGMQVQDE VTLSINPNLFKHQVNGKEPKEGD LIYFPMDNSLFEINWVEPYDPFY QLGQNAIRKITAGKFIYSGEEINP VLQKNEGINIPEFSELELNPVRNL NGIHDINIDQYAEVDQINSEAKEY VEPYVVVNNRGKSFESSPFDND FMD	256	Finalización de cabeza [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803104.1	3e-146 (255/256)	Proteína de finalización de cabeza	No se han detectado dominios putativos conservados	
14	14199	13270	237	MSGYNSQNPKELKDVILRRLGAP IINVELTPDQIYDCIQRALELYGEY HFDGLNKGFHVFYVGDDEEKYK TGVFDLRGSNVFAVTRILRTNIGS ITSMDGNATYPWFTDFLLGMAGI NGGMGTSCNRFYGPNAFGADL GYFTQLTSYMGMMQDMLSPIPD FWFNSANEQLKVMGNFQKYDLII VESWTKSYIDTNKMVGNTVGYG TVGPQDSWSLSERYNNPDHNLV GRVVGQDPNVKQGAYNNRWVK DYATALAKELNGQILARHQGMM LPGGVTIDGQRLIEEARLEKEALR EELYLLDPPFGILVG	309	Proteína Gp13 de cuello [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 96.1	0.0 (309/309)	Proteína de cuello	Proteína similar al super-antígeno	PRK13345	0.004
15	15688	14231	238	MIELKDLPFVDSVPDEGQERISW IKNGEEILGASTKYGNDGSMNRP IVSVFKNVEVLDENIGILKTAIETS QKDIKTIQGVLDVSGDIEALSQIS VNKNDISNLKTLTNEHTDILTGTN NTVDKIIADIGPFNDEENSVYRTI RNDLLWIKQELGQYSGQDINGLP VVGNASTGMKHRIITNSTLLSSQ GIRLSELENKFTESDVGSLTVEV GKLRDELGNKPVDFGPNIYNRLN TIDDKQTLINSDIAEIKSSIGYPEN VSIITEINNNKSSIESINNELNQSE GVKQRLTAIETSIGSDDIPSSIKG KIKNHTTSIESLNGIVGENTSSGL RANVSWLNQIVGTDSSGGQPSP SGSLLNKVSVLEGEVSVLNNNV QNIQVEIGNNRTGIKGQVIELTSLI NGNNPDGSTVEERGLTNSIKTNE TNIAAVTHEVNTAKDNISSLQSSV QALQEAGYIPEAPKDGQAYVRK	485	Bigotes de cuello de fibritina [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 95.1	0.0 (480/485)	Bigotes de cuello de fibritina	Región terminal C de fibritina	pfam0792 1	6e-25

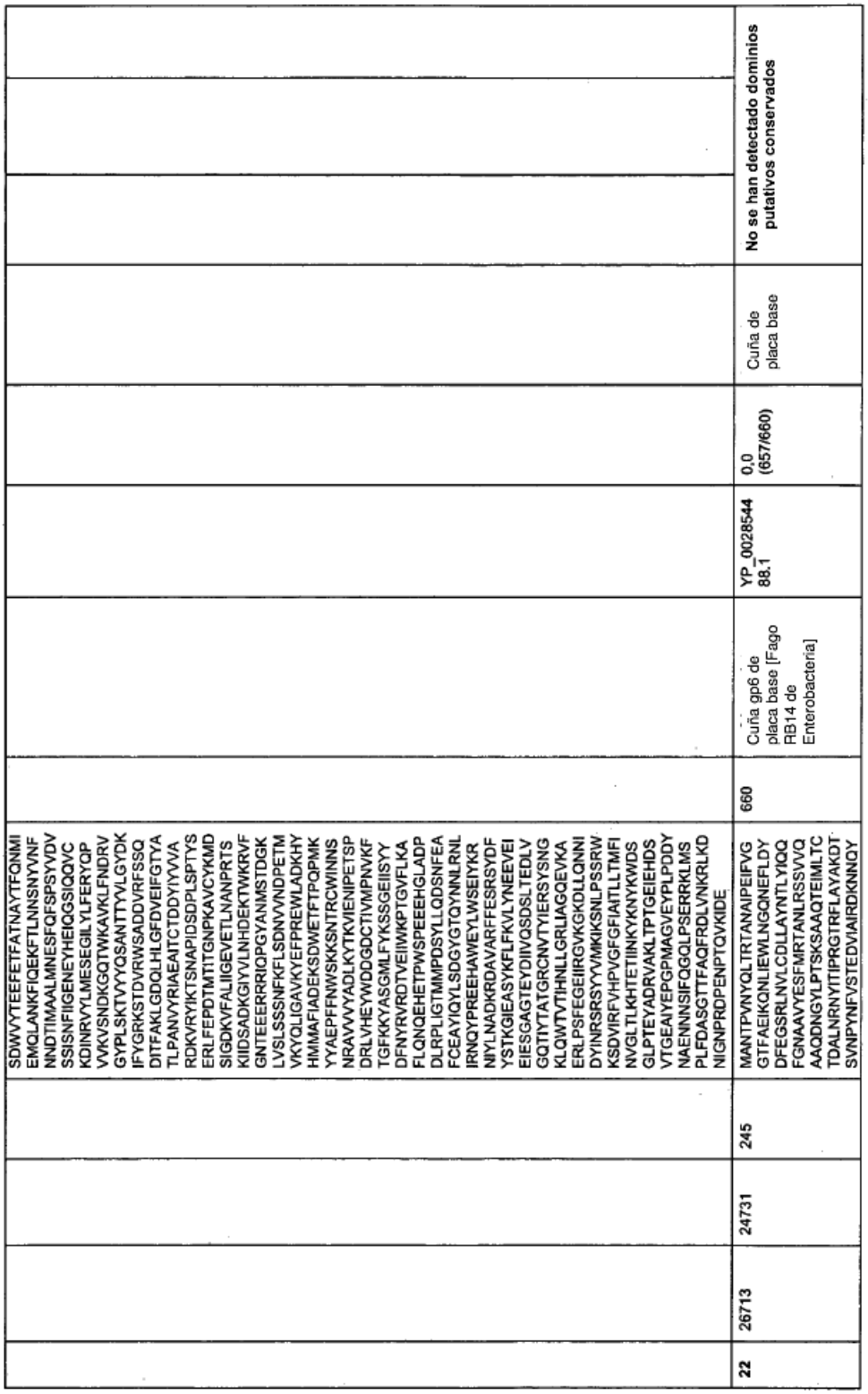
Fig. 6E

				DGEWVLLSTFLSPA								
16	17248	15698	239	MSNNTYQHVSNESKYVKFDPVG SNFPGTVTTVQSALSKISNIGVN GIPDATMEVKGIAMIASEQEVLD GTNNSKIVTPATLATRLLYPNATE TKYGLTRYSTNEETLEGSDNNSS ITPQKLKYHTDDVFRNRYSSESS NGVIKISSTPAALAGVDDTTAMT PLKTQKLAIKLISQIAPSEDTASES VRGVVQLSTVAQTRQGTLREGY AISPYTFMNSVATQEYKGVIRLG TQSEINSNLGDVAVTGETLNGRG ATGSMRGVVKLTTQAGIAPEGD SSGALAWNADVINTRGGQTING SLNLDHLTANGIWSRGGMWKNG DQPVATERYASERVPVGTIMMF AGDSAPPGWIMCHGGTVSGDQ FPDYRNVVGTRFGGDWNNPGV PDMRGLFVRGAGTGGHILNQRG QDGYGKDRLGVGCDGMHVGGV QAQQMSYHKHAGGWGEYNRSE GPFGASVYQGYLGTRKYADWD NASYFTNDGFELGGPRDALGTL NREGLIGYETRPWNISLNYIIKVH Y	516	Fibras Gp12 de cola pequeña [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 94.1	0,0 (509/516)	Fibras de cola pequeña	Proteína gp12 de fibra de cola pequeña de fago, dominio medio	pfam0908 9	9e-29
17	17904	17245	240	MSLLNNKAGVISRLADFLGFRTK KNDISVMNNQPVGAVTISQIAKG FYDSNVESAINDVRNMAEQQVG AVLINSGVSPTGVQQTDYWSFE GTVTDTSAKPGDPVIVNMFGIPV KATNGMTSIEFTSAVRTALQEMV VKFIAIDSFEDHPTIGNKIQVKYLD NQEHILEQYSDKGITFKQEIISPS KPGYGTWQLLGAQTVTLDSHTQ PTVFYYFERIA	219	Pasador Gp11 de cola de finalización de cuña de placa base [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 93.1	3e-124 (217/219)	Pasador de cola de finalización de cuña de placa base	Proteína GP11 de cuña de placa base	pfam0867 7	1e-89
18	19709	17904	241	MKQNINIGNVVDDGTGDYLRKG GIKINENFDELYYELGDGDVPYS AGAWKTYNASSGQTLTAEWGK SYAINTSSGRVTLQLPKGTVNDY NKVIKARDVFATWNVNPVTLVAA SGDTIKGSSSSVEINVQFSDLELV YCAPGRWEYVKNKQIDKIISSDIS NVARKEFLVEVQGQTDFLDVFH GTSYNVNNIRVKHRGNELYYGD VFSENSDFGSPGENEGELIPLDG FNIRLRQPCNIGDTVQIETFMDG VSQWRSSYTRRQIKVLDSKLTSK	601	Pasador de cola de finalización de cuña de placa base Gp10 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 92.1	0,0 (590/601)	Pasador de cola de finalización de cuña de placa base	Proteína similar al bacte-riófago T4 gp9/10	pfam0788 0	3e-79

Fig. 6F

				TSLEGSIYVTDLSAMKSIPFSAFG LIPGEPINPNSLEVRFNGILQQQA GTAGYPLFLCEGANSDTQEGCIS LGGEWIKESNTDYSIEYEDGKPV SLLFDRKFESGDIMTWFNNDLG TLLEKDDIIELTDDRYVSKGSSTE VTGDVALTDFDKIGWPNVEKVD SYTRTYNSISSIFDSIYPVGSIYEN AINPNNPVTYMGFGSWKLFGKG QVLVGWNDDVTDPNFALNNNDL DSSGNPSHTAGGTVGTTSVTLE NANLPATKTDERVLIEDENGSVII GGCQYDPDETGPIYTKYREDYA TTNSSHTPPTNISNIQPSITVYRW IRIA							
19	20575	19709	242	MFIQEPKKLIDTGEIGNASTGDIL FDGGNKINSDFNAIYNAFGDQRK MAVANGTGADGQIIHATGYYQK HSITEYATPVKVGTRHDIDTSTV GVKVIIERGELGDCVEFINSNGSI SVTNPLTIQAIDSIKGVSGNLVVT SPYSKVTLRCISSDNSTSVWNYS IESMFGQKESPAEGTWNISTSGS VDIPLFHRTEYNMAKLLVTCQSV DGRKIKTAEINILVDAVNSEVISSE YAVMRVGNETEEDEIANIAFSIKT NYVTATISSSTVGMRAAVKVIAT QKIGVAQ	288	Conector Gp9 de fibra de cola de finalización de cuña de la placa base [Fago R314 de Enterobacteria]	YP_0028544 91.1	2e-165 (287/288)	Conector de fibra de cola de finalización de cuña de la placa base	Proteína similar al bacte-riófago T4 gp9/ 10	pfam0788 0		9e-95
20	21643	20639	243	MNDSSVIYRAIVTSKFRTEKMLN FYNSIGSGPDKNTIFITFGRSEPW SSNENEVGFAPPYPTDSVLGVT DMWTHMMGTVKVLPSMLDAVIP RRDWGDTRYPDPYTFRINDIVVC NSAPYNATESGAGWLVYRCLDV PDTGMCSIASLTDKDECLKLGGK WTPSVRSMTPPEGRGDAEGTIE PGDGYVWEYLFEIPPDVSINRCT NEYIVVPWPEELKEDPTRWGYE DNLTWQQDDFGLIYRVKANTIRF KAYLDSVYFPDAALPGNKGFRQI SIITNPLEAKAHPNDPNVKAEKDY YDPEDLMRHSGEMIYMENRPPII MAMDQTEEINILFTF	334	Subunidad Gp8 de cuña de placa base [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049766. 1	0,0 (332/334)	Subunidad de cuña de placa base	Bacte-riófago T4, Gp8	pfam0921 5		5e-162
21	24734	21636	244	MTVKAPSVTSLRISKLSANQVQV RWDDVGANFYYFVEIAETKTDS GENLPSDQYRWINLGYTANNSF FFDDADPLTSYIIRVATAAQDFEQ	1032	Iniciador Gp7 de cuña de placa base [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 89.1	0,0 (1022/1032)	Iniciador de cuña de placa base	Dominio de fibro-nectina tipo 3	cd00063	0,009

Fig. 6G

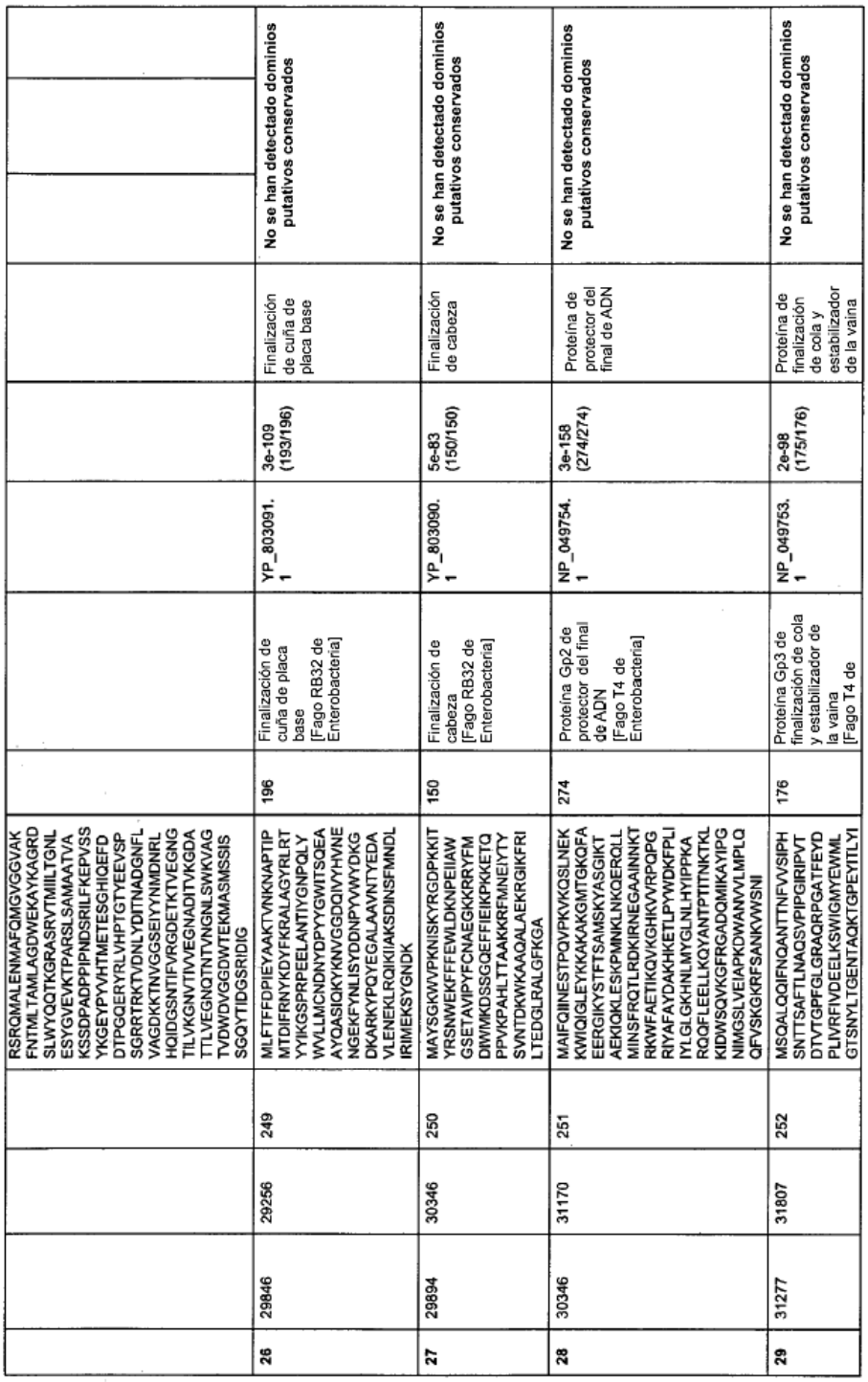


22	26713	24731	245	SDWVYTEEFETFATNAYTFQNMI EMQLANKFIQEKFTLNNSNYVNF NNDTIMAALMNESFQFSPSYYDV SSISNFIIGENEYHEIQGSIQQVC KDINRVYLMESEGILYLFERYQP VVKVSNDKGQTWKAVKLFNDRV GYPLSKTVYYQSANTTYVLGYDK IFYGRKSTDVRWSADDVRFSSQ DITFAKLGDQLHLGFDVEIFGTYA TLPANVYRIAEAITCTDDYIYVVA RDKVRYIKTSNAPIDSDPLSPTYS ERLFEPDTMTITGNPKAVCYKMD SIGDKVFALIIGEVETLNANPRTS KIIDSADKGIYVLNHDEKTWKRVF GNTEEERRRIQPGYANMSTDGK LVSLSSSNFKFLSDNVVNDPETM VKYQLIGAVKYEFPREWLADKHY HMMAFIADEKSDWETFTPQPMK YYAEPFFNWSKKSNTRCWINNS NRAVVYADLKYTKVIENIPETSP DRLVHEYWDDGDCTIVMPNVKF TGFKKYASGMLFYKSSGEIISYY DFNYRVRDTVEIIWKPTGVFLKA FLQNQEHETPWSPEEEHGLADP DLRPLIGTMMPDSYLLQDSNFEA FCEAYIQYLSDGYGTQYNNLRNL IRNQYPREEHAWEYLWSEIYKR NIYLNADKRDAVARFFESRSYDF YSTKGIEASYKFLFKVLYNEEVEI EIESGAGTEYDIIVQSDSLTEDLV GQTIYTATGRCNVTYIERSYSNG KLQWTVTIHNLLGRLIAGQEVKA ERLPSFEGEIIRGVKGKDLLQNNI DYINRSRSYYVMKIKSNLPSSRW KSDVIRFVHPVGFGFIATLLTMFI NVGLTLKHTETIINKYKNYKWDS GLPTEYADRVAKLTPTGEIEHDS VTGEAIYEPGPMAGVEYPLPDDY NAENNNSIFQGQLPSERRKLMS PLFDASGTTFAQFRDLVNKRLKD NIGNPRDPENPTQVKIDE	660	Cuña gp6 de placa base [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 88.1	0,0 (657/660)	Cuña de placa base				No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 6H

				FPRLKLAQGRIVRTEIIYDKLTPIII YDKNIDRNQVKLYVDGAEWINW TRKSMVHAGSTSTIYYMRETIDG NTEFYFGEGEISVNASEGALTAN YIGGLKPTQNSTIVIEYISTNGAD ANGAVGFSYADTLTNITIININENP NGDPDFVGADGGGDPEDIERIR ELGTIKRETQQRCVTATDYDTFV SERFGSIIQAVQTFTDSTKPGYA FIAAKPKSGLYLTTVQREDIKNYL KDYNLAPITPSIISPNYLFIKTNLK VTYALNKLQESEQWLEGQIIDKID RYYTEDVEIFNSSFAKSKMLTYV DDADHSVIGSSATIQMVREVQNF YKTPEAGIKYNNQIKDRSMESNT FSFNSGRKVVNPDTGLEEDVLY DVRIVSTDRDSKGIGKVIIGPFAS GDVTENENIQPYTGNDFNKLANS DGRDKYYVIGEINYPADMIYWNI AKINLTSEKFEVQTIELYSDPTDD VIFTRDGSLIVFENDLRPQYLTIDL EPISQ								No se han detectado dominios putativos conservados
23	27015	26722	246	MSGLSYDKCVTAGHEAWPPTVV NATQSKVFTGGIAVLVAGDPITE HTEIKKPYETHGGVTQPRTSKVY VTGKKAVQMADPISCGDTVAQA SSKVFIK	97	Proteína Gp5.4 · hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049763.1	9e-50 (97/97)				
				MEGSSIDVTFTAQLETGETLVSIN ITSYEETPGVLVEENRLYGTYES VFGFGNDALKYRLGDEFKTAAS WEELPTDSDTQLYLWKAPQNLQ KTFTYEVTLIYDYQEQSESGGSG SNSRSSSDTTEPTDPPAPVRKTL VKNYTKTIVGNWSRWANKLRSY VYERS	164	Proteína RB32ORF151w hipotética [Fago R632 de Enterotacteria]	YP_803093.1	9e-90 (163/163)				No se han detectado dominios putativos conservados
24	27510	27016	247									
				MEMISNNLNWFVGVVEDRMDPL KLGRVRVRVVGLHPPQRAQGDV MGIPTEKLPWMSVIQPITSAAMS GIGGSVTGPVEGTRVYGHFLDK WKTNGIVLGTYGGIVREKPNRLE GFSDPTGQYPRRLGNDTNVLNQ GGEVGYDSSSNIIQDSNLDTAIN PDDRPLSEIPTDDNPNMSMADM LRRDEGLRLKVYWDTEGYPTIGI GHLIMKQPVRDMAQINKVLSKQV GREITGNPGSITMEEATTLFERD LADMQRDIKSHSKVGPVWQAVN	575	Dispositivo de punción celular de bacteriófago T4	1K28	0,0 (572/575)	Subunidad de centro de placa base y lisozima de cola, dispositivo de punción celular	Lisozima similar al bacte-riófago T4	cd00735	1e-74
25	29272	27545	248									

Fig. 6I



				RSRQMALENMAFQMGVGGVAK FNTMLTAMLAGDWEKAYKAGRD SLWYQQTKGRASRVTMIILTGNL ESYGVEVKTPARSLSAMAATVA KSSDPADPPIPNDSRILFKEPVSS YKGEYPYVHTMETESGHIQEFD DTPGQERYRLVHPTGTYEEVSP SGRRTRKTVDNLYDITNADGNFL VAGDKKTNVGGSEIYYNMDNRL HQIDGSNTIFVRGDETKTVEGNG TILVKGNVTIVVEGNADITVKGDA TTLVEGNQTNTVNGNLSWKVAG TVDWDVGGDWTEKMASMSSIS SGQYTIDGSRIDIG								
26	29846	29256	249	MLFTFFDPIEYAAKTVNKNAPTIP MTDIFRNYKDYFKRALAGYRLRT YYIKGSPRPEELANTIYGNPQLY WVLLMCNDNYDPYYGWITSQEA AYQASIQKYKNVGGDQIVYHVNE NGEKFYNLISYDDNPYVWYDKG DKARKYPQYEGALAAVNTYEDA VLENEKLRQIKIIAKSDINSFMNDL IRIMEKSYGNDK	196	Finalización de cuña de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803091.1	3e-109 (193/196)	Finalización de cuña de placa base					No se han detectado dominios putativos conservados
27	29894	30346	250	MAYSGKWVPKNISKYRGDPKKIT YRSNWEKFFFEWLDKNPEIIAW GSETAVIPYFCNAEGKKRRYFM DIWMKDSSGQEFFIEIKPKKETQ PPVKPAHLTTAAKKRFMNEIYTY SVNTDKWKAAQALAEKRGIKFRI LTEDGLRALGFKGA	150	Finalización de cabeza [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803090.1	5e-83 (150/150)	Finalización de cabeza					No se han detectado dominios putativos conservados
28	30346	31170	251	MAIFQIINESTPQVPKVKQSLNEK KWIQIGLEYKKAKAKGMTGKQFA EERGIKYSTFTSAMSKYASGIKT AEKIQKLESKPMNKLNKQERQLL MINSFRQTLRDKIRNEGAAINNKT RKWFAETIKQVKGHKVVRPQPG RIYAFAYDAKHKETLPYWDKFPLI IYLGLGKHNLMYGLNLHYIPPKA RQQFLEELLKQYANTPTITNKTKL KIDWSQVKGFRGADQMIKAYIPG NIMGSLVEIAPKDWANVVLMPLQ QFVSKGKRFSANKYWSNI	274	Proteína Gp2 de protector del final de ADN [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049754.1	3e-158 (274/274)	Proteína de protector del final de ADN					No se han detectado dominios putativos conservados
29	31277	31807	252	MSQALQQIFNQANTTNFVVSIPH SNTTSAFTLNAQSVPIPGIRIPVT DTVTGPFGLGRAQRPGATFEYD PLIVRFIVDEELKSWIGMYEWML GTSNYLTGENTAQKTGPEYITLYI	176	Proteína Gp3 de finalización de cola y estabilizador de la vaina [Fago T4 de	NP_049753.1	2e-98 (175/176)	Proteína de finalización de cola y estabilizador de la vaina					No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 6J

				LDNSKTEIVMSINFYKPWVSDLS EVEFSYTEDSDPALVCTATIPYTY FQVEKDGKIIAEV		Enterobacteria]					
30	31857	32582	253	MKLIFLSGVKRSGKDTTADFIMS NYSAWKYQLAGPIKDALAYAWG VFAANTDYPCLTRKEFEGIDYDR ETNLNLTKLEVITIMEQAFCYLNG KSPIKGVFVFDDEGQESVNSVAF NKIIDVINMIEDQWSVRRLMQALG TDLIVNNFDRMYWWKLFALDYLD KFNSGYDYYIVPDTRQDHEMDA ARAMGATVIHVVRPGQKSNDTHI TEAGLPIRDGDLVITNDGSLEELF SKIKNTLKVL	241	dNMP quinasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803086.1	2e-139 (240/241)	dNMP quinasa		No se han detectado dominios putativos conservados
31	32582	32812	254	MSEQTIEQKLSAEIVTLKSRILDT QDQAARLMEESKILQGTLAEIAH AVGITGDTIKVEEIVEAVKNLTAE SADFE	76	Montaje de la chaperona larga y fibra de la cola corta [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803085.1	1e-32 (75/76)	montaje de la chaperona larga y fibra de la cola corta		No se han detectado dominios putativos conservados
32	32819	33267	255	MEFKDFSTGLYVAAKFSELTLDA LEELQRSLRVPNPVPREKIHSTIC YSRVNVPYVPSSGSFEVASSGH LEVWKTQDGSTLVLVLDSEYLRC RHMYARALGATHDFDDYTPHITL SYNVGPLSFSGDVQIPVVLDREY KEPLKLDWADDLK	151	Proteína RB32ORF142c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803084.1	5e-84 (151/151)			No se han detectado dominios putativos conservados
33	33341	33598	256	MKTFKEFATKTTITESSHGMEVK LGMALAEAERLFSRIKELAAAVD PSSPKGDQTKVKALLALCSDAGE IAKNGSKMKKRLEDLK	85	Proteína RB32OR-F141c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803083.1	1e-40 (85/85)			No se han detectado dominios putativos conservados
34	33663	33908	257	MEIKMKTYQEFIAETADVKVEFIY TGKKDKMGEMPHGVLRDALDNF GQLAAEDYGDKIVVTGPAAVIEK WAAENKSIFRKK	81	Ip6 [Fago T6 de Enterobacteria]	CAA84458.1	2e-37 (76/77)			No se han detectado dominios putativos conservados
35	33987	34152	258	MKRCELIRNVAIAISASAFSFSMF VGFCGLLTTAENVFSLVVAFLIG LIAIVMDKISKGE	61	Proteína ARN1.4 de membrana predicha hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049748.1	2e-25 (51/61)			No se han detectado dominios putativos conservados
36	34152	34550	259	MNVEYYVYADYENNPSKKDEDNR LGVDAFDSPAAAWQWVERTDIP YRYIEVVDHAGNKYPKEAYVASG KVNFLLFAGDNYYPRGGYTDLIA KAFSEDELRDIIKENENKPMDSN	132	Proteína ARN1.3 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_0029224 85.1	3e-67 (127/133)			No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 6K

				RFDWWQIVNANTHTIVDEG						
37	34553	34840	260	MILYAKVSSIENGYKYDQDAAKA LIDDYGILTCFEVEKVYIDRSSSQ VKLVKEERKFNTVNFDFFIETEK GPLEYDIFKNPLGLECIVNMYYY KW	95	Proteína ARNt.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 96.1	1e-46 (91/95)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
38	34938	35010	261	UGGGAAUUAGCCAAGUUUGGUA AGGCACUGGAUUUUGAUUCCA GGAUgCAAAGGUUCGAGUCCU UUAUUCCCAG					ARNt1-Gln	
39	35012	35095	262	GCGAGAAUGGCCAAAUUGGUa AAGGCACAGCACUUAAAAUGC UGCGGAAUGAUUUCCUUGUGG GUUCGAGUCCCACUUCUCGCA					ARNt2-Leu	
40	35104	35174	263	GCGGAUAUCGUAUAAUGGUAU UACCUCAGACUUCCAAUCUGA UGAUGUGAGUUCGAUUCUCAU UAUCCGCU					ARNt3-Gly	
41	35188	35261	264	CUCCGUGUAGCUCAGUUUGGU AGAGCGUCUGCUUUGGGAGCA GAAUGUCGUAGGUUCAAAUCC UGCCACGGAGA					ARNt4-Pro	
42	35264	35350	265	GGAGGCGUGGCAGAGUGGUU UAAUGCACCGGUCUUGAAAAC CGGCAGUCCGCUCCGGCGACU CAUAGGUUCAAAUCCUAUCGC CUCCG					ARNt5-Ser	
43	35359	35431	266	GCUGAUUUAGCUCAGUAGGUA GAGCAACUCACUUGUAAUGAG AAGGUCGGCGGUUCGAUUCC GUCAAUCAGCA					ARNt6-Thr	
44	35436	35507	267	GGCCCUGUAGCUGGAAGGUU CAAGCAAGCGACUCAUAAUCG CCAGAUGGUGGUUCAAUUCCA CCCAGGGCCA					ARNt7-Met	
45	35520	35603	268	GGGGAGUUAUcCCGUAGAGGU AGCGGUGUGGACUGUAAAUCC AUUGUCAUUGcGACUcGGGUG GUUCGACUCCCACCACUCCCCA					ARNt8-Tyr	
46	35611	35682	269	GGAUGUGUAGCUCAAUGGCAG AGCGAUCGCCUGUUAAGCGAU UGGUUAUAGGUUCGAAUCCUA UCACGUCCG					ARNt9-Asn	

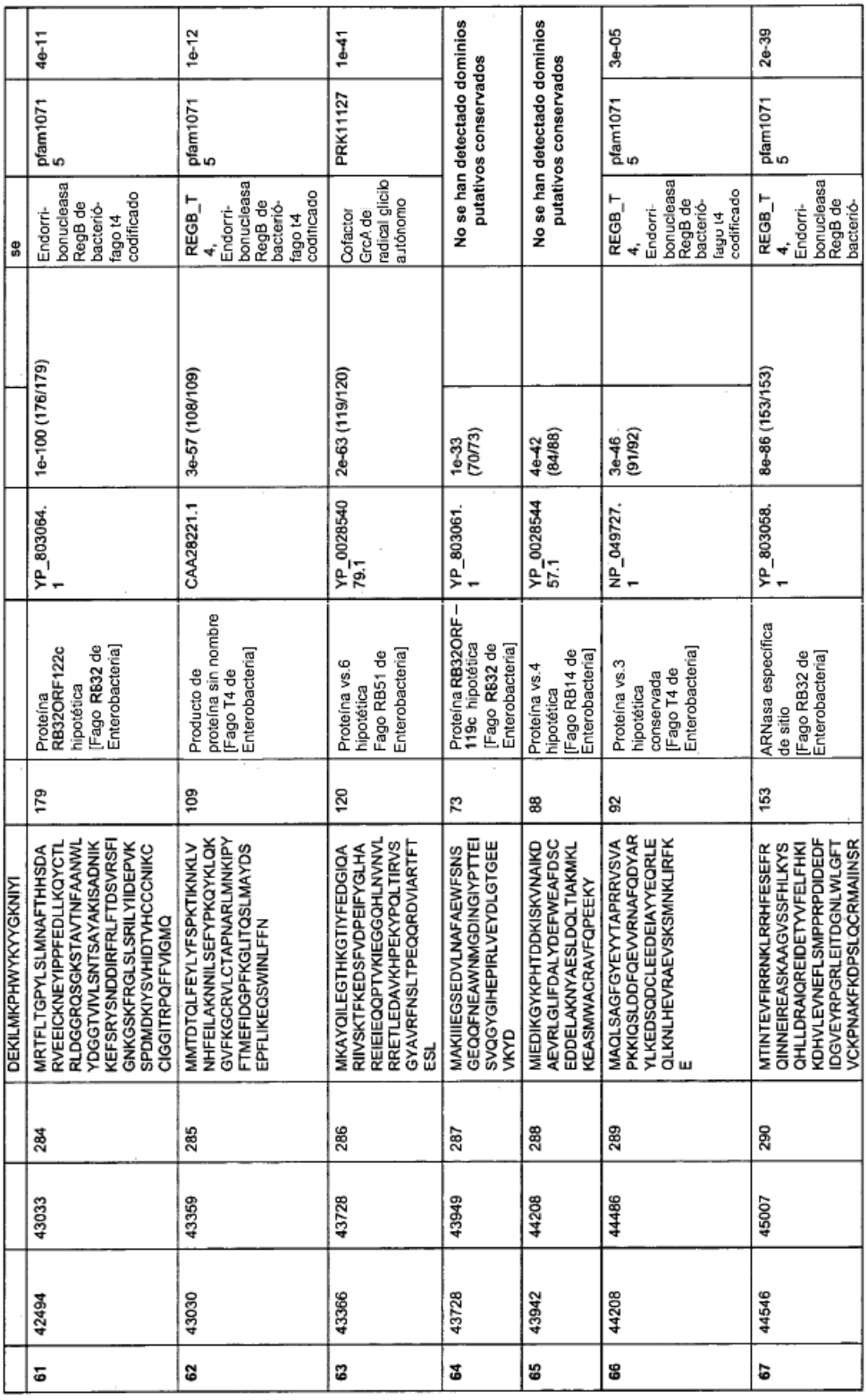
Fig. 6L

47	35800	35872	270	GUGGCCGUAGUUCAGUUGGU AGAACUCGAGAUUGUGAUUCU CGUAGUCAUGGGUUCGACUCC CAUCGGUCACC					ARNt10-His	
48	35880	35952	271	CGGGGCAUAGCUCAGAAGGAA GAGCAAGGACCUUCUAAGUCC UAGGUCGUAGGUUCGAUCCCU ACUGCCUCGA					ARNt11-Arg	
49	35974	36324	272	MKGNVYLVVHDLTFYFNHNDTVI SERVINLLYQHADYVYVENEYGH WQFLKNRSFGLDGYEYFDRKDL LDTIPLSTQYQNHKSLHKCRLIRN AESAYEAIDLWRKRREYIDSLKE Y	116	Proteína RB51ORF141 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 94.1	8e-60 8111/116)		No se han detectado dominios putativos conservados
50	36708	37181	273	MKSYTQFLNEAVLNEASSTEIQA VAKAAIAAGKYSYKDASDESRFQ FARDMKAEGFTGNAVSMAWKSL VATGAAFAKASGKPAPKADPKA AQEKNIVKGIIAKYEAILKELLVIKT EGQKLARAYSFKDNPHVHSLEY VEDIQKIIKDRIWSAKQIK	157	Proteína RB51ORF140 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 93.1	1e-83 (154/157)		No se han detectado dominios putativos conservados
51	37307	37870	274	MKTYAEFLTEAAKLPSEADLTKV FFQLDPKDRGDFLKWKAKAIEM YNIDNSSFTMSQENKFNKAFFKI SKKLASGAQVPKSVLATPERAPV KISKNMFDTKKYVNALNKALDAL DDAKKAARDLQDVYTDFDRKTK GSISNSERNSVSVYSDSLDVLGD AYTEIKNRINTASKLKAAAEAIISK LGK	187	Proteína RB14ORF136 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 72.1	5e-100 (183/187)		No se han detectado dominios putativos conservados
52	38100	38363	275	MDNYGELFNFFMKCVSEDFGRT VNDIKVIGPDHPMFETYAVMGNE DGQWYTVKVVINMFTAEGYVKL SSKVYHDNDEIAEEYFNNMK	87	Proteína RB32ORF-131c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803073. 1	2e-44 (87/87)		No se han detectado dominios putativos conservados
53	38465	39058	276	MNTLKKIVEFIRTKLGSAMAKNLS VEEQYTAAAAKLLDKIKDLKTASV KSINEEKRIRELVIEKNRQAESKE REIRKLLSEGQDVTMHAKLGLLY RRTAEQLTTKADGYAEMRIEIAK KVVELDDARQELAVKLEYIRETR AANALGISTADDVVEIAALTKVDI EDTLARVETFNGNISGVETTSAD VQEYINSLK	197	Proteína e.6 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049742. 1	6e-105 (194/197)		No se han detectado dominios putativos conservados
54	39106	39714	277	MKMQSDFNSMFEEFQRQVDVP DQLLNALKRMAEGRNYYWGSSY	202	Proteína RB32ORF-128c hipotética	YP_803070. 1	4e-112 (197/202)		No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 6M

			ETDESLSGRFSRGKKSLIRPGILI NSIESIHSLTCDFDVEFTDFISPE WTVCYLNDDFDYLGVYSLSDAW FKRNLQKSNLFYIDTTVKFQGKK YFFTLIVDSETKHENKRILSKKNIL TIVDDLFDKFVENPNFESDLLLEK FVKECREYVKTTITPSK	278	MSKPSLYLPSKPVKYEPKRQIIST DVLIGPVILISFVILLIIGGVLDVMT DIDSGEILVLMLILPLIVPLLLVPVN WVGYWYQGRHYRKRVRDWKA QCKKIKKEHQLKLDMYEFDEIMK FVKESRCKSQN	130	Proteína RB32ORF127c hipotética [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_803069.1	2e-64 (123/130)		No se han detectado dominios putativos conservados	
56	40057	40419	279	MQKPKLNKVKYSFPEALLILAVS VFTALAGSLIGLLIDCFILNIDGTVI ITEVWSELRFTIAISLFSFFGTMLY FHYDNFKINWQRKKDYKIQLKEY NSYMSYIEKESMEEFVSDCRKIK	120	Hipotética conservada, proteína e.3 de membrana predicha [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049739.1	1e-49 (98/120)		No se han detectado dominios putativos conservados		
57	40416	40904	280	MILKTRWYDLDDGDDGISVDRV DWSGCSEDTKKRLIREFRMGYQ AVKPSTVTDDKFVCIHNGRAKLT NAEWFTDKIMILWYIISLPVSSFV FYFFIKNPMDRIGDWILLTILVNIF TASILSGIWYTFIEMPWRLRRQQ KIFDEKKYTQNLNNFITECRKLK	162	Proteína e.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 86.1	3e-85 (152/162)		No se han detectado dominios putativos conservados		
58	40901	41341	281	MKTLSAGIIFMTEDKDLFMGRVT GSRKPGMMAHRWDIPKGRVES SDLNALEAAKRECLEETGFSNYN PDLLEDLGVFKYSSNKDLQLFYY TIPVEHEMFRNCHCESYFENKD GVMIPEMDAFALIPRTQWQYVM GPSLYRIMNSLF	146	Hidrolasa nudix [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 85.1	1e-83 (144/146)	Hidrolasa nudix	Dominio NUDIX	pfam0029 3	5e-10
59	41378	41872	282	MNIFEMLRIDEGLRLKIYKDTEGY YTIGIGHLLTKSPSLSVAKSELDK AIGRNCNGVITKDEAEKLFNQDV DAAVRGILRNAKLKPVYDSLDAV RRCALINMVFQMGETGVAGFTN SLRMLQQKRWDEAAVNLAKSR WYNQTPNRAKRVIATFRTGTWD AYKNL	164	Lisozima soluble [Fago RB32de Enterobacteria]	YP_803066.1	2e-92 (164/164)	Lisozima soluble	Lisozima similar al bacterió-fago T4	cd00735	7e-64
60	41932	42348	283	MTRINLTLVSELADQHLIAEYREL PRVFGIVRKHVANGKRVKDFKIS SKFILGSGHVTFFYDKLEFLRKR QSDIITECLKRGFSIKDTEVPDISD IPVEWKNDYNPCKSAIKLSQQRL	138	Endonucleasa V [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 83.1	1e-74 (135/138	Endonucleasa V	Dímero de pirimidina de ADN glicosilasa	pfam0301 3	2e-69

Fig. 6N



				DEKILMKPHWYKYYGKNIYI						se		
61	42494	43033	284	MRTFLTGPYLSLMNAFTHHSDA RVEEICKNEYIPPFEDLLKQYCTL RLDGGRQSGKSTAVTNFAANWL YDGGTVIVLSNTSAYAKISADNIK KEFSRYSNDDIRFRLFTDSVRSFI GNKGSKFRGLSLSRILYIIDEPVK SPDMDKIYSVHIDTVHCCCNIKC CIGGITRPQFFVIGMQ	179	Proteína RB32ORF122c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803064.1	1e-100 (176/179)		Endonucleasa RegB de bacteriófago t4 codificado	pfam10715	4e-11
62	43030	43359	285	MMTDTQLFEYLYFSPKTIKNKLV NHFEILAKNNILSEFYPKQYKLQK GVFKGCRVLCTAPNARLMNKIPY FTMEFIDGPFKGLITQSLMAYDS EPFLIKEQSWINLFFN	109	Producto de proteína sin nombre [Fago T4 de Enterobacteria]	CAA28221.1	3e-57 (108/109)		REGB_T4, Endonucleasa RegB de bacteriófago t4 codificado	pfam10715	1e-12
63	43366	43728	286	MKAYQILEGTHKGTIYFEDGIQA RIIVSKTFKEDSFVDPEIFYGLHA REIEIEQQPTVKIEGGQHLNVNVL RRETLEDAVKHPEKYPQLTIRVS GYAVRFNSLTPEQQRDVIARTFT ESL	120	Proteína vs.6 hipotética Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 79.1	2e-63 (119/120)		Cofactor GrcA de radical glicilo autónomo	PRK11127	1e-41
64	43728	43949	287	MAKIIIEGSEDVLNAFAEWFSNS GEQQFNEAWNMGDINGIYPTTEI SVQGYGIHEPIRLVEYDLGTGEE VKYD	73	Proteína RB32ORF–119c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803061.1	1e-33 (70/73)		No se han detectado dominios putativos conservados		
65	43942	44208	288	MIEDIKGYKPHTDDKISKVNAIKD AEVRLGLIFDALYDEFWEAFDSC EDDELAKNYAESLDQLTIAKMKL KEASMWACRAVFQPEEKY	88	Proteína vs.4 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 57.1	4e-42 (84/88)		No se han detectado dominios putativos conservados		
66	44208	44486	289	MAQLSAGFGYEYYTAPRRVSVA PKKIQSLDDFQEVVRNAFQDYAR YLKEDSQDCLEEDEIAYYEQRLE QLKNLHEVRAEVSKSMNKLIRFK E	92	Proteína vs.3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049727.1	3e-46 (91/92)		REGB_T4, Endonucleasa RegB de bacteriófago t4 codificado	pfam10715	3e-05
67	44546	45007	290	MTINTEVFIRRNKLRRHFESEFR QINNEIREASKAAGVSSFHLKYS QHLLDRAIQREIDETYVFELFHKI KDHVLEVNEFLSMPPRPDIDEDF IDGVEYRPGRLEITDGNLWLGFT VCKPNAKFKDPSLQCRMAIINSR	153	ARNasa específica de sitio [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803058.1	8e-86 (153/153)		REGB_T4, Endonucleasa RegB de bacterió-	pfam10715	2e-39

Fig. 6O

				RLPGKASKAVIKTQ										
68	45015	45560	291	MRKALLAGLLAISMMAHSSEHTF SNVQLDNMRYAYQFGEQFSKD GKYKTHKNIHKSGLGHIMAAILW QESSAGVNLKSKPKHHAYGMFQ NYLPTMRARVKELGYNMTDAEIK RMLNKRSNSASAWAYIELSYWLNI HKGDIRKAISSYNSGWNVKAGS KYASEVLEKANYLKNNKLLEIVN D	181	Proteína vs.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049725.1	6e-101 (180/181)		fago t4 codificado	REGB_T4, Endonri-bonucleasa RegB de bacteriófago t4 codificado	pfam10715	2e-27
69	45553	45894	292	MTKILVLCIGLISFSVLADTSYTEI REYVNRTAADYCGKNKACQAEF AQKLIYAYKDGERDKSSRYKNDT LLKRYAKKWNTLECSVAEEKDK AACHSMVDRLVDSYNRGLSTR	113	Modificador de sintetasa de ARNt-valil [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854073.1	5e-59 (112/113)	Modificador de sintetasa de ARNt-valil	No se han detectado dominios putativos conservados				
70	45891	46370	293	MIVKYIKGDIVALFLQGNIIAHGCN CFHTMGSGVAGQLARAYPKILEI DKTTTEYGSRDKLGDMSIVFKHS PTGFGICYNLYTQYEPGPNLDYG ALVNCMIELNLQAETLLFKPVIYIP RIGCGIAGGDWDKVSKLIDMFTP DIDLIVDYESTLPASV	159	Proteína Tk.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595233.1	5e-84 (148/159)		Dominio macro, familia similar a Pao1p	cd02901	5e-21	
71	46342	46554	294	MKVHYPHPFDPKNKVEIIRQWER ICRTKCPINSPHDVDKDYIGTFVE YTFIDRKGRKQHVEEYCLKVTWL	70	Proteína tk.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854071.1	6e-33 (67/70)		No se han detectado dominios putativos conservados				
72	46551	46757	295	MSQTSILKNAHCEKCEWPVVFAL CNDEMACDFDYWCYCSNKGCIN HKGEGFYSGFYPYPPDFVKEGKP K	68	Proteína RB32ORF-111c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803053.1	6e-33 (67/68)		No se han detectado dominios putativos conservados				
73	46754	46927	296	MNSFELQYEVLRELDNLIELAVN KGFAIGIGQKDTGHLTMEIFKQK RIILKLLEINI	57	Proteína RB32ORF-110c hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854069.1	2e-23 (56/57)		No se han detectado dominios putativos conservados				
74	46924	47109	297	MSLSKEQKDKLFELIHELLDEHT EANTFYDEYGPLSPEQQEEFAD RFDKKENELIAYVNML	61	Proteína tk.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854068.1	2e-26 (60/61)		No se han detectado dominios putativos conservados				
75	47119	47700	298	MASLIFTYAAMNAGKSASLLTAA HNYKERGMGVLVLKPAIDTRDSV CEVVSRGIKQEANIITDDMDIFEF YKWAEAQKDIHCVFVDEAQFLKT EQVHQLSRIVDTYNVPVMAYGL RTDFAGKLFEGSKELLAIADKLIE	193	Timidina quinasa [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803049.1	5e-110 (192/193)	Timidina quinasa	Timidina quinasa	PRK04296	2e-77	

Fig. 6P

				LKAVCHCGKKAIMTARLMEDGT PVKEGNQICIGDEIYVSLCRKHW NELTKKLG								
76	47743	47955	299	MLQLTEKQLRNLTVLQLDEIRRE VGNIISALRREVSLNQSPADYTRL RNFEKYLDKVKAVHRHKVNTGQ K	70	Proteína rI.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049718.1	1e-32 (70/70)			No se han detectado dominios putativos conservados	
77	47968	48261	300	MALKATALFAMLGLAFALSPPIEA NVDPHFDKFMESGIRHVYMLFE NKSVESSEQFYSFMRTTYKNDP CSSDFECIERGAEMAQSYARIMN IKLETE	97	Proteína de membrana, regulador rI de inhibición de lisis [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049717.1	2e-49 (94/97)	regulador de inhibición de lisis, proteína de membrana		No se han detectado dominios putativos conservados	
78	48258	48644	301	MKFSDFSQSGKPSKADEYLGLL MAAQAYFHSAHFETKSYARHKA YDFIFSELPDLIDKFGEQYLGYSG RKYTPSIPDASKLPTDTIKMIDRIL DQSNSIYKEMPPAIQSTIDDITGM FYQSKYLLSLE	128	Proteína MobD.6 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049716.1	5e-68 (128/128)			No se han detectado dominios putativos conservados	
79	48740	48929	302	MKIEALNQEGNIYVIINGDFFVDM DEVTSEELVELLKKRYDMCDEAA THMACAIFSLSYVVE	62	Proteína MobD.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049715.1	4e-27 (60/62)			No se han detectado dominios putativos conservados	
80	48928	49131	303	MTRIEQADKIKELVALIRKADEEL SDFAWFSAGIANKGIEKFEAKVD NALEALDMFLDEIIDHNTRV	67	Proteína RB32ORF-102c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803044.1	1e-26 (61/67)			No se han detectado dominios putativos conservados	
81	49134	49328	304	MLTREQFEKIIKLARDIEIDSYQLA VEHCEGYSYDGIEAAKKDLDKSK AKLVQYLEMIRWNNEN	64	Proteína MobD.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 61.1	2e-29 (64/64)			No se han detectado dominios putativos conservados	
82	49318	49491	305	MKTEKQMFLMKLIEEYANAVSDY ECSSRERGTAFAKEELKIMVDAH TKLQNFIENVI	57	Proteína MobD.2a hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 39.1	5e-25 (56/57)			No se han detectado dominios putativos conservados	
83	49656	49841	306	MTSEQAFKLKELIETYSKAVHTA TVIDESAFSGHANKIKYKTLMEEA KVNLDSYIETLIGE	61	Proteína RB14ORF-101 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 37.1	1e-25 (59/61)			No se han detectado dominios putativos conservados	
84	49843	50109	307	MGFPKLEVGDLVLTKLWNGVQS VEICQYRGATGNLMYTIYNPEILL ECHLERFIKDTDSMPYSVSIVRK SDTKEYSKILEQIRANKKD	88	Proteína RB14ORF-100 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 36.1	7e-42 (83/88)			No se han detectado dominios putativos conservados	
85	50111	50644	308	MKRLVLEVSPLFGELAIEKVNNM YRLTQEDDMLYFTPSEIIHLTQIE	177	Proteína RB32ORF-098c hipotética	YP_803040.1	1e-96 (169/177)			No se han detectado dominios putativos conservados	

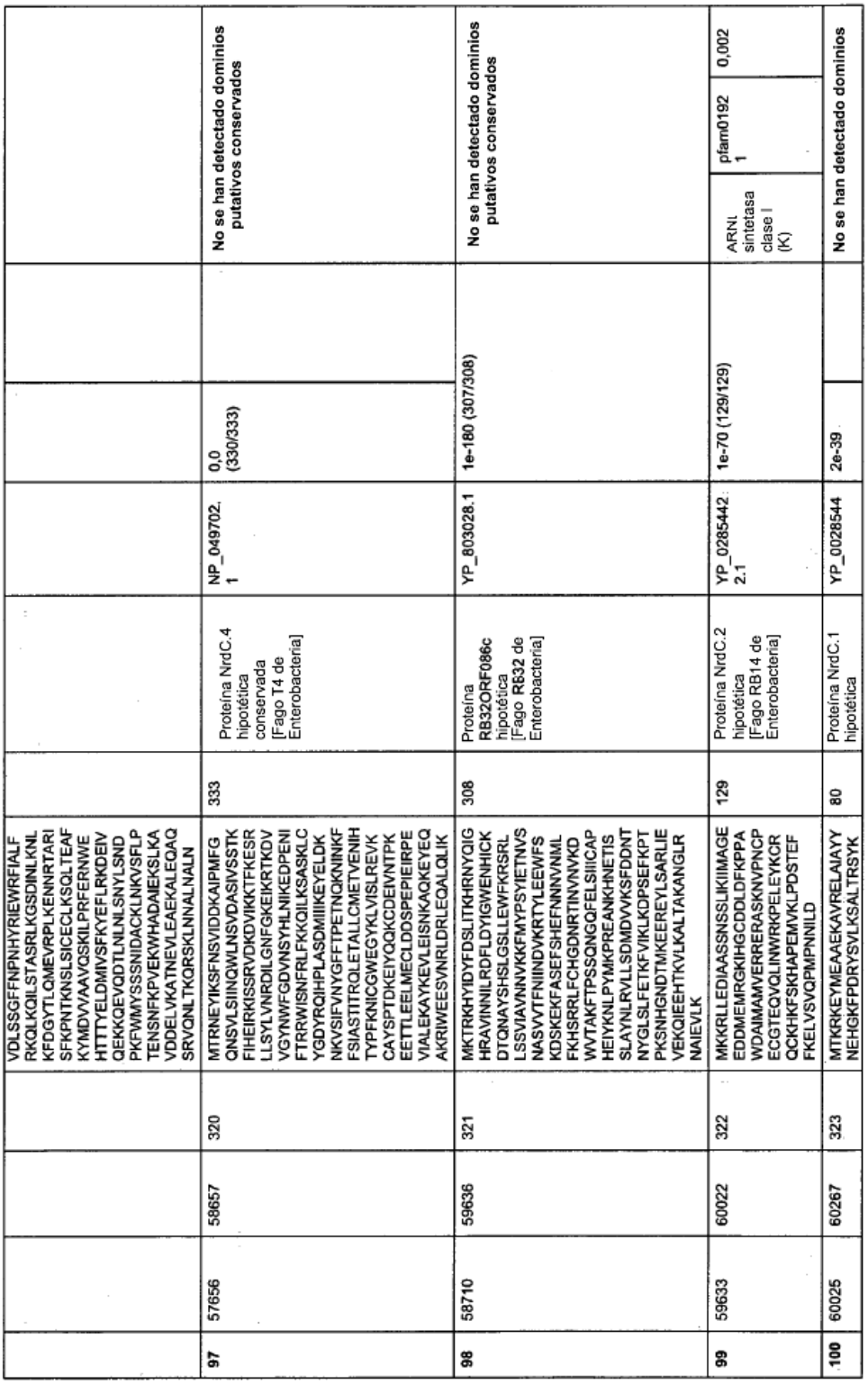
Fig. 6Q

				YPYTDKIVSINDEHKIHFYSSCPG FNIKSESMCLSVIHWDSFIDKIKY FYYSNERKHSLKWLKNCNAIITN ACNQNDETLLNVSKCYEEGDVL TIRQIDDFRSHIVTFTKDEAIALKT YLDSVIPTMISK		[Fago R632 de Enterobacteria]	1			putativos conservados	
86	50651	51172	309	MFISSGSGLIRVEFKNDIFLSQGD DIIKMSYDEIKKICHALESHGKEN ATIDIGDLWVTLYEVSEGFNIEDE NNILAIDKRSDLFDVLKVYEQSN GGRKAVLVYQKPHSCGTASIISNI EDETDTYMCVLKAGGDRHPDFI SIRQNNGEISLSKSEAEAMIKYLT TVTPSMKG	173	Proteína RB32ORF097c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803039.1	4e-93 (166/173)		No se han detectado dominios putativos conservados	
87	51175	51636	310	MIINENSWHYKLFKMFNDEWKR PKTLCAYFWSIVIPTFFVSFFGCT ILAGLTIICAEIIQKWLIFGSLWTLI PSAFILAILLVLLIIGSFVIPAQLHE KYKDYKWKKDYALHVENIDRAY KGLPPIQPKKSIIVEFLKARKAKV CPVIEYKAE	153	Proteína RB32ORF096c hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854056.1	8e-63 (139/153)		No se han detectado dominios putativos conservados	
88	51636	52646	311	MKTVMKSYFGSHLYGTSTPESD VDFKEIFVPPARDILIGNVKEHMS KNTNNTSSKNTKDDIDHELYSLK YFFKLAADGETVALDMLHTPPEL VVKSDLPDVWKFIQDNRSRFYTT NMKSYLGYVRKQASKYGVKGSR LAALRDVLKVVNQIPEQWVDYQ EDGSIKQRRTKVEDIKHRLPENE FCEWVFHNHEKTGPQTFYTVLG RKYQTTLSLIELKQSLNKLDAEY GERARKAEANEGIDWKALSHAC RGGLQLLEIYKTGDLVYPLQIDAP FILDVKLGKHPFKTVQEFLEDVV DQVEAASTEASKNGMQQKVDM SFWDDFLEKVYLENHRSYYK	336	Proteína RB32ORF095c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803037.1	0,0 (335/336)		Nuc-transf, transferasa de nucleo-tidilo predicho	pfam10127	2e-06
89	52764	52913	312	MKITPIEVKKLIDTEEISECFESFL EDATEDNAVYLAQKIIETYLEKNQ	49	No se encontró una similitud significativa.						
90	52910	53173	313	MTVYVDVLMNHGWKLRGHPTK NCHMFTDGDIEELHEMAEAIGMK RSWFQDKRIKHYDLHARRRQKA VELGAVEVSRREAVKIWRTLK	87	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados	
91	53243	54211	314	MKTVTINKGIYFGKEISGTFELLG EWFPDNAPVDAQGDGKVFVEID GKRRGVWVYKSDISYDGVKVEE VKESYEDMKTRINKRFNVMGMM	322	Proteína RB32ORF094c hipotética [Fago R632 de	YP_803036.1	0,0 (319/322)			No se han detectado dominios putativos conservados	

Fig. 6R

				TNGIINGNIRSLIISGAAGIGKTYS LDKALNKANDNGYIEYKSINGKIS GIGLYEQLWNNREENSVLLIDDV DVFSDMDILNLLKAALDTGETRK VCWSTASSYLEEKGIEREFEFKG TIVFITNVDIDRELDRGTKLAPHL QALVSRSVYLDLGVHTNEEIMVR VEDVILSTDMMQKRGLSDEETYK ALSWMKVNVNRLRNVSLRTALY LADFIMTDKNGWEEIAEVTLLK	Enterobacteria]					
92	5413	54615	315	MLYSKAREIYETKIKEAVFKFATT MRWTNDWEYSKNHKKPMVTRK AHMLVLIDREQIKAREALQNHKK AAFEWFMDNTAPETKKAVSAWF SGKNCERSFF	100	Proteína NrdC.9 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049701.1	8e-52 (98/100)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
93	54676	55203	316	MNAKDIFNLVNYNDGKFKSEAQ SKFFNDISIGGEITVDGGQIYKSR WNWIVIIDEIGIVEIYKNTNKNRTL HWSRDTNEQYKKDKASKLSRVT QEDIEFIKKDILMYDNLIAEEQAVI DKFDEIKASREIPDFMKESVNER YTLISERIETYKKQRAERQNTLRRK FEERLKTVLA	175	Proteína NrdC.8 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 28.1	9e-96 (175/175)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
94	55259	55866	317	MKQLIIKRLNLLICCLCIAIAYGYY AINDYMHYKDYDVTVVNTITGTQ GKGSSLSFIAVYELKDGYRFSEYI SPEMYSSIEKGDNITVSLRPFDV KQTLFDNIVWFFGMVLVQSVCG AYIVCSILFCIFSKIEIE	135	Proteína NrdC.7 hipotética conservada, proteína de membrana predicha [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049705.1	9e-66 (122/133)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
95	55674	56561	318	MSVVINNVNAVIKSLVNKKLNEW TVLRRGEPDKFFHRFNPTLDLNV IDRDVHAEILDKFKVDIGFGLDKH LQRTNGSGMGLSNRIMKALNKIG ALSRINASEILRNYNKGYDLYGRL MPKLSFDQMIADLWENQRRLLA LGARLAKGLDKQMIFKTNNTEDL KCFKFSTRGDDYYIRARSTDYVN MGHHLCLAFEVLKEAGTLEYVS GAKCPIGSNCILIYRPDESSSTKL PTKPVPVRSNEKHSEQIAYFNKQ IEELNISIQQYDDEIFRLSGLSSKA KSEREKLIKIVDLLKS	295	Proteína NrdC.6 hipotética [Fago RB14de Enterobacteria]	YP_0028544 26.1	8e-170 (291/295)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
96	56570	57598	319	MKTRSQIEDMVRNASYTRDVMT FLCENNLDPDKVNRVIHHFKYTN SSEWVRNFSKAGYITQMTAREQ LTDFCKTIDYKNPLIVQGVGQSK	342	Proteína RB32ORF-hipotética 088c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803030.1	0,0 (335/342)		**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 6S



				VDLSSGFFNPNHYRIEWRFIALF RKQLKQILSTASRLKGSDINLKNL KFDGYTLQMEVRPLKENNRTARI SFKPNTKNSLSICECLKSQLTEAF KYMDVVAAVQSKILPRFERNWE HTTTYELDMIVSFKYEFLRKDEIV QEKKQEVQDTLNILSNYLSND PKFWMYSSSNIDACKLNKVSFLP TENSNFKPVEKWHADAIEKSLKA VDDELVKATNEVLEAEKALEQAQ SRVQNLTKQRSKLNNALNALN								
97	57656	58657	320	MTRNEYIKSFNSVIDDKAIPMFG QNSVLSIINQWLNSVDASIVSSTK FIHEIRKISSRVDKDVIKKTFKESR LLSYLVNRDILGNFGKEIKRTKDV VGYNWFGDVNSYHLNIKEDPENI FTRRWISNFRLFKKQILKSASKLC YGDYRQIHPLASDMIIIKEYELDK NKVSIFVNYGFFTPETNQKNINKF FSIASTITRQLETALLCMETVENIH TYPFKNICGWEGYKLVISLREVK CAYSPTDKEIYQQKCDEIVNTPK EETTLEELMECLDDSPEPIEIRPE VIALEKAYKEVLEISNKAQKEYEQ AKRIWEESVNRLDRLEQALQLIK	333	Proteína NrdC.4 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049702.1	0,0 (330/333)				**No se han detectado dominios putativos conservados**
98	58710	59636	321	MKTRKHYIDYFDSLITKHRNYQIG HRAVINNILRDFLDYIGWENHICK DTQNAYSHSLGSLLEWFKRSRL LSSVIAVNNVKKFMYPSYIETNVS NASVVTFNIINDVKRTYLEEWFS KDSKEKFASEFSHEFNNNVNML FKHSRRLFCHGDNRTINVNVKD WVTAKFTPSSQNGQFELSIIICAP HEIYKNLPYMKPREANKHNETIS SLAYNLRVLLSDMDVVKSFDDNT NYGLSLFETKFVIKLKDPSEFKPT PKSNHGNDTMKEEREYLSARLIE VEKQIEEHTKVLKALTAKANGLR NAIEVLK	308	Proteína RB32ORF086c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803028.1	1e-180 (307/308)				**No se han detectado dominios putativos conservados**
99	59633	60022	322	MKKRLLEDIAASSNSSLIKIIMAGE EDDMEMRGKIHGCDDLDFKPPA WDAIMAMVERRERASKNVPNCP ECGTEQVQLINWRKPELEYKQR QCKHKFSKHAPEMVKLPDSTEF FKELVSVQPMPNNILD	129	Proteína NrdC.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0285442.2.1	1e-70 (129/129)	ARNt sintetasa clase I (K)	pfam0192 1	0,002
100	60025	60267	323	MTKRKEYMEAAEKAVRELAIAYY NEHGKFPDRYSVLKSALTRSYK	80	Proteína NrdC.1 hipotética	YP_0028544	2e-39			**No se han detectado dominios**

Fig. 6T

				NMLSEVSDIIYKHKEQTGQSLDY DETFKQVLGIKE		[Fago RB14 de Enterobacteria]	21.1	(80/80)		putativos conservados		
101	60269	60532	324	MFKVYGYDSNIHKCVYCDNAKR LLTVKKQPFEFINIMPEKGVFDDE KIAELLTKLGRDTQIGLTMPQVFA PDGSHIGGFDQLREYFK	87	Tiorredoxina Nrdc [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049698.1	8e-45 (87/87)	Tiorredoxina Nrdc	GRX_GRXb_1_3_like, Familia de Glutarredoxina (GRX)	cd03418	2e-07
102	60529	60744	325	MMLEGTDYIHDYRGSAVYVGDE VAVYYGYGTLMTAKVIQIKNNRA KLEVYYSNGEKSISKWKYGDCM VKLG	71	RB32ORF-082c [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 42.1	2e-33 (71/71)		No se han detectado dominios putativos conservados		
103	60747	60917	326	MIYDINVSRTPSMVTIPAEELDRL QKIEELLWEIESDLPSGLESWIDY EELNKLRG	56	RB32ORF-081c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803023.1	6e-23 (55/56)		No se han detectado dominios putativos conservados		
104	60883	61056	327	LIMKNLISFGVKPWWAARWETV EPEPEEPVYIDEETVYNEPTINDL IDMEMGHDYSR	57	RB32ORF-080c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803022.1	6e-24 (54/55)		No se han detectado dominios putativos conservados		
105	61040	61525	328	MITVDKWFRINRVDTGLCNYWP ELSAGTVFKVRELAKECEDDIEP DTGIIEIELSDGKIINIYDKPITYWC LWNTESVENGEIEEVVERTSQD VQKPKAAFQGERISYALAKLAAQ ENNDGYEGNLMQAAAEYIEWLE TQISFSDQKIRQYKRLHQMFYNT	161	Inhibidor de proteasa Lon del huésped [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 38.1	4e-86 (155/161)	Inhibidor de proteasa	Inhibidor de PinA peptidasa	pfam10465	3e-66
106	61562	61738	329	MKTELVYTEKLNGGKVWKLFIKG HSTDPHMTTCVGTYSRPTKKMI RQYKRLHRMFYNT	58	RB32ORF-078c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803020.1	9e-27 (58/58)		No se han detectado dominios putativos conservados		
107	61782	62255	330	MLLTGKLYKEEKQKFYDAQNGK CLICQRELNPDVQANHLDHDHEL NGPKAGKVRGLLCNLCNAAEGQ MKHKFNRSGLKGQGVDYLEWLE NLLTYLKSDYTQNNIHPNFVGDK SKEFSRLGKEEMMAEMLQRGFE YNESDTKTQLIASFKKQLRKSLK	157	Endonucleasa VII de empaque de Gp49 EndoVII y de recombinación [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049692.1	1e-87 (157/157)	Endon VII de empaque de Endonucleasa VII y de recombinación	Endonucleasa VII de recombinación	pfam02945	3e-20
108	62252	64069	331	MTIEKEIEGLIHKTNKDLLNENAN KDSRVFPTQRDLMAGIVSKHIAK NMVPSFIMKAHESGIIHFHDIDYS PALPFTNCCLVDLKGMLENGFKL GNAQIETPKSIGVATAIMAQITAQ VASHQYGGTTFANVDKVLSPYV KRTYAKHIEDAEKWQIADALNYA	605	Subunidad de ribonucleótido reductasa anaeróbica [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 13.1	0,0 (599/605)	Subunidad de ribonucleótido reductasa anaeróbica	RNR, clase III. Ribonucleótido reductasa (RNR) cataliza la síntesis reductiva	cd01675	2e-159

Fig. 6U

			QSKTEKDVYDAFQAYEYEVNTLF SSNGQTPFVTITFGTGTDWTER MIDKAILKNRIKGLGRDGITPIFPK LVMFVEEGVNLYKDDPNYDIKQL ALECASKRMYPDIISAKNNKAITG SSIPVSPMGCRSFLSAWKDSTG NEILDGRNNLGVVTLNLPRIALDS YIGTQFNEQKFTELFNERMDLCF EALMCRISSLKGVKATVAPILYQE GAFGVRLKPDDDIIELFKNGRSS VSLGYGIHELNILVGRDIGQEILT KMNARLKQWAERTGFAFSLYST PAENLCYRFCKLDTEKYGSVKD VTDKGWYTNSFHVSVEENITPFE KISREAPYHFIATGGHISYVELPD MKNNLKGLEAVWDYAAQHLDYF GVNMPVDKCFTCGSTHEMTPTE NGFVCSICGETDPKKMNTIRRTC GYLGNPNERGFNLGKNKEIMHR VKHQ												
109	64066	64536	332	MNYDRFYPCDFVNGPGCRTVLF VTGCLHKCEGCYNKSTWNARN GIPFTGETLEQLIECLNNDYIEGL TITGGDPLYPDNRDVIHCIVQTVK NLYPNKSIWLWTGYKFEDIKQLE MLKYVDVIIDGKYEKNLPTKKLW RGSDNQRLWSNTDGVWKHD	156	Subunidad de ribonucleótido reductasa anaeróbica [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803017.1	3e-87 (155/156)	Subunidad de ribonucleótido reductasa anaeróbica	NrdG, proteína de activación de ribonucleósido reductasa anaerobia	TIGR0249 1	4e-55				
110	64529	64642	333	MIKLNYIMDTINDMIFHFGPEFYS QYSLVLINAWLIN	37	Proteína hipotética **RB32ORF074c** [Fago **R**B32 de Enterobacteria]	YP_803016.1	4e-13 (37/37)			**No se han detectado dominios putativos conservados**						
111	64652	64867	334	MYKFRKGLADFLTTVTFFLFMAV GAIFLIPFIAIFFVISLISPEKGLSSS EFNERLDKITNKLNAVLDKKA	71	Proteína Gp55.8hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 11.1	8e-32 (71/71)			**No se han detectado dominios putativos conservados**						
112	64870	65181	335	MISFERYVVESWNGFDMFGNDY YFYECSLNPSFWAGREQDLEEIN ARADLLGELPTTYFTFDESGFVI QVYFPEENSGEDSVNPPYWAYQ GIISRGTKLELKE	103	Proteína hipotética RB51ORF079 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 32.1	6e-54 (103/103)			**No se han detectado dominios putativos conservados**						
113	65153	65476	336	VEQNSNLKNKIEVYGIPDEVGRC PGCQSVTKLLKELNAPFTFYKVL TNNGKIEYDRPLIVSLAKRAGFTS LNIRYPVIFINDSRQKNIKHFKETL	107	Glutarredoxina [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 31.1	1e-55 (106/107)	Glutarredoxina	Glutarre-doxina	pfam0046 2	7e-04					

Fig. 6V

				ISLGYDRDIIED								
114	65634	65816	337	MVVVDKEIKKGQYYFINGNVVRV TYVNGFEVYYLILKLHKQMICDR AVFSSVAKEIKLHG	60	Proteína Gp55.6 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 07.1	2e-26 (60/60)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
115	65809	66102	338	MGKTYRRKDLKVRDYDYFGKRK APDGVSHKDMVENIFRSDKWRR MKGIDSEVKDELNRQLRSEVRKL KKSVYIDDDFDYNTSQRVAKRKS NECYRYS	97	Proteína Gp55.5 conservada de función desconocida [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049684. 1	6e-48 (96/97)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
116	66110	66241	339	MNIKRMLFKQGLYTLNATPKGDT TKWSVNDWIKFIDENGNWEI	43	Proteína Gp55.4 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049683. 1	2e-16 (42/43)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
117	66242	66442	340	MNPESKLSQRIAEERAKFFQNM KHNGIEDEVFLNWFWNNKYAAC EGALSLSVAMMYEGWKGAKKFS	66	Proteína Gp55.3 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049682. 1	1e-31 (66/66)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
118	66495	66821	341	MTIQIKNAINSYAYDKVVSLLEKG DIVTPQILDKWEKELHQTMKQND QKIGRNTVRELLVQYILSEFDVKA FGVESKAYQKHEISDKTIRRMKN QRKKKFADLKITKV	108	Proteína Gp55.2 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049681. 1	6e-56 (108/108)		Proteína hipotética	PHA02100	0,003
119	66824	67039	342	MNEALINDLRLAGYEVNTNGIGL TQIEGNGFILEYEFSQWWLYANY GELIEYVDQFDSLDAALEAAKLM NV	71	Proteína Gp55.1 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 02.1	2e-32 (71/71)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
120	67036	67305	343	MKLINISIAIENFGIFYVDQYMKIS FFPNKTGVGYWESHVSELNESE YVSTHKKFLDFLYRADINDHYIDI HEFKKMMEKVFQAYCLLR	89	Proteína hipotética RB14ORF65 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 01.1	2e-41 (81/89)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
121	67384	67941	344	MSETKPKYNYVNNKELLQAIIDW KTELANNKDPNKVVRQNDTIGLA IMLIAEGLSKRFNFSGYTQSWKQ EMIADGIEASIKGLHNFDETKYKN PHAYITQACFNAFVQRIKKERKE VAKKYSYFVHNVYDSRDDDMVA LVDETFIQDIYDKMTHYEESTYRT PGAEKKSVVDDSPSLDFLYEAN D	185	Factor Gp55 sigma para transcripción tardía de T4 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049679. 1	7e-106 (185/185)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	
122	67925	68143	345	MRLTINLSGFLEEIPEVEAIPYLLK MYLREVLALDIDIDPENPYDTAFK SNGVELNYRYHLTDDDFYFILEK	72	Proteína A-gt.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049678	2e-33 (72/72)			**No se han detectado dominios putativos conservados**	

Fig. 6W

123	68145	68462	346	MTDKPEINDEVEKLISSIEEKNRL EAERKANKLLSKNKRELNRLYKH AQIAAENNNFAQYEYAIKKKSRDIL KQPYNDELISILWKTTRSQIEDMI DAYTRKIQAS	105	Proteína A-gt.4 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049677.1	8e-53 (105/105)						**No se han detectado dominios putativos conservados**
124	68431	68634	347	MLTHVKFKRLKINAGFTESLNGH LCVKISEKEYHDSSIKEVNPPIVR ADPNMKVWVDSYQVKKWWQL	67	Proteína hipotética RB32ORF062c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803004.1	2e-32 (67/67)						**No se han detectado dominios putativos conservados**
125	68638	68811	348	MNTQTSEIDYNKIRSSKEEMMRR FKESHDKAKAEGTIKYKRIKFKSS NEPLYGVLCG	57	Proteína A-gt.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 19.1	2e-24 (55/57)						**No se han detectado dominios putativos conservados**
126	68878	70080	349	MKVCIFMARGLEGCGVTKFSLE QRDWFIKNGHEVTLVYAKDKSFT RNCAHDYKSFSIPVLLAKEYDKT LKLVNDCDILIINSVPATSVEEDTI NNYKKIIDNIKPSVRVVVYQHDHS SLSLRRNLGLEETIRRADVIFSHS DNGDFNKVLMKEWYPETVSLFD DIEEAPTVYNFQPPMDIAKVRST YWKDVSEINMNINRWIGRTTTW KGFYQMFDFHEKHLKPAGLSTIM EGLERSPAFIPIKEKGIPYEYYRL HQVDQIKIAPNLPTQILDRYVNSE MLERMSKSGFGYQLSKLDKKYL QRSLEYTHLELGACGTIPVFWKS TGENLKFRVDNTPLTSHDSGIIW FDENDMESTFERIKELSSDRTLY DRERFKAYEFLYQHQDSSFCFK EQFDIITK	400	Alfa-glucosil transferasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 18.1	0,0 (399/400)	alfa-glucosil transferasa					**No se han detectado dominios putativos conservados**
127	70257	71276	350	MKILNLGDWHLGVKADDEWVQS IQLDGIKQAIEYSKKNGITTWIQY GDIFDVRKAITHKTMEFAREIVQ MLDDAGITLHTIVGNHDMHFKNT LTPNASTELLAKYPNVKVYDKPT TVDFDGCLIDLIPWMCEENTGEIL EHIKTSSASFCVGHWELNGFYFY KGMKSHGLEPDFLKTYKEVWSG HFHTISEAANVRYIGTPWTLTAG DENDPRGFWIMFDTETERMEFIP NNTTWHRRIHYPFKGKIDYKDFT NLSVRVIVTEVDKNLTKFESELEK VVHSLRVVSKIDNSVESDDSEEV EVQSLQTLMEEYINAIPDITDSDR EALIQYANQLYVEATQ	339	Subunidad Gp47 de endonucleasa de recombinación [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 16.1	0,0 (337/339)	Subunidad de endonu-cleasa de recombina-ción	SbcD Exonu-cleasa	TIGR0061 9	5e-05		

Fig. 6X

128	71273	71536	351	MTFDEFKNVMMSQHFECEVKDD IGHKEIIEYWFEPLEVEDNCIKKV TVCTDWAVSFNFNILDNDTPKSL RDMAVSCIKDAYCEVFDI	87	Proteína hipotética RB32ORF057c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802999.1	1e-43 (87/87)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
129	71517	71723	352	VKFSTFDINDEFIANIDYTEEDSR YVGIIYITSKTAQGVVCMAEFDEY FLDYDDMIEWSKRYIKRNLL	68	Proteína hipotética RB32ORF056c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802998.1	9e-32 (68/68)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
130	71762	73402	353	MSVGGNPIDIQLDKVQKTLITGR NGGGKSTMLEAITFGLFGKPFRD VKKGQLINSTNKKELLVELWMEY DEKKYYIKRGQKPNVFEITVNGT RLNESASSKDFQAEFEQLIGMSY ASFKQIVVLGTAGYTPFMGLSTP ARRKLVEDLLEVGTLAEMDKLNK ALIRELNSQNQVLDVKKDSIIQQI KIYNDNVERQKKLTGDNLTRLQN MYDDLAKEARTLKSEIEEAANERL VNIVLDEDPTDAFNKIGQEAVLIK SKIDSYNKVINMYHEGGLCPTCL SQLSSGDKVVSKIKDKVSECTHS FEQLSTHRDNLKVLVDEYRDNIK TQQSLANDIRNKKQSLITTVDKA KKVKAAIEKASSEFIDHADEIALL QEELDKIVKTKTNLVMEKYHRGIL TDMLKDSGIKGAIIKKYIPLFNKQI NHYLKIMEADYVFTLDEEFNETIK SRGREDFSYASFSQGEKARIDIA LLFTWRDIAEKVSGVKINTLILDE VFDSATDVEGVKAISTILDSLKNT NVFVISHRDHDPQAYGQHLQMK KVGRFTVMV	546	Subunidad Gp46 de endonucleasa de recombinación [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 90.1	0,0 (545/546)	Subunidad de endonu-cleasa de recombina-ción	ABC_sbcCD, SbcCD y otros comple-jos Mre11/ Ra d50 (MR) están implica-dos en el metabo-lismo de finales de ADN	cd03279	6e-08
131	73458	73646	354	MEYSTGQHLLTIPEIKRYILRNNF SNEEHIVTESMLRNAFKAEYTKI MSNRNEAWTVTDYYD	62	Proteína Gp45.2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049668.1	4e-29 (62/62)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
132	73656	74045	355	MTKITVNYTVDVKDIQPKHVRSE SNPQNQNKIRRAWVLSLSDNAMI EVIQNKIKSAPARHAYYEAIDREV SNKWIELMRKHTTESLNAGAKFI MTSCGERLEDEYCGNADERLIV AAQIVAETIAADFNR	129	ARN polimerasa de unión [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 88.1	5e-71 (129/129)	ARN polimerasa de unión	Fago de ARN polimera-sa de unión, RpbA	pfam1078 9	5e-35
133	47101	74787	356	MKLSKDTTALLKNFATINSGIMLK SGQFIMTRAVNGTTYAEANISDVI DFDVAIYDLNGFLGILSLVNDDAE ISQSEDGNIKIADARSTIFWPAAD	228	Pinza deslizante de ADN polimerasa Gp45 [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802993.1	2e-129 (228/228)	Pinza deslizante de ADN polimerasa	Pinza deslizan-te Gp45, termal C	pfam0911 6	5e-46

Fig. 6Y

				PSTVVAPNKPIPFPVASVVTEIKA EDLQQLLRVSRGLQIDTIAITVKE GKIVINGFNKVEDSALTRVKYSLT LGDYDGENTFNFIINMANMKMQ PGNYKLLLWAKGKQGAAKFEGE HANYVVALEADSTHDF									
134	74839	75798	357	MITVNEKEHILEQKYRPSTIDECIL PAFDKETFKSITSKGKIPHIILHSP SPGTGKTTVAKALCHDVNADMM FVNGSDCKIDFVRGPLTNFASAA SFDGRQKVIVIDEFDRSGLAESQ RHLRSFMEAYSSNCSIIITANNID GIIKPLQSRCRVITFGQPTDEDKI EMMKQMIRRLTEICKHEGIAIAD MKVVAALVKKNFPDFRKTIGELD SYSSKGVLDAGILSLVTNDRGAI DDVLESLKNKDVKQLRALAPKYA ADYSWFVGKLAEEIYSRVTPQSII RMYEIVGENNQYHGIAANTELHL AYLFIQLACEMQWK	319	Subunidad Gp44 cargador de pinza, proteína accesoria de ADN polimerasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049665.1	0.0 (319/319)	Subunidad cargador de pinza, proteína accesoria de ADN polimerasa	La superfamilia de AAA+ (ATPasas asociadas con una amplia variedad de actividades celulares)	cd00009	5e-06
											Rfc, subunidad pequeña del factor C de replicación	PRK00440	1e-24
135	75800	76363	358	MSLFEDDIQLNEHQVAWYSKDW TAVQSAADSFKEKAENEFFEIIGA INNKTKCSIAQKDYSKFMVENAL SQFPECMPAVYAMNLIGSGLSD EAHFNYLMAAVPRGKRYGKWAK LVEDSTEVLIIKLLAKRYQVNTND AINYKSILTKNGKLPLVLKELKGL VTDDFLKEVTKNVKEQKQLKKLA LEW	187	Subunidad cargador de pinza Gp62 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 07.1	2e-105 (187/187)	Subunidad cargador de pinza	No se han detectado dominios putativos conservados			
136	76365	76733	359	MIEITLKKPEDFLKVKETLTRMGI ANNKDKVLYQSCHILQKKGLYYI VHFKEMLRMDGRQVEMTEEDE VRRDSIAWLLEDWGLIEIVPGQR TFMKDLTNNFRVISFKQKHEWKL VPKYTIGN	122	Proteína RegA represora de la traducción [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049663.1	5e-66 (122/122)	Proteína RegA represora de la traducción	Translat_reg. regulador de la traducción de bacteriófago	pfam01818	6e-46	
137	76735	76956	360	MTAITPQEYMASLKEKYNLSATE TLFDLPENLQLKFQVEFQKLVHP EQKHFTAVVKSINADGMIIFTRQI VLI	73	Proteína hipotética RB32ORF047c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 83.1	5e-34 (71/73)		No se han detectado dominios putativos conservados				

Fig. 6Z

138	77035	79731	361	MKEFYISIETVGNNIVERYIDENG KERTREVEYLPTMFRHCKEESK YKDIYGKNCAPQKFPSMKDARD WMKRMEDIGLEALGMNDFKLAYI SDTYGSEIVYDRKFVRVANCDIE VTGDKFPDPMKAEYEIDAITHYD SIDDRFYVFDLLNSMYGSVSKW DAKLAAKLDCEGGDEVPQEILDR VIYMPFDNERDMLMEYINLWEQ KRPAIFTGWNIEGFDVPYIMNRV KMVLGERSMKRFSPIGRVKSKLI QNMYGSKEIYSIDGVSILDYLDLY KKFAFTNLPSFSLESVAQHETKK GKLPYDGPINKLRETNHQRYISY NIIDVESVQAIDKIRGFIDLVLSMS YYAKMPFSGVMSPIKTWDAIIFN SLKGEHKVIPQQGSHVKQSFPG AFVFEPKPIARRYIIMSFDLTSLYP SIIRQVNISPETIRGQFKVHPIHEY IAGTAPKPSEEYSCSPNGWMYD KHQEGIIPKEIAKVFFQRKDWKK KMFAEEMNAEAIKKIIMKGAGSC STKPEVERYVKFSDDFLNELSNY TESVLNSLIEECEKAATLANTNQL NRKILINSLYGALGNIHFRYYDLR NATAITIFGQVGIQWIARKINEYLN KVCGTNGEDFIAAGDTDSVYVC VDKVIEKVGLDRFKEQNDLVEFM NQFGKKKMEPMIDVAYRELCDY MNNREHLMHMDREAISCPPLGS KGVGGFWKAKKRYALNVYDME DKRFAEPHLKIMGMETQQSSTP KAVQEALEESIRRILQEGEESVQ EYYKNFEKEYRQLDYKVIAEVKT ANDIAKYDDKGWPGFKCPFHIR GVLTYRRAVSGLGVAPILDGNKV MVLPLREGNPFGDKCIAWPSGT ELPKEIRSDVLSWIDYSTLFQKSF VKPLAGMCESAGMDYEEKASLD FLFG	898	ADN polimerasa Gp43 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 82.1	0.0 (898/898)	ADN polimerasa	Familia B de la ADN polimerasa	pfam0013 6	4e-70
139	79913	80293	362	MKIAILVIALGLTGCYAQGPVVNQ SDVGKIVNCSSKFYNPNVKCYKE APKQTVEQMDANFDEAIRPDES AQAYRNSDVITREEKIENYCAEL WANWANNYQWRTGKNAPMEY VVNSYNSCVKNLTK	126	Proteína Imm.1 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 02.1	3e-68 (126/126)		No se han detectado dominios putativos conservados		
140	80301	80552	363	METLVAGSIFMVLVSGVLAIIIYML	83	Inmunidad a la	YP_802986.1	1e-38	Inmunidad a la	No se han detectado dominios		

Fig. 6AA

				PWFIALMRGSKSTVGIFFTSLLFN WSIIGWFITFIWSIAGETKKSAQP NQVIIIREKE		superinfección de proteína de membrana [Fago RB32 de Enterobacteria]		(83/83)	superinfección de proteína de membrana	putativos conservados		
141	80706	81446	364	MISDSMTVEEIRLHLGLALKEKDF VVDKTGVKTIEIIGASFVADEPFIF GALNDEYIQRELEWYKSKSLFVK DIPGETPKIWQQVASSKGEINSN YGWAIWSEDNYAQYDMCLAELG QNPDSRRGIMIYTRPSMQFDYN KDGMSDFMCTNTVQYLIRDKKV NAVVSMRSNDCWAGYRNDYAW QKYVLDKLVSDLNAGDPSRQYK AGSIIWNVGSLHVYENQFYLVDH WWNTGETHIAKKDYTGKWK	246	dCMP hidroximetilasa Gp42 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 99.1	2e-136 (235/246)	dCMP hidroximetilasa	TS_ primidina_ HMasa. Timidilato sintasa y pirimida hidroxime -tilasa	cd00351	2e-16
142	81437	82078	365	MEVNVPHVYKYKHPKTKKWYIG SHDGHNPNYDGSGVVWQHVKK KYGIKSFNKEILYEGPMFRQVEEI ILTCLDAANCPDSYNLKNEAWG GSFPGKLNGMYGKKLSPEERYK CGNAFRGIKRPDHSKRMKGEGN PMYGKNEQAYGIIINRAKENSGKT YEEIFGVEKAKIIKETMSKNRKGK PHNLIEKICPHCGLKGRGPNMTR YHFDKCKALK	213	Endodesoxirribo-nucleasa [Fago T4 de Enterobacteria]	CAA93271.1	7e-66 (51/147)	Endodesoxirri-bonucleasa	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
143	82075	82917	366	MIQFVIPSYQRVGAVSALDMFPT DYEPHVVREHEEKAYYDAYGSK AKIVTIPDDVNGIAGTRKAITDMY AGQRIWMIDDDTTIRMSSMRKR DDRRCVDKVNQLTREQFYELIQY VEDAMDCGYYHGHARLPIFKITS SWGNYRENSYGFTNTWYDLGK LTTEQIGYGKIDLCEDMYAFLNLI NQGYPHLALFKYLVVSGKAQAP GGCSSIRSNSKHNRALEQINREF PEQARWKTSNIEKRKSLGEEDE PLKVLRMCVSRKEKESEAFHKFN AIHPIAVD	280	Proteína RB32ORF041c hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 77.1	5e-167 (278/280)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
144	82996	84177	367	MSIADLKSRLIKASTSKMTAELTT SKFFNEKDVIRTKIPMLNIAISGAI DGGMQSGLTIFAGPSKHFKSNM SLTMVAAYLNKYPDAVCLFYDSE FGITPAYLRSMGVDPERVIHTPIQ SVEQLKIDMVNQLEAIERGEKVIV FIDSIGNMASKKETEDALNEKSV ADMTRAKSLKSLFRIVTPYFSIKN	393	Proteína recombinasa similar a RecA [Fago RB32de Enterobacteria]	YP_802982.1	0,0 (393/393)	Proteína recombinasa similar a RecA	RecA es una enzima bacteriana que tiene roles en la recombina-ción	cd00983	1e-13

Fig. 6BB

				IPCVAVNHTIETIEMFSKTVMTGG TGVMYSADTVFIIGKRQIKDGSDL QGYQFVLNVEKSRTVKEKSKFFI DVKFDGGIDPYSGLLLDMALELGF VVKPKNGWYAREFLDEETGEMI REEKSWRAKDTNCTTFWGPLFK HQPFRDAIKRAYQLGAIDSNEIVE AEVDELINSKVEKFKSPESKSKS AADLETDLEQLSDMEEFNE	112	Chaperona Gp40 de ensamble del vértice de cabeza [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049655.1	7e-45 (104/107)		Chaperona de ensamble del vértice de cabeza	homóloga , repara-ción de ADN, y la inducción de la respuesta SOS.	**No se han detectado dominios putativos conservados**	
145	84170	84508	368	MSKDDLDLEIIDESPSSEGEEER KERLFNESLKIIKSAMENVIQEIVI KLEDGSTHIVYVTKLDWVDGKVV MDFAVLDQERKAELAPHVEKCIT MQLQDAFNKRSKKKFKFF										
146	84518	85945	369	VVEIILSHLIFDQAYFSKVWPYMD SEYFESGPAKNTFKLIKSHVNEY HSVPSINALNVALENSSFTETEY SGVKTLISKLADSPEDHSWLVKE TEKYVQQRAMFNATSKIIEIQTNA ELPPEKRNKKMPDVGAIPDIMRQ ALSISFDSYVGHDWMDDYEARW LSYMNKARKVPFKLKILNKITKGG AETGTLNVLMAGVNVGKSLGLC SLAADYLQLGHNVLYISMEMAEE VCAKRIDANMLDVSLDDIDDGHI SYAEYKGKMEKWREKSTLGRLI VKQYPTGGADANTFRSLLNELKL KKNFVPTIIIVDYLGICKSCRIRVY SENSYTTVKAIAEELRALAVETET VLWTAAQVGKQAWDSSDVNMS DIAESAGLPATADFMLAVIETEEL AAAEQQLIKQIKSRYGDKNKWNK FLMGVQKGNQKWVEIEQDSTPT EVNEVAGSQQIQAEQNRYQRNE STRAQLDALANELKF	475	Subunidad Gp41 de ADN primasa-helicasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049654.1	0.0 (473/475)		Subunidad de ADN primasa-helicasa	DnaB, ADN helicasa replicativa, [replicación, recombina-ción y reparación de ADN]	COG0305	6e-13
147	86004	86186	370	MELVKVVFMGWFKNESMFTKEI TMMKDDVQWATTQYAEVNKALV KAFIDDKKVCEVDCRG	60	Discriminador Dmd de la degradación de ARNm [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049653.1	7e-27 (60/60)		Discriminador de la degradación de ARNm	**No se han detectado dominios putativos conservados**			
148	86188	86430	371	MHIVLFKPTPYNVRKNTQIFKALIA DTWELVLDIPAEESPPFGRVEFIK FAVRPTKRQIRQCKRYFRKIVKL EKQLLMLVK	80	Proteína Gp61.4hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	YP_0028543 72.1	4e-36 (74/76)			**No se han detectado dominios putativos conservados**			
149	86494	86748	372	MMLVNREYQFKSEEDLEKFASG CELNRRTAKVIGLKPFTVLDCEV	84	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**			

Fig. 6CC

				SKFRRGCSISGHALVDGNTFFFV FSVRELLLINELEEIK									
150	86813	86995	373	MSKVSGYQLLTQEQRSEMDSLQ ERCQHRNNALDSFLLVEYENLC SRLEKEYVHQHEGGEE	60	No se encontró una similitud significativa.							
151	87099	87392	374	MKKFIFAAIFALSSCAAQPAMAG YDKDLCEWSMTADQTEVETQIE ADIMNIVERDRPEMKAEVQKQLK SGGVMQYNYVLYCDKNFNNKNII AEVVGE	97	Proteína Sp periplasmática de destello [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049651.1	2e-49 (94/97)	Proteína periplasmática de destello, regulación de lisis			No se han detectado dominios putativos conservados	
152	87661	87762	375	MLSDEINDLLNDAEKVAIPSIDDQ IFNAFMNRG	33	Proteína hipotética RB32ORF033c [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 90.1	1e-10 (33/33)				No se han detectado dominios putativos conservados	
153	87764	87928	376	MKTFKEFIKEDMVAGDSGGNPE NISTGTTSGAVVNKGPEQIPKKK KEESKEKEE	55	Orf 61.1 [Fago T4 de Enterobacteria]	AAB25712.1	2e-21 (54/54)		Proteína Gp23 de cápside mayor	pfam07068	3e-04	
154	87931	88959	377	MSSIPWIDNEFAYRALAHLPKFT QVNNNSSTFKLRFRCPVCGDSKT DQNKARGWYYGDNNEGNIHCY NCNYHAPIGIYLKEFEPDLYREYI FEIRKEKGKSRPVEKPKELPKQP EKKIIKSLPSCIRLDKLAEDHPIIKY VKARCIPKDKWKYLWFTTEWPK LVNSIAPGTYKKEIPEPRLVIPIYN ANGKAESFQGRALKKDAPQIKYIT IKAYPEATKIYGVERVKDGDVVV LEGPIDSLFIENGIAITGGQLDLEI VPFKDRRVWVLDNEPRHPDTIK RMTKLVDAGERVMFWDKSPWK SKDVNDMIRKEGATPEQIMEYM KNNIAQGLMAKMRLSKYAKI	342	Primasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802973.1	0,0 (340/342)	Primasa	Toprima_N, núcleo catalítico de ADN primasa, dominio N terminal	pfam08275	4e-05	
155	89156	88956	378	MVQKLMALVNAIKGNKKRIAFTIS AMIGILLWNFVLSPVAIAHGVSIP VITLDTFVDLAFALVGLI	66	Proteína hipotética RB32ORF030w [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 87.1	3e-27 (61/66)			No se han detectado dominios putativos conservados		
156	89228	89746	379	MAYFNECAHLIEGVDKANRAYAE NIMHNIDPLQVMLDMQRHLQIRL ANDKPETNRHPDSLETAGEVLA WLRNQDDYIADETRELYTSLGG MSNGEKEASAVWKPWKKRYSE MQSKKIQDLSPEDQLEIKFELIDQ FHFFMNKFIALGMSAEEIFKLYYL KNAENFARQDRGY	172	dCTPasa [Bacteriófago LZ5]	AF374621_1	6e-98 (171/172)	dCTP pirofosfatasa	dUTPasa_2	pfam08761	2e-18	

Fig. 6DD

157	89746	89946	380	MARLNKRQLKKAHKKRIDQLFKN YDKELVCELLSNQLRAVDWVVE EGPDEIFVSEEALKLIIEHSK	66	Proteína hipotética RB14ORF29 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 65.1	1e-26 (61/66)			No se han detectado dominios putativos conservados
158	89943	90116	381	MKISKEEFIRRQKALINLHEWYAY QLKVDSSNINAVMALYKQIQDEH EFLAQVFIED	57	**No se encontró una similitud significativa.**					
159	90156	90392	382	MGGFVNIKTFTHPAGEGKEVKG MEVSVPFEIYSNEHRIADSHYQIF PSEKAAYSTVVSDAADWKTKNA AMFTPTQIGG	78	Cápside externa pequeña [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 64.1	6e-38(76/78)	Cápside externa pequeña		No se han detectado dominios putativos conservados
160	90491	90697	383	MLNRWIKPNEDLDIIISRHVMKKY ELQPWSTEVVVHSFMIMYADGSV EFNAEIRYDYGEKQVEFKRGFL	68	Proteína Mrh.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 63.1	4e-33 (68/68)			No se han detectado dominios putativos conservados
161	90697	91038	384	MFIFNWFKSFFTDFFSTTPGEGV VPISNDYLPLTVVEYVYMGDGTV EAVTMTYEEAQEYYKNPWRWS TPITSSNTQNTQSSSDSYDTNVP VHVWTGDSCGSSCDSSCSSTS CD	113	Proteína RB32ORF026c hipotética [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802968.1	1e-58 (112/113)			No se han detectado dominios putativos conservados
162	91047	91532	385	MEAILFEMYISSNSMSFAKDVPIT VAVMIDKGYCDPMYLVENFVSM PVPEDAEIKLKKIGIIETVPNIPFR AIEAFTKSEYINVSAEQYNDKPIS FYSYDSVYSWKIDKGNKFIIVSED ALSYFISSIWNSLHPNLLKIHEFD DAPTVVLGKTNESSEENV	161	Mrh [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802967.1	2e-86 (157/161)	Fosforilación afecta el huésped sigma32		No se han detectado dominios putativos conservados
163	91507	91710	386	MKVLKKMFEWFSRPNSMYIDDG WVEQANKEMQNESEEWMKSMI SVEKEKKLERSALKLMRDIYGDK S	67	Señuelo postulado del huésped sigma 32 [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802965.1	2e-29 (65/67)	Señuelo postulado del huésped sigma 32		No se han detectado dominios putativos conservados
164	91707	91871	387	VNRDMTLEEAKAKANEALDLLLK IGSKMMEENEKYIQENKIPDGPL VGKRKSHD	54	Proteína ModA.4 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049639.1	1e-21 (51/54)			No se han detectado dominios putativos conservados
165	91864	92346	388	MIEVAKHYSIEFMSKEGKSVNTL DKKCSLIIPLAENPDILIKDIKERKY PENVILIIKHTEDILQNTDSPFSSS EALTIKGYKRAHEYGLFDLFEDD KVKLALNLAGQSSKSKTFIIEDIK DINAFVKMVWAHFDVGLRWRMS EEERKIIEANRYFGFYR	160	Proteína ModA.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 79.1	7e-86 (156/160)			No se han detectado dominios putativos conservados
166	92355	92537	389	MDLFEMLEDNHSTNIQNDSSDY	60	Proteína	YP_0028539	2e-27			No se han detectado dominios

Fig. 6EE

| | | |

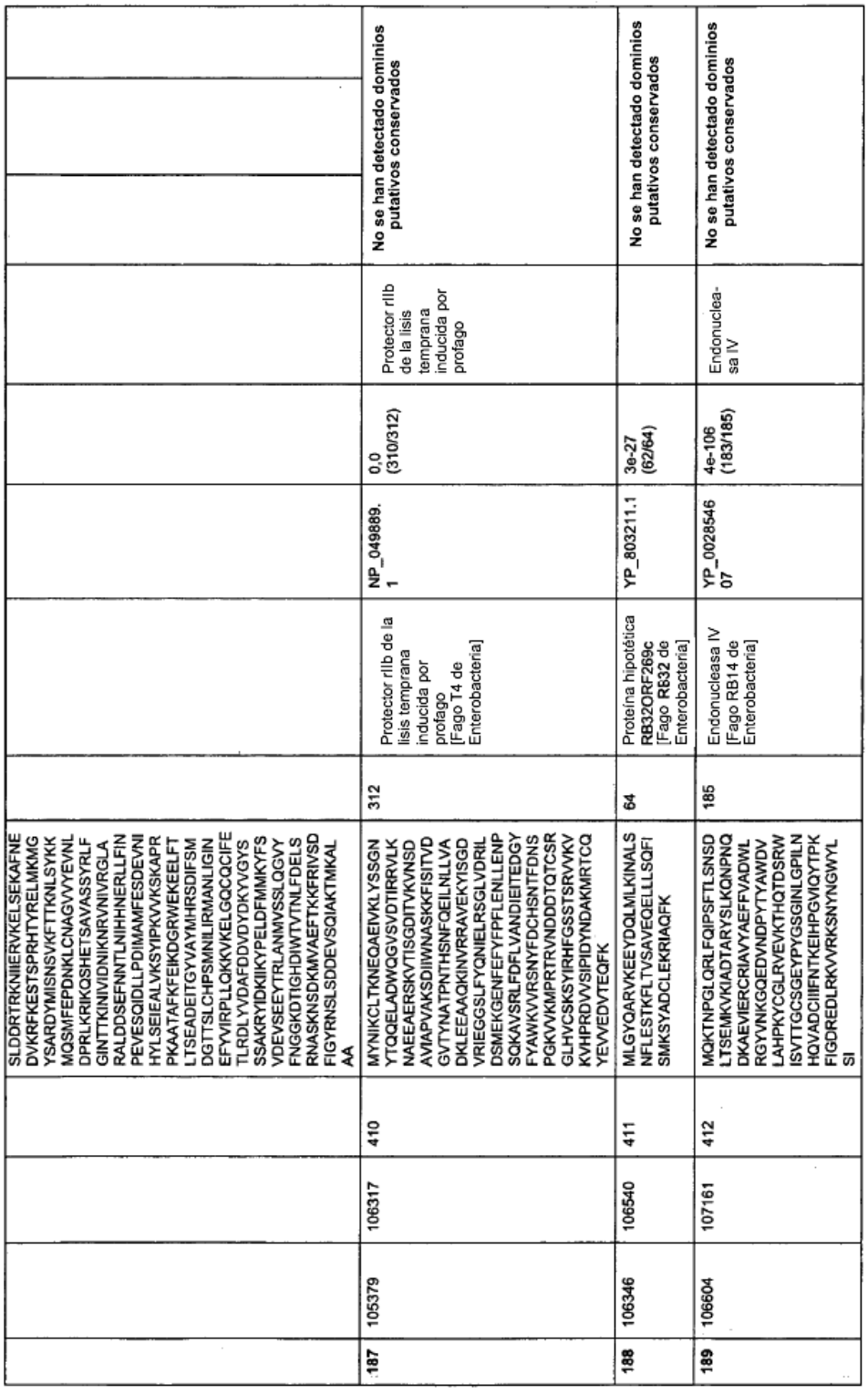
				ALRDFMVNYFSIVKSLDDLFENR VMAFTNKSVDKLNSIIRKKIFETD KDFIVGEIIVMQEPLIKTYKIDGKP VSEIIFNNGQLVRIIEAEYTSTFVK ARGVPGEYLIRHWDLTVETYGD DEYYREKIKIISSDEELYKFNLFLG KTAETYKNWNKGGKAPWSDFW DAKSQFSKVKALPASTFHKAQG MSVDRAFIYTPCIHYADAELAQQ LLYVGVTRGRYDVFYV	86	Proteína hipotética RB51ORF017 [Fago FB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 72.1	7e-42 (86/86)				No se han detectado dominios putativos conservados	
172	96325	96585	395	MININSKYLNRLIDGIRKHTNKQD NLDVMVTGAELLHKLYLISDTILAI KRIEKQSYHSNTDTVITLDESVCK LLIKFEEAIRGNN										
173	96572	96817	396	VEITKDQFYLLQDKVSEIYEIAYS KNRETVKIESSKLMLQLEEIERDL IALEFFCGEVKTVTISDYVLGEISY LYKAIINID	81	Proteína DexA.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 50.1	2e-36 (77/81)				No se han detectado dominios putativos conservados		
174	96810	97052	397	MIELSWCQFKSLMTNVKAVIEKN SGPENITIREKALKIIYSLEEMQKD IESMAKFIDEPINKVYIQDYTVGQI RDLARKI	80	Proteína hipotética RB32ORF013c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802955.1	5e-39 (80/80)				No se han detectado dominios putativos conservados		
175	97052	97735	398	MFDFIIDFETMGSGEKAAVIDLAV IAFDPNPEVVETFDELVSRGIKIK FDLKSQKGHRLFTKSTIEWWKN QSPEARKNIAPSDEDVSTIDGIAK FNDYINAHNIDPWKSQGWCRGM SFDFPILVDLIRDIQRLNGVSENE LDTFKLEPCKFWNQRDIRTRIEA LLLVRDMTTCPLPKGTLDGFVAH DSIHDCAKDILMMKYALRYAMGL EDAPSEEDCDPLSLPTKR	227	DexA.2 endonucleasa A [Fago T4de Enterobacteria]	NP_049629.1	1e-130 (226/227)	DexA endonucleasa A	DEDDh endonucleasas, parte de la superfamilia de exonucleasas similar a DnaQ (o DEDD)	cd06127	0,001
176	97799	98299	399	MKIYRVESSFSILDYEDAITIRRNL CVQITPYRSIIDSWSEEWLLHVG YDRPNFMHHSDNNKRIPLPHED KLLVKNANIVINTKFKKDYVGVEY HIPGWFIALYHFAFASEYDMMR WFTREEREELASKGFYLAVYEV PDDQVIVGGHQVMFRKSHAELV DFIEMR	166	Proteína RB32ORF011c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802953.1	4e-93 (163/166)				No se han detectado dominios putativos conservados		
177	98302	98847	400	MKFNYNPEYTPNPAAKLIDFDVV STYVCPVKPLEIKEPTMTTAIEIG KTYKLVEPKIKTNALISGHKTLTD VFGEGEFIVEEFAKSEWFDKSYV IHGRRLDNNKIKKNLVYEDEFILF	181	Proteína MotB.1 hipotética [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_0029223 58.1	8e-94 (168/182)				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 6GG

178	98924	99412	401	QEVEEQDPTDLLCAAVSIRRPFD NPICGWVTDQWIEDGVELLNVV HAGDFSVVPRSAVVAILN	162	Modificador MotB de transcripción [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049626.1	2e-84 (154/162)	Modificador MotB de transcripción				No se han detectado dominios putativos conservados
179	99587	99802	402	MIINIGEIARVSDKSRSKAAGKLV EVVSIQLKHGVKDEDSEVKVRIIA KDGMSKPQFGYVRWKFLEPAFL KAVPAKGIETIDTSHVGVDFKWIK LGQAIKFIAPCEFKFIKDDGKAVY TRAMCGYITDQWVEDGVKLYNV VFLGTYKVIPESWIKHYSNALYA	71	Modificador de los supresores de ARN; T4 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 44.1	5e-34 (71/71)	Modificador de los supresores de ARN; T4				No se han detectado dominios putativos conservados
180	99802	100215	403	MKRKIVQNCTNDEFEDVLFDPDL VVVQKEHTIKFTHLTSVYVYEKV GDKQPIYGVFREITEDGTTYWKE IY	137	Moderador del metabolismo de ARN [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802949.1	7e-61 (112/137)	Moderador del metabolismo de ARN				No se han detectado dominios putativos conservados
181	100218	100394	404	MAIKFEVNKWYQFKNKQAQENFI KDHTDNGIYARRLGMHPFKILDV DALGRPIKIMSFAGNLVLSSGKDI LDEDFIWLSSNEAEFFNEVENPY QAAEEQEESAPITDQSKFPVMKV TIENDEQAWSLYQMLKAHFKE	58	Proteína hipotética RB32OR0F006c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802948.1	2e-26 (58/58)					No se han detectado dominios putativos conservados
182	100397	100768	405	MPLYDYKCQSKDCAKEYEKIKKI SERDTDVCPDCHRIAIRLVSAPK HVNGGFYDLLKG	123	Proteína hipotética RB32OR0F005c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802947.1	2e-58 (114/123)					No se han detectado dominios putativos conservados
183	100774	101034	406	MFKIGKKYRIREGEEKKYLFSAIY RNGSINAVISTSEFIVEDMKGNN VTMISTASGNDGKILHSFQSNVLI YDEEFDFFEEVPEGFAFECTTM KSGDPLSFTVKDEGSRLRIISLLQ AIKFK	86	Proteína Gp39.1 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 40.1	2e-43 (85/86)					No se han detectado dominios putativos conservados
184	101104	102921	407	MKYINRSIAALVLAVSLVGCTDAD NATKVLSSSGFTNIEITGYNWFG CSENDFQHTGFRAIGPTGQKVE GTVCSGLFFKDSTIRFK	605	Subunidad Gp60plus39 de ADN topoisomerasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 58.1	0,0 (603/605)	Subunidad de ADN topoisomera-sa	GyrB, topoiso-merasa tipo IIA (ADN girasa/topo II, topoisome-rasa IV), subunidad B	COG0187	8e-81	
				MIKNEIKILSDIEHIKKRSGMYIGS SANEMHERFLFGKWESVQYVPG LVKLIDEIIDNSVDEGIRTKFKFAN KINVTIKNNQVTVEDNGRGIPQA MVKTPTGEEIPGPVAAWTIPKAG GNFGDDKERVTGGMNGVGSSL TNIFSVMFVGETGDGQNNIVVRC SNGMENKSWETIPGKWKGTRVT FIPDFMSFETNELSQVYLDITLDR LQTLAVVYPDIQFTFNGKKVQGN									

Fig. 6HH

			FKKYARQYDEHAIVQEQENCSIA VGRSPDGFRQLTYVNNIHTKNG GHHIDCVMDDICEDLIPQIKRKFK IDVTKARVKECLTIVMFVRDMKN MRFDSQTKERLTSPFGEIRSHIQ LDAKKISRAILNNEAILMPIIEAALA RKLAAEKAAETKAAKKASKAKVH KHIKANLCGKDADTTLFLTEGDS AIGYLIDVRNKELHGGYPLRGKV LNSWGMSYADMLKNKELFDICAI TGLVLGEKAENLNYHNIAIMTDA DHDGLGSIYPSLLGFFSNWPELF EQGRIRFVKTPVIIAQVGKKQEW FYTVAEYESAKDALPKHSIRYIKG LGSLEKSEYREMIQNPVYDVVKL PENWKELFEMLMGDNADLRKE WMSQ																	
185	102976	103179	408	MKSYKVNLELFDKAVHREYRIIQ R*FDMGEAEEFKNRFKDIRDKIQ SDTATKDELLEVAEVIKRNMN	67	Proteína hipotética RB32ORF002c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_802944.1	1e-30 (67/67)											
186	103190	105367	409	MITTEKETILGNGSKSKAFSITAS PKVFKILSSDLYTNKIRAVVRELIT NMIDAHALNGNPEKFIIQVPGRL D*RFVCRDFGPGMSDFDIQGDD NSPGLYNSYFSSSSKAESNDFIGG FGLGSKSPFSYTDTFSITSYHKG EIRGYVAYMDGDGPQIKPTFVKE MGPDDKTGIEIVVPVEEKDFRNF AYEVSYIMRPFKDLAIINGLDREI DYFPDFDDYYGINPERYWPDRG GLYAIYGGIVYPIDGVIKDRNWLS IRNEVNYIKFPMGSLDIAPSREAL	725	Membrana asociada afecta a la membrana ATPasa del huésped [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802943.1	0,0 (717/725)	Membrana asociada afecta a la membrana ATPasa del huésped	HtpG; chaperona molecular, familia HSP90 [modificación postraducción, recambio proteico, chaperonas]	COG0326	6e-05																		



				SLDDRTRKNIIERVKELSEKAFNE DVKRFKESTSPRHTYRELMKMG YSARDYMISNSVKFTTKNLSYKK MQSMFEPDNKLCNAGVVYEVNL DPRLKRIKQSHETSAVASSYRLF GINTTKINIVIDNIKNRVNIVRGLA RALDDSEFNNTLNIHHNERLLFIN PEVESQIDLLPDIMAMFESDEVNI HYLSEIEALVKSYIPKVVKSKAPR PKAATAFKFEIKDGRWEKEELFT LTSEADEITGYVAYMHRSDIFSM DGTTSLCHPSMNILIRMANLIGIN EFYVIRPLLQKKVKELGQCQCIFE TLRDLYVDAFDDVDYDKYVGYS SSAKRYIDKIIKYPELDFMMKYFS VDEVSEEYTRLANMVSSLQGVY FNGGKDTIGHDIWTVTNLFDELS RNASKNSDKMVAEFTKKFRIVSD FIGYRNSLSDDEVSQIAKTMKAL AA	312	Protector rIIb de la lisis temprana inducida por profago [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049889.1	0,0 (310/312)	Protector rIIb de la lisis temprana inducida por profago		No se han detectado dominios putativos conservados
187	105379	106317	410	MYNIKCLTKNEQAEIVKLYSSGN YTQQELADWQGVSVDTIRRVLK NAEEAERSKVTISGDITVKVNSD AVIAPVAKSDIIWNASKKFISITVD GVTYNATPNTHSNFQEILNLLVA DKLEEAAQKINVRRAVEKYISGD VRIEGGSLFYQNIELRSGLVDRIL DSMEKGENFEFYFPFLENLLENP SQKAVSRLFDFLVANDIEITEDGY FYAWKVVRSNYFDCHSNTFDNS PGKVVKMPRTRVNDDDTQTCSR GLHVCSKSYIRHFGSSTSRVVKV KVHPRDVVSIPIDYNDAKMRTCQ YEVVEDVTEQFK	64	Proteína hipotética RB32ORF269c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_803211.1	3e-27 (62/64)			No se han detectado dominios putativos conservados
188	106346	106540	411	MLGYQARVKEEYDQLMLKINALS NFLESTKFLTVSAVEQELLLSQFI SMKSYADCLEKRIAQFK	185	Endonucleasa IV [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028546 07	4e-106 (183/185)	Endonuclea-sa IV		No se han detectado dominios putativos conservados
189	106604	107161	412	MQKTNPGLQRLFQIPSFTLSNSD LTSEMKVKIADTARYSLKQNPNQ DKAEVIERCRIAVYAEFFVADWL RGYVNKGQEDVNDPYTYAWDV LAHPKYCGLRVEVKTHQTDSRW ISVTTGCSGEYPYGSGINLGPILN HQVADCIIIFNTKEIHPGVIQYTPK FIGDREDLRKVVRKSNYNGWYL SI							

Fig. 6JJ

190	107235	107498	413	MKFKFYYAKHKITGEFIAFTTSTT DEGDIFTAVFLSKWESDQPYLSS REDLQRLVNGEYNDSWSYLVHD CVKKAIKQKHLEIVEIEL	87	Proteína hipotética RB51ORF272 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028542 25.1	9e-22 (49/87)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
191	107578	107676	414	MKILNSVLIACAWWVAQVSAVVV GIHIYYEYF	32	Proteína Ndd.5 de membrana externa predicha hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049885. 1	2e-09 (32/32)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
192	107742	107855	415	MKKIVKAIWNVVIILIVLSIFPIVLMI DVLNAYFGFM	37	Proteína Ndd.4 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028546 03.1	1e-10 (37/37)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
193	107863	108060	416	MKRKRSAFTFIEWFFDNIFPALFI FMLIFALGSVVVGIYLMTVVGIDIH QNGLKSVVETIWNGVK	65	Proteína Ndd.2a hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028542 22.1	3e-29 (65/65)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
194	108057	108167	417	MMNLLSGWFYILMFYIGANFPY WMGWSTTAFGFYTP	36	Proteína hipotética RB32ORF262c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803204.1	6e-12 (36/36)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
195	108176	108391	418	MKIFKDVKVGEIFCLDNGDQLIRI SPLKSTSEKPTVNATLANNSNER FCIENDTETYTVEEFWELSVDCD D	71	Proteína Ndd.1 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028546 00.1	4e-33 (70/71)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
196	108452	108910	419	MKYMTVTDLNNAGATVIGTIKNG EWFLGVPHKDILSKPGFYFLVSK LDGRPFSNPCVSARFYVGNQRS KQGFSAVLSHIRQRRSQLARTIA NNNVPYTVFYLPASKMKPLTTGF GKGQLALAFIRNHHSEYQTLEEM NRMLADNFKFVLQAY	152	Interrumpe el nucleoide del huésped [Fago RB32de Enterobacteria]	YP_803202.1	3e-84 (149/152)	Proteína de interrupción de nucleoide	**No se han detectado dominios putativos conservados**
197	108998	109156	420	MNIAKLLGVISFICWIVACVLTICID VSSVFSQALAQGMCAYLTFVLLS TND	52	Proteína de resistencia a acridina [Fago RB14de Enterobacteria]	YP_0028545 97.1	3e-20 (51/52)	Proteína de resistencia a acridina	**No se han detectado dominios putativos conservados**
198	109294	110622	421	MQLNNRDLKSIIDNEALAYAMYT VENRAIPNMIDGFKPVQRFVIAR ALDLARGNKDKFHKLASIAGGVA DLGYHHGENSAQDAGALMANT WNNNFPLLDGQGNFGSRTVQK AAASRYIFARVSKNFYNVYKDTE YAPVHQDKEHIPPAFYLPIIPTVLL NGVSGIATGYATYILPHSVSSVK	442	Subunidad Gp52 de ADN topoisomerasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028542 15.1	0,0 (442/442)	Subunidad de ADN topoisomera-sa	**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 6KK

				KAVLQALQGKKVTKPKVEFPEFR GEVVEIDGQYEIRGTYKFTSRTQ MHITEIPYKYDRETYVSKILDPLE DKGFITWDDACGEHGFGFKVKF RKEYSLSDNEEERHAKIMKDFGL IERRSQNITVIINEKGKLQVYDNVV DLIKDFVEVRKTYVQKRIDNKIKE TESAFRLAFAKAHFIKKVISGEIVV QGKTRKELTEELSKIDMYSSYVD KLVGMNIFHMTSDEAKKLAEEAK AKKEENEYWKTTDVVTEYTKDL EEIK	49	Proteína MotA.1 periplasmática predicha hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049874.1	4e-16 (48/49)			No se han detectado dominios putativos conservados
200	110903	11130	423	MKFKIENEIVKAKNALTANKLVVD GIEYDICGVREEKPGVLTFFTMIF KFKGDTEFKQFDFAHEDEIEVRN LNIK	75	Proteína hipotética EpJS10_0253 [Fago vB10 de Enterobacteria]	YP_0029226 02.1	5e-34 (74/75)			No se han detectado dominios putativos conservados		
201	111236	111871	424	MSKVTYIIKASNDVLNEKTAAILITI AKKDFITAAEVREVHPDLGNAVV NSNIGVLIKKGLVEKSGDGLIITG EAQDIISNAATLYAQENAPELLKK RATRKAREITSDMEEDKDLMLKL LDENGFVLKKVETYRSNYLAILEK RTHGIRNFEINNNGNMRIFGYKM MEHHIQKFTDIGMSCKIAKNGNV YLDIKRSAENIEAVITVASEL	211	Promotor medio activador [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803196.1	7e-117 (210/211)	Promotor medio activador	Factor MotA de transcripción, dominio de activación	pfam0911 4	5e-34
202	111882	112211	425	MNKLEIVNELRRCVEPTQEGWDI WYHGAYLGTIVKIKTGKYMIIRES KDAPVGIRNNFMAAISSFTDAAY EIYLADYKEFQESQPVIRSIGVNK AQQKTLWQRIKGWFK	109	Proteína Arn.4 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 92.1	8e-58 (107/109)			No se han detectado dominios putativos conservados		
203	112208	112669	426	MNPFINRLKMLNVPLSRETPESL VEKFKAHGYKCTEEDILKEVPEIC WQTAYWDENQKYQRRIVCAAN RFKLKDGRTLIIPGARHYSKDMA EVLDVVKPQLVTQQVCDDDQGF IDQYSNYWTREEAMIIATYAGQV RIERGGSEKELYSEDLY	153	Proteína Arn.3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049871.1	4e-84 (151/153)			No se han detectado dominios putativos conservados		
204	112669	112965	427	MNIKKFQIDGITNQIKALEYANKM MSTNWGIYANEPAFKFCDMEFT KKLVGKDHVCPFSSPVNGMLKP ALRDLYIAMNEEMIKELKRQLKVI	98	Proteína Arn.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028542 10.1	8e-50 (95/98)			No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 6LL

				QFGQGN								
205	112949	113167	428	LAREINSKSDYFNSLNDKDKNLIR HFIVEMGYTDTHDLREHIFECGV AKKFSFTCKCLREVIQIHYEQFSR KT	72	Proteína Arn.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861950.1	1e-22 (52/72)				No se han detectado dominios putativos conservados
206	113251	113529	429	MIIDSQSVVQYTIKIDILEKLYKFL PNLYHSIVNELVEELHLGNNDFLI GTYKDLSKAGYFYIIPAPGKSIDD VLKTIMIYVHDYEIEDYFE	92	Inhibidor de la nucleasa MrcBC de restricción [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028542 08.1	8e-44 (90/92)	Inhibidor de la nucleasa MrcBC de restricción			No se han detectado dominios putativos conservados
207	113526	113678	430	MSHNLEKVIEHNVAQERKSFKEF VEKIFEENTTDQFTNQASDDIITK STN	50	Proteína AsiA.1 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049867.1	9e-19 (48/50)				No se han detectado dominios putativos conservados
208	113691	113963	431	MNKNIDTVREIITVASILIKFSREDI VENRANFIAFLNEIGVTHEGRKL NQNSFRKIVSELTQEDKKTLIDEF NEGFEGVYRYLEMYTNK	90	Proteína AsiA anti-sigma 70 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049866.1	5e-44 (90/90)	Proteína AsiA anti-sigma 70	AsiA, factor A anti-sigma	pfam0901 0	3e-30
209	114620	113964	432	MAAPRISFSPSDILFGVLDRLFKD NATGKVLASRVAVVILLFMMAIV WYRGDSFFEYYKQSKYETYSEII EKERNARFESVALEQLQIVHISSE ADFSAVYSFRPKNLNYFVDIIAYE GKLPSTISEKSLGGYPVDKTMDE YTVHLNGRHYYSDSKFAFLPTKK PTPEINYMYSCPYFNLDNIYAGTI TMYWYRNDHISNDRLESICAQAA RILGRAK	218	Holina [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803187.1	7e-125 (216/218)	Holina			No se han detectado dominios putativos conservados
210	115433	114651	433	MAVVGVPGWIGSSAANETGQR WMSQAAGQLRLGVPCWMSQFA GRSREIIHTVGANHNFNGQWFR DRCFEAGGAPIVFNIVGDIVSYSK DVPLFFMYGDTPNEYYQLNIHGV TMYGRGGNGGSNSPGSAGGHC IQNDIGGRLRINNGGAIAGGGGG GGGGYYSPFSQMRLTFGGGGG RPFGAPGGSIDMQSGATGGTIS APGSGSVNGIYNGGNGGGEVGSA GGRCNIRGQGSEYNGGAAGYA VIGSAPTWQNVGAIYGPRV	260	Proteína de fibra de cola [Fago KEP10 de Enterobacteria]	BAF95751.1	2e-107 (254/260)	Proteína de fibra de cola	Adhesina Gp38 de fibra de cola de fago	pfam0526 8	2e-76
211	118418	115470	434	MATLKQIQFKRSKTAGQRPAASV LAEGELAINLKDKTIFTKDDSGSV IELGLKYGGTINGSLEVTENITGT LIGNSSTATKLQTPRKINGISFDG SKDITLTPSDINVNSTTFIKNNGE LPTDANLDTYGPIEEYLGVWSKS	982	Proteína de fibra de cola [Fago KEP10 de Enterobacteria]	BAF95750.1	0,0 (921/982)	Proteína de fibra de cola			No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 6MM

			TSTNAQPANKFPEENAVGVLEVF VAGQFAGTQRYTVRSGNVYIRS LSAKWNGVDGPWGVWRNVQAS TRPLSQTIDLDSLGELEHCGLWR NSSSAIASFDRHYPEEGSAAQGF LEIFEGGLYTRTQRYTTRMGMVY TRCLAAAWDASAPKWEEWKQV GHGTPATFYDGDLNDFKTPGLY NILGTDAVINCPTGEGLPTVIVGL LEVKQRASGGAIFQRFTTAGTGA TTRDRIFERAYTGGAWGAWNEV YTSYSLPITLGMGGIIKAQLAELD WQTFDFVPGSMFSVPLNKIKNM PANMDWGTIDGNLVMFSVGPSE HTGTGRTVQWRGTVSQANYR YFVVRIAGNPGSRTNTCRRVVLE DGSHTWTAQQNFRGLLNITAAV NLGANQKISLAPGAYIQAPASGS GSNTYANQNTTIAPLYGQAIDDSN KNQFAPIVKQKNTVTNITMASGM DIASSEYRIVAQGDLSATGTTATE LATWRFLPSGRFMSQSRVYAGA AFLNTDGNIAGSIWKKYNDATNL DAALNTRLGKGGDTMTGRLTINA PNDSIVLSTTASNSLHIRGDIDGT GNWYIGKGGADNSLAFYSYASQ AAVHITNNGEIALNPQNTAMVNV NRDRVHINGSGWIARQPGDWG NQWRVEAPLFVDHGYVGQDSY YPILKARSVITNQGYSTAVDFGM RRIPSQWGQAIIRVGSTEASPDA GHPQAVFEFHHDGFFYTPGNGS FSDVYIRSDSRLKINKEELEYGAV EKVCRLKVYIYDKVKSIKDRSVIK REVGIIAQDLEKELPEAVSKVEVD GSDVLTISNSAVNALLIKAIQEMS EEIKELKTPLFTKIARKISKYFKF	216	Fibra de cola larga de conector a bisagra [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803184.1	4e-120 (216/216).	Fibra de cola larga de conector a bisagra	Fibra de cola de fago T4	pfam0390 3	4e-83
212	119077	118427	435	MADLKVGSTVGGSVIWHQGNFP LNSAGDDVLYKSFKIYSEYNKPQ AADNDFVSKANGGTYAGPITINY GVNSYLQLSNNETPIRIRSGGGT GNTLVVGGSSGGISFRPAGSEIT TGQITITPEGLTTFTRAVTAPSVT VTSTPSAASDVTRKDYVDGAINT VTANANSRVLRSGDTMTGNLTA PNLFSQNPASQPSHVPRFDQIVI KDSVQDFGYY									

Fig. 6NN

213	120255	119140	436	MEKFMAEFGQGYVQTPFLSESN SVRYKISIAGSCPLSTAGPYVKF QDNPVGNQTFSAGLHLRVFDPS TGALVDSKSYAFSASNNTTSAAF VSFMNSLSNNRLVAILTSGKVNF PPEVVSWLRGAGTSVFPSDSVL SRFDVSYAAFYTSSKRAIALEHV KLSNRKSTDDYQTILDVVFDSLE DVGATGFPKRTYESVEQFMSAV GGTNNEIARLPTSAAISKLSDYNL IPGDVLYLKAQLYADADLLDLGTT NISIRFYDASNGYISSTQAEFTGQ AGSWELKEDYVVVPENAVGFTIY AQRTAQAGQGGMRNLSFSEVS RNGGISKPAEFGVNGIRVNYVCE SASPPDIMVLPTQASSKTGKVFG QEFREV	371	Bisagra de fibra de cola [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803183.1	0,0 (365/371)	Bisagra de fibra de cola	**No se han detectado dominios putativos conservados**
214	124133	120264	437	MAEIKRKFRAEDGLDAGGDKIIN VALADRTVGTDGVNVDYLIQENT VQQYDPTRGYLKDFVIIYNNRFW AATDNIPKPAGNFNRIRWKALRT DAVYTTVSSGPYQLKSGEAISVD TSVGNDIEFTLPPSPLDGETVIIQ DIGGKPGINQVKINSSNQSIVNFR GEQVRSVLMTHPKSQMIFIFNNR LWQMYVADYSREAAIVTPSTAY QAQSNDFIVRRFTSAAPINVKLP RFANHGDIINFVDLDKLNPLYHTI VTTYDETTSVQEVGTHSIEGRTSI DGFLMFDDNEKLWRLFDGDSKA RLRIITTNSNIRPNEEVMVFGANN GTTQTIELQLPTDISVGDTVKISM NYMRKGQTVKIKAAGEDKIASSV QLLQFPKRSEYPPEAEWVTVQE LVFNGETNYVPVLQLAYIEDSDG KYWVVQQNVPTVERVDSLNAST RARLGVIALATQAQANADLENSP QKELAITPETLANRTATETRRGIA RIATTAQVNQNTTFSFADDLIITP KKLNERTATETRRGVAEIATQQE TNTGTDDTTIITPKKLQARQGSE SLSGIVTFVSTAGATPASSRELN GTNVYNKNTNNLVVSPKALDQY KATPTQQGAVILAVESEVIAGQS QEGWANAVVTPETLHKKTSTDG RIGLIEIATQSEVNTGTDYTRAVT PKTLNDRRATESLSGIAEIATQVE FDAGVDDTRISTPLKIKTRFNSTD	1289	Subunidad Gp34 de fibra de cola proximal [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 78.1	0,0 (1280/1289)	Subunidad de fibra de cola proximal	**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 6OO

			RTSVVALSGLVESGTLWDHYTL NILEANETQRGTLRVATQVEAAA GTLDNVLITPKKLLGTKSTESQE GVIKVATQSETVTGTSANTAVSP KNLKWIVQSEPTWAATTLIRGFV KTSSGSLTFVGNDTVGSTQPLES YEKNGYAVSPYELNRVLANYLPL KAKAVDSNLLDGLDSLQFIRRDIA QTVNGSLTLTQQTNLGAPLVSSS TATFGGSVSANSTLTISNTGTAT RLIFEKGPQTGTNPAQTMTVRV WGNQFSGESDTTRSTVFEVSDE TSSHFYSQRNKAGNITFNINGTV TPINVNASGTLNANGVATFGNSV TATGEIISRSANAFRAINGNYGFI VRNDGSVTNFMLTASGDQTGGF NGLRPLAINNASGQVTIGESLIIAK GATINSGGLTVNSRIRSQGTKTS DLYTRAPTSDTVGFWSIDINDSA TYNQFPGYFKMVEKTNEVTGLP YLERGEEVKSPGTLTQFGNTLDS LYQDWITYPTTPEARTTRWTRT WQKTKNSWSSFVQVFDGGNPP QPSDIGAIPSDNGIIGNLTIRDFLR IGNVRIIPDPVNKTVKFEWVE	305	RNasaH [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803181.1	4e-178 (305/305)	Ribonucleasa H	RNasaH_C, RNasa H T4, terminal C	pfam09293	9e-40
215	124238	125155	438											
				MDLEMMLDEDYKEGICFIDFSQI ALSTALVNFPDKEKINLSMVRHLI LNSIKFNVKKAKTLGYTKIVLCIDN AKSGYWRRDFAYYYKKNRGKA REESTWDWEGYFESSHKVIDEL KAYMPYVMDIDKYEADDHIAVLV KKFSLEGHKILIISSDGDFTQLHK YPNVKQWSPMHKKWVKIKSGSA EIDCMTKILKGDKKDNVASVKVR SDFWFTRVEGERTPSMKTSIVEA IANDREQAKVLLTESEYNRYKEN LVLIDFDYIPDNIASNIVNYYNSYK LPPRGKIYSYFVKAGLSKLTNSIN EF	305	RNasaH [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803181.1	4e-178 (305/305)	Ribonucleasa H	RNasaH_C, RNasa H T4, terminal C	pfam09293	9e-40
216	125164	125433	439											
				MAKKEMVEFDEAIHGEDLAKFIK EASDHKLKISGYNELIKDIRIRAKD ELGVDGKMFNRLLALYHKDNRD VFEAETEEVVELYDTVFSK	89	Proteína DsbA de unión de ADNdc, transcripción tardía [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049858.1	5e-43 (89/89)	Proteína de unión de ADNdc	No se han detectado dominios putativos conservados				
217	125411	125749	440											
				MTQFSLNDIRPVDETGLSEKELSI KKEKDEIAKLLDRQENGFIIEKMV EEFGMSYLEATTAFLEENSIPET	112	Proteína Gp33 accesoria a la transcripción del promotor tardío	NP_049857.1	4e-57 (112/112)	Proteína accesoria a la transcripción del	No se han detectado dominios putativos conservados				

Fig. 6PP

218	125746	126399	441	MIKLRMPAGGERYIDGKSVYKLY LMIKQHMNGKYDVIKYNIWCMRV SDAAYQKRRDKYFFQKLSEKYK LKELALIFISNLVANQDAWIGDISD ADALVFYREYIGRLKQIIKFKFEED IRNIYYFSKKVEVSAFKEIFEYNP KVQSSYIFKLLQSNIISFETFILLD SFLNIIDKHDEQTDNLVWNNYSIK LKAYRKILNIDSQKAKNVFIETVK SCKY	217	Cargador Gp59 de la ADN helicasa gp41 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049856.1	**4e-121 (217/217)**	Cargador de la ADN helicasa Orf146	Helicasa T4_C, helicasa 59 del gen t4, terminal C	pfam0899 4	3e-35
											Helicasa T4_C, helicasa 59 del gen t4, terminal N	pfam0899 3	3e-34
219	126500	127408	442	MFKRKSTAELAAQMAKLAGNKG GFSSEDKGEWKLKLDNAGNGQ AVIRFLPSKNDEQAPFALLVNHG FKKNGKWYIETCSSTYGDYDSC PVCQYISKNDLYNTDNKEYSLVK RKTSYWANILVVKDPAAPENEGK VFKYRFGKKIWDKINAMIAVDVE MGETPVDVTCPWEGANFVLKVK QVSGFSNYDESKFLNQSAIPNID DESFQKELFEQMVDLSEMTSKD KFKSFEELSTKFSQVMGTAAMG GAAATAAKKADKVADDLDAFNV DDFKTKTEDDFMSSSSGSSSSA DDTDLDDLLNDL	302	Unión de ADNmc, reparación, recombinación y presíntesis de ADN [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803177.1	**4e-172 (296/302)**	Unión de ADNmc, reparación, recombinación y presíntesis de ADN	Similar a proteína Gp32 de unión de ADN	pfam0880 4	6e-41
220	127553	127783	443	MAKVDIDVDFEYIEEIIRNRYPEL SITSIHDDPNYCNFSIVIEGPLEDL TRFMANEYCDGMDSEDAEFYM GLIEQ	76	Proteína Frd.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 94.1	**1e-36 (76/76)**			Proteína FRD3 de bacterió-fago	pfam0579 8	3e-33
221	127829	128194	444	MYIGKKYELVPRLIDTFINYRPRS NSSIVKIIQENGGWFEVKEAFFV DGFRVIKHIECANGKHFYFNVCE DEFHCFREYKEPTSEEDGAEDIV SGVTKIHCIVDENNVDEIIELLRKT FKK	121	Proteína Frd.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 71.1	**6e-62 (118/121)**		Proteína FRD2 de bacterió-fago	pfam0319 7	2e-36
222	128333	128575	445	MRLQRQSIKDSEVRGKWYFNIIG KDSELVEKAEHLLRDMGWEDEC DGCPLYEDGESAGFWIYHSDVD	80	Proteína Frd.1 hipotética conservada	NP_049851.1	**3e-39 (79/80)**		**No se han detectado dominios putativos conservados**			

Fig. 6QQ

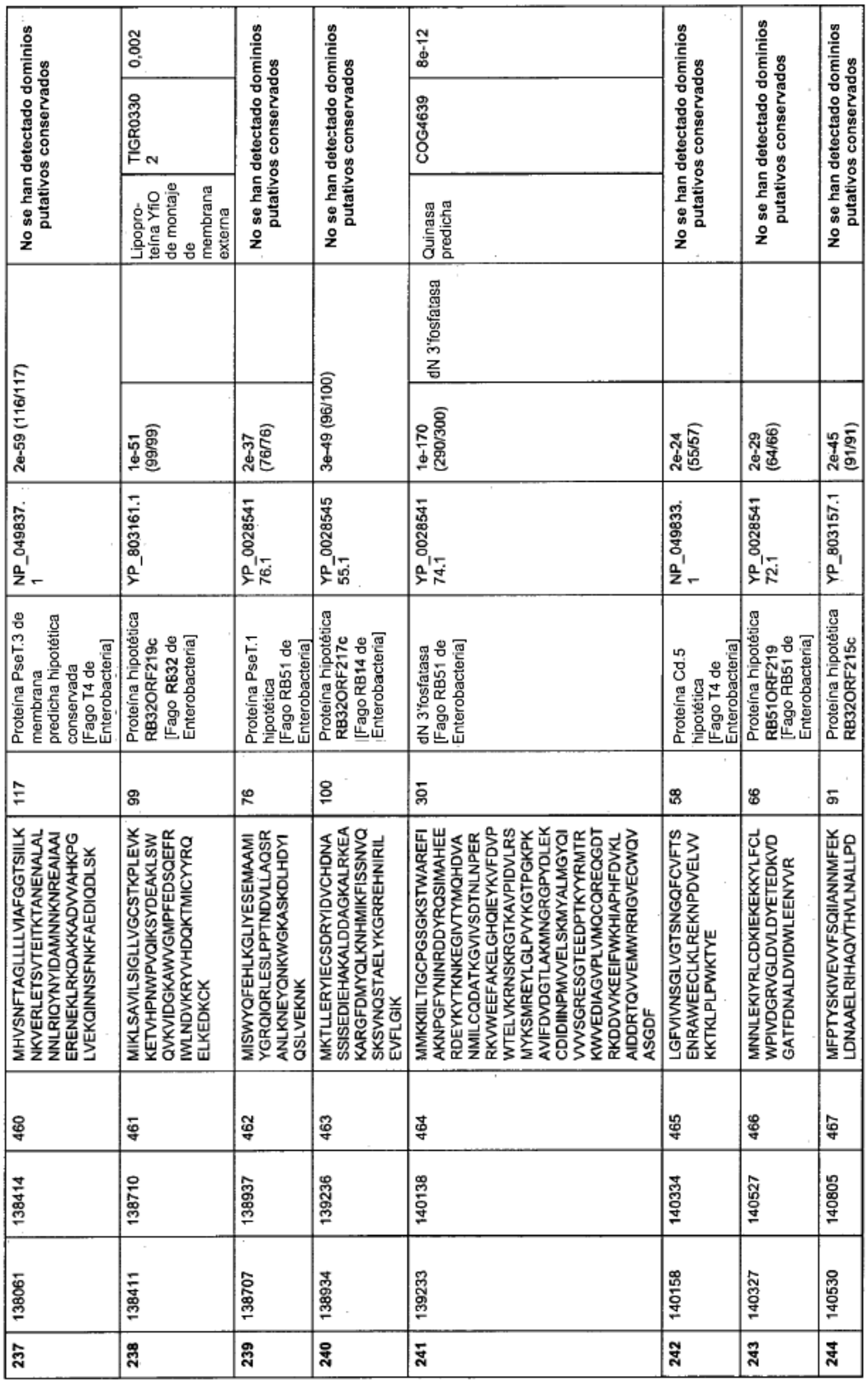
				QFKADWKIVKKSV		[Fago T4 de Enterobacteria]					
223	128586	128918	446	MSGIHVTGIAQVNIRCQFKTVPG VTHITLSHDPYSRGRQLTGVIKFF GGIGGSEFTIGDDEIVGCKLKVQ KGVLELFSDEVFDEISRAVNKGM LTLIKMIKASGYVTDPF	110	Proteína hipotética RB51ORF237 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 90.1	2e-34 (78/116)			No se han detectado dominios putativos conservados
224	128930	129175	447	MIFVFEFMNDEFDYAIFNALHNP DLSEFNEMFSDALSMSEEYCGE CQRVCVTVFENKEKTYEELFFDA NKATEWFVERGFA	81	Proteína hipotética RB32ORF231c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803173.1	7e-39 (79/80)			No se han detectado dominios putativos conservados
225	129175	129756	448	MIKLVFAYSPTKTVEGFNELAFG LGDGLPWGRIKKDLQNFKARTE GTILIMGAKTFQSLSTLLPGRSHI VVCDLARDYPVTKDGDLAHFYIT WEQYITYISGGEIQVSSPNAPFE TMLGQNSKVSVIGGPALLYAALP YADEVVSRIVKRHRVNSTVQLD ASFLDDISKREMVETHWYKIDEV TTLTESVYK	193	Dihidrofolato reductasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 68.1	8e-109 (190/193)	Dihidrofolato reductasa	DHFR_1, dihidrofolato reductasa	pfam0018 6	2e-30
226	129753	129959	449	MSNKLKVKDVPNAMALFICRQM HQGPMTPKQYLKGERSLGFTRK AKQMVKLGYKPNFAKYPSTYSW MN	68	No se encontró una similitud significativa.						
227	129959	130510	450	MKQYQFLIKDILENGYETDDRTG TGTIALFGTKLRWDLTKGFPAVT TKKLAWNACISELLWFLSGSTNV NDLRLIQHNSLIQGKTVWDENYE NQAKDLGYHSGELGPIYGKQWR DFGGVDQIIEVIDRIKKLPNDRRQ IVSAWNPAELKQMALPPCHMFY QFNVRNGYLDLQWYQRSVDVFL G	183	Timidilato sintasa [Fago RB23 de Enterobacteria]	AAP86753.1	2e-101 (177/183)	Timidilato sintasa	Timidilato sintasa, thyA	PRK01827	6e-67
228	130639	131376	451	MKSGIYQIKNTLNNKVYVGSAKD FEKRWKRHFKDLEKGCHSSIKL QRSFNKHGNVFECSILEEIPYEK DLIIERENFWIKELNSKINGYNIAD ATFGDTCSTHPLKEEIIKKRSETV KAKMLKLGPDGRKALYSKPGSK NGRWNPETHKFCKCGVRIQTSA YTCSKCRNRSGENNSFFNHKHS DITKSKISEKMKGKKPSNIKKISC DGVIFDCAADAARHFKISSGLVT YRVKSDKWNWFYINA	245	Endonucleasa buscadora I-Telv [Fago T4de Enterobacteria]	NP_049849. 3	3e-141 (245/245)	Endonuclea-sa buscadora I-TelV	Endonu-cleasa de intrón grupo I, grplin-trón_en-do	TIGR0145 3	5e-39
229	131521	131835	452	MLPFNIASYATLVHIVAKMCNLIP GDLIFSGGNTHIYMNHVEQCKEI	104	Timidilato sintasa	AAP86755.1	7e-55 (103/103)	Timidilato sintasa	Timidilato sintasa	PRK01827	8e-26

Fig. 6RR

				LRREPKELCELVIGGLPYKFRYL STKEQLEYILKLRPKDFVLKDYQ SHGVLKGKMAV		[Bacteriófago RB3]					thyA		
230	131859	132122	453	MILRFKDTSGAVLFTLPNPSELEV PGPNQPIIIYGKKYYTHKMTREYF DNKISTVKTSSDCYYDITVLTEKQ YDELSPRGPSMPGSE	87	NrdA.2 [Fago T2 de Enterobacteria]	AAP78917.1	2e-43 (86/87)			No se han detectado dominios putativos conservados		
231	132076	132402	454	MTNYHRAGRLCQVVNKYKSDFD VNIHRGTFWGNYVGKDAGSREA AIELFKKDFIRRIKSGEITKAHLEP LRGMRLGCTCKPKPCHGDIIAHI VNRLFKDDFQVEDLCN	108	NrdA.1 [Fago T6 de Enterobacteria]	ABI48941.1	5e-57 (106/108)			No se han detectado dominios putativos conservados		
232	132393	134657	455	MQLINVIKSSGVSQSFDPQKIIKV LSWAAEGTSVDPYELYENIKSYL RDGMTTDDIQTIVIKAAANSISVE EPDYQYVAARCLMFALRKHVYG QYEPRSFIDHISYCVNEGKYDPE LLSKYSAEEITFLESKIKHERDME FTYSGAMQLKEKYLVKDKTTGQI YETPQFAFMTIGMALHQDEPVD RLKHVIRFYEAVSTRQISLPTPIM AGCRTPTRQFSSCVVIEAGDSLK SINKASASIVEYISKRAGIGINVGM IRAEGSKIGMGEVRHTGVIPFWK HFQTAVKSCSQGGIRGGAATAY YPIWHLEVENLLVLKNNKGVEEN RIRHMDYGVQLNDLMMERFGKN DYITLFSPHEMGGELYYSYFKDQ DRFRELYEAAEKDPNIRKKRIKA RELFELLMTERSGTARIYVQFIDN TNNYTPFIREKAPIRQSNLCCEIAI PTNDVNSPDAEIGLCTLSAFVLD NFDWQDQDKINELAEVQVRALD NLLDYQGYPVPEAEKAKKRRNL GVGVTNYAAWLASNFASYEDAN DLTHELFERLQYGLIKASIKLAKE KGPCEYYSDTRWSRGELPIDWY NKKIDQIAAPKYVCDWSSLREDL KLFGIRNSTLSALMPCESSSQVS NSTNGIEPPRGPVSVKESKEGSF NQVVPNIEHNIDLYDYTWKLAKK GNKPYLTQVAIMLKWVCQSASA NTYYDPQIFPKGKVPMSIMIDDLL YFWYFGGKNFYYHNTRDGSGT DDYEIETPKAEDCSSCKL	392	Subunidad de ribonucleótido reductasa B	YP_0028545 83.1	0,0 (753/754)	0,0	Subunidad de ribonucleótido reductasa A	Subunidad alfa de ribonucleótido difosfato reductasa	PRK09103	<1,0e-180
233	134709	135887	456	MSTVFNTNPVDVLKEPMFFGSG LGIARYDIQRHKVFEDLTEKQLSF	392	Subunidad de ribonucleótido reductasa B	YP_0028545	0,0	0,0	Subunidad de ribonucleótido reductasa A	Subunidad beta de ribonucleótido difosfato reductasa	PRK09101	4e-141

Fig. 6SS

			FWRPEEVNLMMDAAQFNKLPQY QQNIFTNNLKYQSLLDSIQGRAP SAVLMSLISDPSLDTWVATWTFS ETIHSRSYTHIMRNLYTDPSKVF DEIVLDEAIMKRAESIGRYYDDVL IKTRYWENAKADIEYQKEINADE DVIEDAIEHETYWKRELMKSLYL CLHVINALEAIRFYVSFACTFNFH KNMEIMEGNAKIMKFIARDEQLH LKGTQYIIRQLQLGTDGDEWVKI AQECEQEAVDIFMEVNRQEKDW AVHLFKDGDVPGLNTNSMWSFI DYLTVSRMKQCGLPCPITDAPVK HPYPWIREYLNSDNVQSAPQEV ELSSYLVAQIDNDVDDKVMMSFK KYF	136	Endonucleasa II [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 81.1	7e-73 (135/136)	Endonucleasa II	Nucleasas tipo GIY-YIG (dominio URI)	smart00046 5		1e-05
234	135915	136325	457	MKEIATEYSFIKYTELELDYNGSI KQLSIPNKYNVIYAIAINDELVYIG KTKNLRKRINYYRTAINRKDKTS DSTKSALIHAALKEGSKVEFYAR QCFNLSMTNELGTMTIATIDLEEP LFIKLFNPPWNIQHKKK										
				MQELFNNLMELCKDSQRKFFYS DDVSASGRTYRIFSYNYASYSD WLLPDALECRGIMFEMDGEKPV RIASRPMEKFFNLNENPFTMNID LNDVDYILTKEDGSLVSTYLDGD EILFKSKGSIKSEQALMANGILMN INHHRLRDRLKELAEDGFTANFE FVAPTNRIVLAYQEMKIILLNVRE NETGEYISYDDIYKDAALRPYLVE RYEIDSPKWVEEAKNAENIEGYV AVMKDGSHFKIKSDWYVSLHST KSSLDNPEKLFKTIIDGASDDLKA MYADDEYSYRKIEAFETTYLKYL DRALFLVLDCHNKHCGKDRKTY AMEAQGVAKGAGMDHLFGIIMS LYQGYDSQEKVMCEIEQNFLKN YKKFIPEGY	374	ARN ligasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 80.1	0,0 (373/374)	ARN ligasa	ARN ligasa, familia RnlA T4	TIGR0230 8		<1,0e-180
235	136378	137502	458									



237	138061	138414	460	MHVSNFTAGLLLLVIAFGGTSIILK NKVERLETSVTEITKTANENALAL NNLRIQYNYIDAMNNKNREAIAAI ERENEKLRKDAKKADVVAHKPG LVEKQINNSFNKFAEDIQDLSK	117	Proteína PseT.3 de membrana predicha hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049837.1	2e-59 (116/117)			No se han detectado dominios putativos conservados		
238	138411	138710	461	MIKLSAVILSIGLLVGCSTKPLEVK KETVHPNWPVQIKSYDEAKLSW QVKVIDGKAWVGMPFEDSQEFR IWLNDVKRYVHDQKTMICYYRQ ELKEDKCK	99	Proteína hipotética RB32ORF219c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803161.1	1e-51 (99/99)		Lipoproteína YfiO de montaje de membrana externa	TIGR03302	0,002		
239	138707	138937	462	MISWYQFEHLKGLIYESEMAAMI YGRQIQRLESLPPTNDVLLAQSR ANLKNEYQNKWGKASKDLHDYI QSLVEKNK	76	Proteína PseT.1 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 76.1	2e-37 (76/76)			No se han detectado dominios putativos conservados			
240	138934	139236	463	MKTLLERYIECSDRYIDVCHDNA SSISEDIEHAKALDDAGKALRKEA KARGFDMYQLKNHMIKFISSNVQ SKSVNQSTAELYKGRREHNIRIL EVFLGIK	100	Proteína hipotética RB32ORF217c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 55.1	3e-49 (96/100)			No se han detectado dominios putativos conservados			
241	139233	140138	464	MMKKIILTIGCPGSGKSTWAREFI AKNPGFYNINRDDYRQSIMAHEE RDEYKYTKNKEGIVTYMQHDVA NMILCQDATKGVIVSDTNLNPER RKVWEEFAKELGHQIEYKVFDVP WTELVKRNSKRGTKAVPIDVLRS MYKSMREYLGLPVYKGTPGKPK AVIFDVDGTLAKMNGRGPYDLEK CDIDIINPMVVELSKMYALMGYQI VVVSGRESGTEEDPTKYYRMTR KWVEDIAGVPLVMQCQREQGDT RKDDVVKEEIFWKHIAPHFDVKL AIDDRTQVVEMWRRIGVECWQV ASGDF	301	dN 3'fosfatasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 74.1	1e-170 (290/300)	dN 3'fosfatasa	Quinasa predicha	COG4639	8e-12		
242	140158	140334	465	LGFVIVNSGLVGTSNGQFCVFTS ENRAWEECLKLREKNPDVELVV KKTKLPLPWKTYE	58	Proteína Cd.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049833.1	2e-24 (55/57)			No se han detectado dominios putativos conservados			
243	140327	140527	466	MNNLEKIYRLCDKIEKEKKYLFCL WPIVDGRVGLDVLDYETEDKVD GATFDNALDVIDWLEENYVR	66	Proteína hipotética RB51ORF219 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 72.1	2e-29 (64/66)			No se han detectado dominios putativos conservados			
244	140530	140805	467	MFPTYSKIVEVVFSQIIANNMFEK LDNAAELRIHAQVTHVLNALLPD	91	Proteína hipotética RB32ORF215c	YP_803157.1	2e-45 (91/91)			No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 6UU

				QVDSIAITLYPGSAHIIVVFGLDAE LVIKGDIRFESQTSEFKAI		[Fago R632 de Enterobacteria]								
245	140868	141395	468	MSEWFEEDKVYRFKAGYKDIFN ETCGANKRIAQFIGENSFKVKIDP AKNVISIKREIDDCWYKAVDVMG ESYKVSPLFSIAYMLEYSFFEEV QKDDSVSKFEIKTDKEIKWKVVGI TGCMFYIYAQTDTKEEAKKKALE YLEEHEEGPVMITQDAELVSVKL VKNVESKELGSTC	175	Proteína hipotética RB32ORF214c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803156.1	5e-95 (173/175)					No se han detectado dominios putativos conservados	
246	141389	141625	469	MLSEKPITVKEFQEKVKLFAQEL VNKVSERFPETSVRVITETPRSV LVIVNPGDGDQISHLKLDFDGLV EAQRVYGVL	78	Proteína hipotética RB32ORF213c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803155.1	5e-37 (78/78)					No se han detectado dominios putativos conservados	
247	141622	141960	470	MMNLTDIIDNCLENDTGDHRALD SETAQFIRITLMNDTLVNSIHPSV YDAIIVTKYPVELHKKMTGAVFID KKNRFKDGQNITSSVIKSITKLRH EIYRVETAKSAYLVIMK	112	Proteína Cd.1 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049829.1	2e-58 (111/112)					No se han detectado dominios putativos conservados	
248	141957	142538	471	MKASTVLQIAYLVSQESKCCSW KVGAVIEKNGRIISTGYNGSPAG GVNCCDYAAEQGWLLNKPKHTII QGHKPECVSFGSTDRFVLAKEH RSAHSEWSSKNEIHAELNAILFA ARNGSSIEGATMYVTLSPCPDCA KAIAQSGIKKLVYCETYDKNKPG WDDILRNAGIEVFNVPKKNLNKL NWENINEFCGE	193	dCMP desaminasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803153.1	3e-110 (193/193)	dCMP desaminasa	Desoxici-tidilato desami-nasa	cd01286	1e-37	No se han detectado dominios putativos conservados	
249	142538	142774	472	MKFRLVKLTAISSYSNENISFAVE YKKYFFSKWKQYYKTDWTSIDR PYSWKSDLEKCQKLLSTLKERG TTHIKTVIGK	78	Proteína Gp31.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 67.1	1e-37 (78/78)					No se han detectado dominios putativos conservados	
250	142775	143083	473	MKLTTEQKVAIREILKTKLSMGIS NVVFEKSDGTIRIMKCTRDADFM PTMQTGKLTESTRKESTDMIPVF DVELGAWRGFSIDKLISVNGMKV EHLLQFIGK	102	Proteína Gp31.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_04826.1	2e-50 (99/102)					No se han detectado dominios putativos conservados	
251	143140	143475	474	MSEVQQLPIRAVGEYVILVSEPA QAGDEEVTESGLIIGKRIQGEVP ELCVVHSVGPDVPEGFCEVGDL TSLPVGQIRNVPHPFVALGLKQP KEIKQKFVTCHYKAIPCLYK	111	Chaperona Gp31 de montaje de cabeza con GroEL [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049825.1	1e-56 (110/111)	Chaperona de montaje de cabeza	Chapero-na en subuni-dad 10 Kd	pfam0016 6	8e-06	No se han detectado dominios putativos conservados	
252	143623	143871	475	MIKQLQHALELQRNAWNNGHEN YGASIDVEAEALEILRYFKHLNPA	82	Proteína accesoria de inhibición de lisis.	NP_049824.	6e-40	Proteína rIII accesoria				No se han detectado dominios	

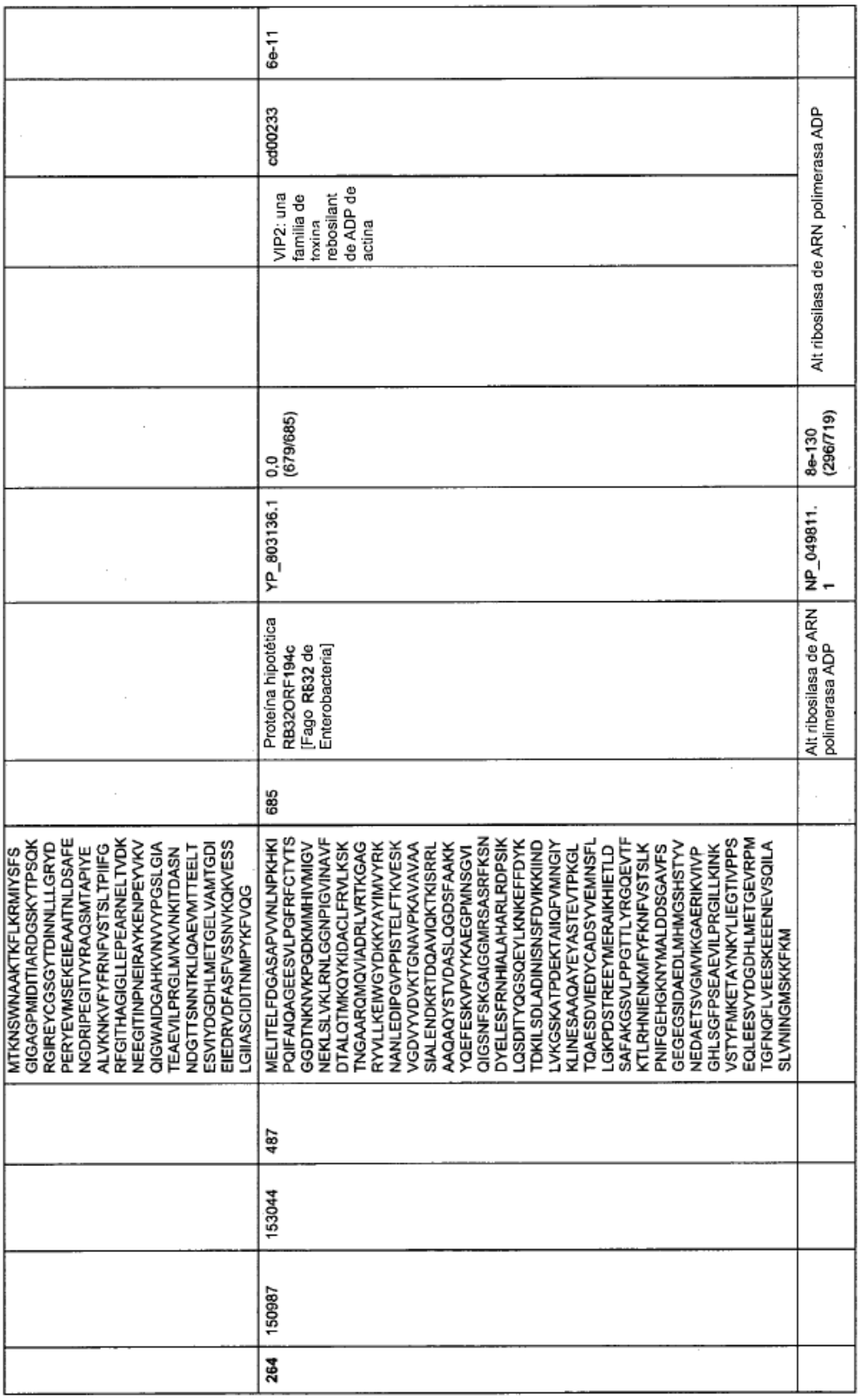
Fig. 6VV

				QTALAAELQEKDELKYAKPLASA ARKAVRHFVVTLK		fenotipo de lisis rápida [Fago T4 de Enterobacteria]	1	(82/82)	de inhibición de lisis	putativos conservados		
253	144226	144444	476	MPISPAFSFKREFIMAKQVKAKK AVEKKVGDSKRAGYKRGSNSRI NQTVEKIMRRARAVLRDDASRF GKQKA	72	Producto de proteína desconocido [Fago T4 de Enterobacteria]	CAA35653.1	2e-32 (71/72)		No se han detectado dominios putativos conservados		
254	144555	144920	477	MNYINFERKYVSNGIAGSIDTICL WKHQNGSVCEIDQYMTPNYVY MRFENGITVSITKEGSNFKIALDD DFRERDLGTHPCWNGVHRKLLI KTWIRHILSNKAKPEHLEAIFDVV LNEFDI	121	Proteína gp30.7 [Bacteriófago K3]	CAC42995.1	2e-64 (116/121)		Gp30_7 de fago T4, proteína Gp30.7 de fago	pfam0691 9	3e-66
255	144949	145236	478	MFMTTYFDTRKNFCEVVFSKAP KDLPAHLQPTSESIKNYVNVVCP LEFRTVNGRDTLAITKLNREIDID PSIAREINSSDINGGNVKSHGFQ MRF	95	Proteína Gp30.6 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 39.1	1e-47 (91/95)		No se han detectado dominios putativos conservados		
256	145236	145433	479	MKFFLGQTVELKGVGIPGLISKVL PPFKWSGIQIKEAYIVSWVDGNE DLRMGDELSPIYGLKELV	65	Proteína Gp30.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049819. 1	5e-29 (65/65)		No se han detectado dominios putativos conservados		
257	145430	145636	480	MNIINKIFGIQYIKVTYKVTDKNPY TDEHEEPQVKSIILEKGSDWPVE FRLPNYGHWADVEIISIENV	68	Proteína Gp30.4 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 58.1	5e-29 (64/68)		No se han detectado dominios putativos conservados		
258	145629	146087	481	MSELEIRSNFKWPSCALSNFAQ WPFVMDGIQFGGLEGFLQGCKV KNVEQQRRIFGLSGLAAQQAGR SYARAQDRGTLFWLGVPFSRYS PAWKELYTNAYFEAAICNKGFRD ALHASKGKVLKHSMASGLTKDD TILTEAEFIDVLNLLRDSL	152	Proteína Gp30.3 [Bacteriófago Pol]	CAD30242.1	5e-85 (152/152)		Proteína GP30.3 de bacterió-fago	pfam0801 0	6e-71
259	146084	146923	482	MKPTILTDIDGVCLSWQSGLPYF AQKYNLPLEHILKMIQDEKFISPG KLFNCDEELGVKLIEKYNRSDFIR YLSPYKDALCVINKLKEDYNFVA VTALGDSIDALLNRQFNLNALFP GAFSEVLMCGHDSSKEELFKKA KEKYNVICYIDDLAHHCDHASEIL NVPVYWMARGERDSIPKTAQRV YTWNDVENKLFSPKENKESFDS EKAIKDVIEKMIKNDSFPWNTTW RTPGFNPYNHLYHPYQTHPFQT	279	Proteína hipotética RB32ORF199c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803141.1	2e-163 (276/279)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 6WW

				WNYIKPGGIEYLYNRPTSGDNIF QGAF							No se han detectado dominios putativos conservados				
260	146923	147192	483	MFVVHTIYENEGNTTRDYGHVN QFFRCNPEFRAQKDERIFKKCVE QGFIYVKHWMQGNKVRTTYHRS LTELNDELIYNRAVNQTLKDEQ	89	Proteína hipotética RB32ORF198c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803140.1	1e-46 (89/89)							
261	147189	148652	484	MILKILNEIASIGSTKQKQAILEKN KDNELLKRVYRLTYSRGLQYYIK KWPKPGIATQSFGMLTLTDMLDF IEFTLATRKLTGNAAIEELTGYITD GKKDDVEVLRRVMMRDLECGAS VSIANKVWPGLIPEQPQMLASSY DEKGINKNIKFPAFAQLKADGAR CFAEVRGDELDDVRLLSRAGNE YLGLDLLKEELIKMTTEARQIHPE GVLIDGELVYHEQVEKEPEGLDF LFDAYPEISKAKEFAEVAESRTA SNGIANKSLKGTISEKEAQCMKF QVWDYVPLVEIYGLPAFRLVKYDV RFSKLEQMTSGYDKVILIENQVV NNLDEAKVIYKKYIDQGLEGIILKN TDGLWENARSKNLYKFKEVIDVD LKIVGIYPHRKDPTKAGGFILESE CGKIKVNAGSGLKDKASVKSHEL DRTRIMENQNYYIGKILECECNG WLKSDGRTDYVKLFLPIAIRLRED KTKANTFEDVFGDFHEVTGL	487	ADN ligasa Gp30 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 54.1	0,0 (482/487)	ADN ligasa	ADN ligasa_A_M, dominio de ADN ligasa depen-diente de ATP	pfam0106 8	3e-26			
262	148649	148837	485	MKAYLETIVVAQKEGGDVSTSVS QVILEFVDAYAYNKFTETFDAYE KGPKFEIYRTLLPLDY	62	Proteína Alt:1 hipotética conser-vada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049812. 1	1e-26 (57/62)			No se han detectado dominios putativos conservados				
263	148890	150983	486	MELITELFDEDTTLPITNLNPKKKI PQIFSVHVDDAIEQPGFRLCTYT SGGDTNRDLKMGDKMMHIVPFT LTAKGSIAKLKGLGPSPINYINSV FTVAMQTMRQYKIDACMLRILKS KTAGQARQIQVIADRLIRSRSGG RYVLLKELWDYDKKYAYILIHRKN VSLEDIPGVPEISTELFTKVESKV GDVYINKDTGAQVTKNEAIAASIA QENDKRSDQAVIVKVKISRRAIA QSQSLESSRFESELFQKYESTAA NFNKPATAPLIPEAEEMKIGINSL ASKTKAAKIIAEGTADELHYDYKF FPMSQVGEVSEKIKEVIFNAIKNE PTTSIKCLEKYAAAANQLFEEYK DNWLDKHNKTRKGQPDEVWEE	697	Proteína empaquetada de adenosilribosil transferasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 31.1	0,0 (682/697)	Proteína empaquetada de adenosilribo-sil transferasa	VIP2: una familia de toxina ribosilan-te de ADP de actina	cd00233	1e-36		

Fig. 6XX



			MTKNSWNAAKTKFLKRMIYSFS GIGAGPMIDITIARDGSKYTPSQK RGIREYCGSGYTDINNLLLGRYD PERYEVMSEKEIEAAITNLDSAFE NGDRIPEGITVYRAQSMTAPIYE ALVKNKVFYFRNFVSTSLTPIIFG RFGITHAGIGLLEPEARNELTVDK NEEGITINPNEIRAYKENPEYVKV QIGWAIDGAHKVNVVYPGSLGIA TEAEVILPRGLMVKVNKITDASN NDGTTSNNTKLIQAEVMTTEELT ESVIYDGDHLMETGELVAMTGDI EIEDRVDFASFVSSNVKQKVESS LGIIASCIDITNMPYKFVQG	685	Proteína hipotética RB32ORF194c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803136.1	0,0 (679/685)		VIP2: una familia de toxina rebosiliant de ADP de actina	cd00233	6e-11
264	150987	153044	487			Alt ribosilasa de ARN polimerasa ADP	NP_049811.1	8e-130 (296/719)	Alt ribosilasa de ARN polimerasa ADP		

Fig. 6YY

						[Fago T4 de Enterobacteria]				
265	153105	153395	488	MKSSLRFLGQELVVEGVIPADNA FNEAVYNEFIKIFGTDKKFGIFPS ENFSKPEQTESIFQGVVTGKFES EAPVKIEVYIEDSLVASVAAFISFR K	96	Proteína Alt.-3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049808	3e-46 (95/96)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
266	154389	153424	489	MYSLEEFNNQAINADFQRNNMF SCVFATTPSTKSSSLISSISNFSY NNLGLNSDWLGLTQGDINQGITT LITAGTQKLIRKSGVSKYLIGAMS QRTVQSLLGSFTVGTYLIDFFNM AYNSSGLMIYSVKMPENRLSYET DWNYNSPNIRITGRELDPLVISFR MDSEACNYRAMQDWVNSVQDP VTGLRALPQDVEADIQVNLHSRN GLPHTAVMFTGCIPISVSAPELSY DGDNQITTFDVTFAYRVMQAGA VDRQAALEWLESAAINGIQSVLG NSGGVTGLSNSLSRLSRLGGTA GSISNINTMTGIVNSQSKILGAI	321	Iniciador del tubo de cola de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803134.1	0,0 (320/321)	Iniciador del tubo de cola de placa base	**No se han detectado dominios putativos conservados**
267	155483	154389	490	MAIVKEITADLIKKSGEKISAGQS TKSEVATKTYTAQFPTGRASGN DTTGDFQVTDLYKNGLLFTAYN MSSRDSGSLRTMRSNYSSSSSS ILRTARNTISNTVSKLSNGLISDN NSGTISKVPVANILLPRSKSDVDT SSHRFNDVQDSLITKGGGTATG VLSNMASTAVFGALESITQGIMA DNNEQIYTTARSMYGGAENRTK VFTWDLTPRSTEDLMAIINIYQYF NYFSYGETGKSQYAAEIKGYLDE WYRSTFIEPLTPEDAVKNKTLFE KMTSSLTNVLVVSNPTIWMVKNF GATSKFDGKTEIFGPCQIQSIRFD KTPNGNFNGLAIAPNLPSTFTLEI TMREIITLNRASLYAGTF	364	Placa base Gp48 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 48.1	0,0 (358/364)	Placa base	**No se han detectado dominios putativos conservados**
268	157264	155492	491	MKKPQEMQTMRRKVISDNKPTQ EAAKSASNTLSGLNDISTKLDDA QAASELIAQTVEEKSNEIIGAIDN VESAVSDTTAGSELIAETVEIGNN INKEIGESLGSKLDKLTSLLEQKI QTAGIQQTGTSLATVESAIPVKV VEDDTAESVGPLLPAPEAVNND PDADFFPTPQPVEPKQESPEEK QKKEAFNLKLSQALDKLTKTVDF GFKKSISISDKISSMLFKYTVSAAI	590	Subunidad Gp29 del centro de placa base, determinador de longitud de cola [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049805. 1	0,0 (567/590)	Subunidad del centro de placa base, determinador de longitud de cola	**No putative conserved domains have been detected**

Fig. 6ZZ

				EAAKMTAMILAVVVGIDLLMVHF KYWSDKFSQAWDLFSTNFTKFS SETGTWGPLLQSIFGSIDKIKKLW EAGDWGGLTVAIVEGLGKVLFNL GELIQLGMAKLSAAILRVIPGMKD TADEVEGRALENFQNTTNASLSK EDQEKVANYQYKRMNDDLGPIA KGLDKIANWKTRASNWIRGVDN KEALTTDEERAEEEEKLKQLSPE EAKIALMKANEARAAMNRFDEYA NSADMSKDSTVKSVEAAYEDLK KRMDDPDLNNSPAVKKELAARF SKIDATYQELKKNQPNAKPQTSA KSPEAKQVQVIEKNKAQQAPIQQ ASPSINNTNNVIKKNTVVHNMTP VTSTTAPGVFDATGVN	177	Subunidad del centro distal de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803131.1	9e-97 (176/177)	Subunidad del centro distal de placa base		No se han detectado dominios putativos conservados		
269	157794	157261	492	MNLKLILPLKKVVLPISNKEVSIPK MGLKHYNILKDVKGPPDENLKLLID SICPNLSPAEVDFVSIHLLEFNGK IKSRKEIDGYTYDINDVYVCQRLE FQYQGNTFYFRPPGKFEQIFLTV SDMLSKCLLKVNDEVKEINFLEM PAFVLKWANDIFTTLAIPGPNGPI TGIGNIIKGLFE	390	Subunidad Gp27 del centro de placa base [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 45.1	0,0 (390/390)	Subunidad del centro de placa base	Cola 1 de fago, proteína estructu-ral de placa base, dominio 1	pfam0909 7	2e-98
270	158914	157742	493	MSMLQRPGYPNLSVKLFESYDA WSNNRFVELAATITTLTMRDSLY GRNEGMLQFYDSKNIHTKMDGN EIQISVANANDINNVKTRIYGCKH FSVSVDSKGDNIIAIELGTIHSIEN LKFGRPFFPDAGESIKEMLGVIY QDRTLLTPAINAIYVPDIPWTS TFENYLSYVREVALAVGSDKFVF VWQDIMGVNMMDYDMMINQEP YPMIVGEPTLIGQFVQELKYPLAY DFVWLTKSNPHKRDPMKNATIY AHSFLDSSLPMITTGKGENSIVVS RSGAYSEMTYRNGYEEAIRLQT MAQYDGYAKCSTVGNFNLTPGV KIIFNDSKNQFKTEFYVDEVIHEL SNNNSVTHLYMFTNATKLETIDP VKVKNEFKTDTTTEESSSSDK						Cola 2 de fago, proteína estructural de placa base, dominio 2	pfam0909 6	9e-86

Fig. 6AAA

271	159663	158911	494	MANIIRCKLPDGVHRFKPFTVED YRDFLLVRNDIEHRSPQEQKEIIT DLIDDYFGDYPKTWQPFIFLQVF VGSIGKTKVPVTFVCPKCKKEKT VPFEIYQKELKEPVFDVANVKIKL KFPSEFYENKAKMITENIHSVQV DEIWYDWKEISESSQIELVDAIEI ETLEKILDAMNPINLTLHMSCCDK YIKKYTDIVDVFKLLVNPDEIFTFY QINHTLVKSNYSLNSIMKMIPAER GFVLKLIEKDKHQ	250	Catalizador Gp51 de montaje del centro de placa base [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 23.1	3e-141 (247/249)	Catalizador de montaje del centro de placa base	No se han detectado dominios putativos conservados			
272	159714	160340	495	MYEYKFDVRVGSKIINCRAFTLK EYLELITAKNNGSVEVIVKKLIKD CTNAKDLNRQESELLLIHLWAHS LGEVNHENSWKCTCGTEIPTHIN LLHTQIDAPEDLWYTLGDIKIKFR YPKIFDDKNIAHMIVSCIETIHANG ESIPVEDLNEKELEDLYSIITESDI VAIKDMLLKPTVYLAVPIKCPECG KTHAHVIRGLKEFFELL	208	Subunidad Gp26 del centro de placa base [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049801. 1	7e-118 (208/208)	Subunidad del centro de placa base	No se han detectado dominios putativos conservados			
273	160340	160738	496	MANINKLYSDIDPEMKMDWNKD VSRSLGLRSIKNSLLGIITTRKGS RPFDPEFGCDLSDQLFENMTPL TADTVERNIESAVRNYEPRIDKLA VNVIPVYDDYTLIVEIRFSVIDNPD DIEQIKLQLASSNRV	132	Subunidad Gp25 de bisagra de placa base [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049800. 1	2e-70 (132/132)	Subunidad de bisagra de placa base	Subunidad Gp25 de bisagra de placa base	PHA00415	3e-54
274	160805	161218	497	MRLEDLQEELKKDVFIDSTKLQY EAANIVMLYSKWLNKHSSIKKE MLRIEAQKKVALKAKLDYYSGRG DGDEFSMDRYEKSEMKTVLSAD KDVLKVDTSLQYWGILLDFCSGA LDAIKSRGFAIKHIQDMRAFEAGK	137	UvsY [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 41.1	3e-73 (137/137)	Proteína de recombinación, reparación y unión de ADNmc	No se han detectado dominios putativos conservados			
275	161218	161442	498	MRYNIDDAFNYEEEFETEIQFLM KKHNLKRQDIRILADHPCGEDVL YIKGKFAGYLDEYFYSKDMGIDM HMRVV	74	Proteína UvsY:-1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049798. 1	1e-35 (73/74)		No se han detectado dominios putativos conservados			
276	161471	161638	499	MSDKICVVCKTPIDSALVVETDK GPVHPGPCYNYIKELPVSESSEE QLNETQLLL	55	Proteína UvsY:-2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049797. 1	1e-23 (55/55)		No se han detectado dominios putativos conservados			
277	161924	161694	500	MLLEFKQFLYEASIDEFMGKIASC QTLEGLEELEAYYKKRVKETELK DTDDISVRDALAGKRAELEDSDD EVEESF	76	ARN-ADN UvsW y ADN-ADN helicasa, ATPasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049796. 1	2e-35 (76/76)	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa	No se han detectado dominios putativos conservados			

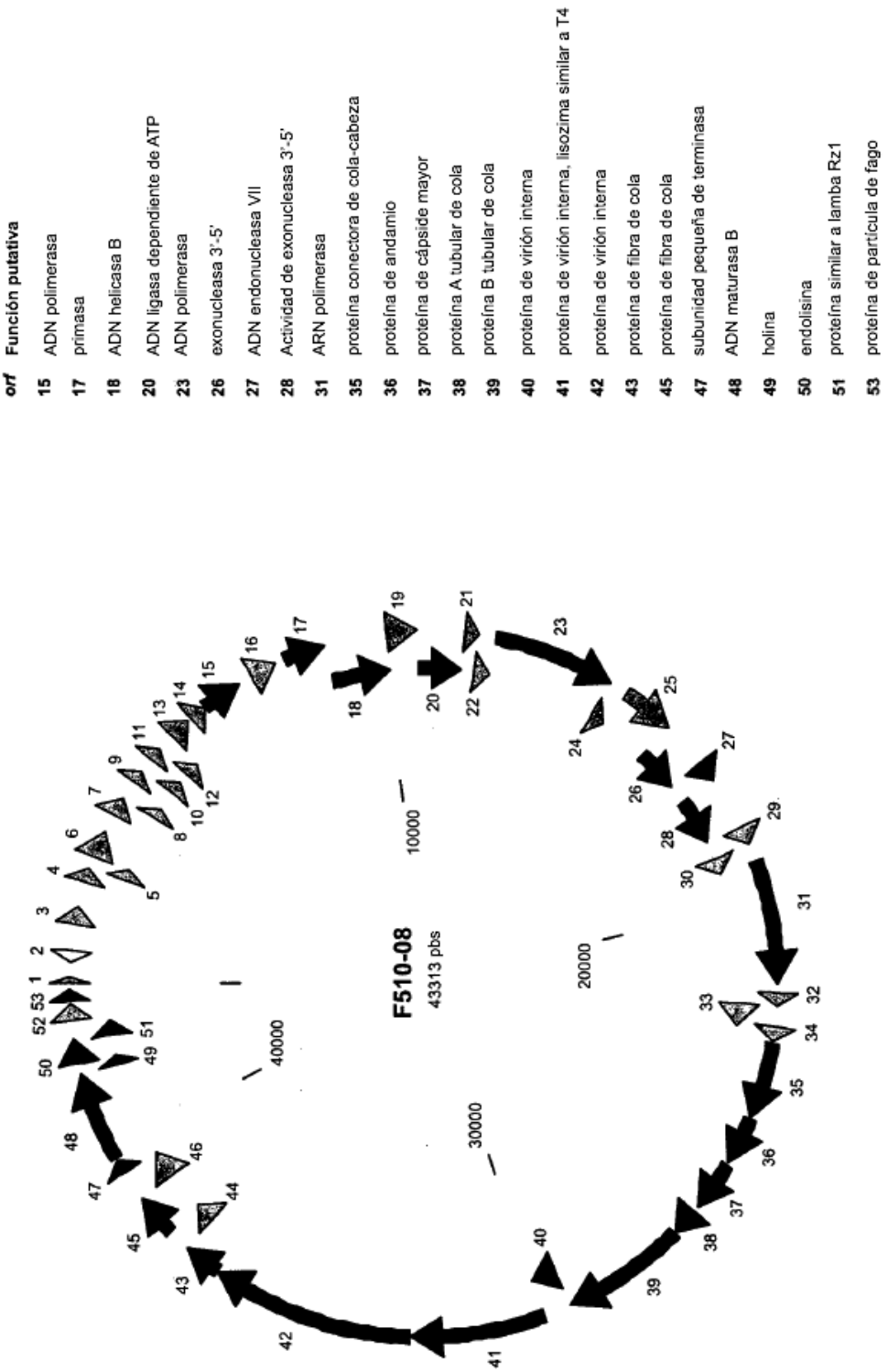
Fig. 6BBB

278	163461	161950	501	MTDIKVHFYDFSHVRIDCEESTF HELRDFFSFEADGYRFNPKYKY GHWDGRIRLLDYNRLLPFGLVG QIKKFCDNFGYKAWIDPQINEKE ELSRKDFDEWLSKLEIYSGNKRI EPHWYQIKDAVFEGLVNRRRILN LPTSAGKSLIQALLARYYLENYE GKILIVPTTALTTQMADDFVDYR LFSHAMIKKIGGGASKDDKYKND APVVVGTWQTVVKQPKEWFSQ FGMMMNDECHLATGKSISSIISG LNNCMFKFGLSGSLRDGKANIM QYVGMFGEIFKPVTTSKLMEDG QVTELKINSIFLRYPDEFTTKLKG KTYQEEIKIITGLSKRNKWIAKLAI KLAQKDENAFVMFKHVSHGKAIF DLIKNEYDKVYYVSGEVDTETRN IMKTLAENGKGIIIVASYGVFSTGI SVKNLHHVVLAHGVKSKIIVLQTI GRVLRKHGSKTIATYWDLIDDCG VKPKSANTKKKYVHLNYLLKHGI DRIQRYADEKFNYVMKTVNL	503	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 37.1	0,0 (503/503)	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa	SSL2, ADN o ARN helicasas de superfami-lia II	COG1061	8e-27
279	163512	164192	502	MIDKDYIAELKALDDNKEAKAKLA EYAEQFGIKVKKNKSFDNIVNDIE EALQKLASEPMPETDGLSIKDLID AADAAEGLKYDDEEVNPEAALLI DSPVKSDIKIEVVETDKIPENTDV LIEDTPFVEEKFEQAVAEIIESEKP SVFTLPENFSPNLQLIGKNPGFC TVPWWIYQWAETPDWKSHPTS FEHASAHQTLFSLIYYINRDGSVL IRETRNSSFVTLK	226	Inhibidor de proteína de cápside menor de proteasa 21 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 14.1	4e-125 (224/226)	Proteína de cápside menor	Trasporta-dor de hierro ferroso, FeoB	TIGR0043 7	2e-04
280	164202	165620	503	MTFTVDITPKTPTGVIDETKQFTA TPSGETGGGTITYAWTVDDAPQ EETSATFSYVLKGPAGQKTIKVV ATNQVAESEPETAEISTTITVQNK TQTTTLAVTPGSPDAGVIGTPIEF TAALASQPSGANATYQWYVDGS PVGEATSTTFNYTPDASGVKTIK CVAQVTATDYDTKEVTSNEVSLT VNKKTQTTTLAVTPDSPPAGVIG TPVQFTAALASQPDGASATYQW YVDDSQVGGETNSTFSYTPTTS GVKRIKCVAQVTAENYNEKEVTS NEVSLTVNKKTMNPQVTLTPPSI NVQQDASATFTANVTGAPEEAQI TYSWKKDSSPVEGSTNVYTVDT	472	Proteína Hoc de cápside externa [Bacteriófago RB30]	AAM52483.1	0,0 (428/472)	Proteína Hoc de cápside externa	Dominio PKD	pfam0080 1	0,001

Fig. 6CCC

				SSVGSQTIEVTAVVTATDYDSKTI TAEGQVQVTDKVAPEPEGELPY VHPLPHRTSAYIWCGWWVMDEI QKMTEEGKDWKTDDPDSKYYLH RYTLQKMMKDYPEVDVQESRN GYIIHKTALETGIIYTYP								
281	165722	165925	504	MRTEVVVFTLHESGKSFIEIAREL NLQAKEVAVLWARAMTAKNKFE TREKVVYRKRHINKKVKNGTV	67	Proteína hipotética RB32ORF177c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803119.1	4e-30 (67/67)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
282	165912	166190	505	MEQYDLYENESFANQLREKALK SKQFKLECFIKDFSELANKAAEQ GKTHFSYYCIARDKLITEEIGDWL RKEGFSFKVNSDQRDGDWLEIT F	92	Proteína Gp24.2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049791.1	3e-46 (91/92)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
283	166200	167204	506	MFKKYSSLENHYNSKFIEKLYSL GLTGGEWVAREKIHGTNFSLIIER DKVTCAKRTGPILPAEDFFGYEII LKNYEDSIKAVQDIMETSAVVSY QVFGEFAGPGIQKNVDYGDKDF YVFDIIVTTESGDVTYVDDYMME SFCNTFKFKMAPLLGRGKFEELI KLPNDLDSVVQDYNFTVDHAGL VDANKCVWKAEAKGEVFTAEGY VLKPCYPSWLHNGNRVAIKCKN SKFSEKKKSDKPIKAKVELSEAD NKLVGILACYVTLNRVVNNVISKIG EIGPKDFGKVMGLTVQDILEETS REGITLTQADNPSLVKKELVKMV QDVLRPAWIELVS	334	ARN ligasa 2 RnlB [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049790.1	0,0 (329/334)	ARN ligasa 2 RnlB	ARN ligasa	pfam0941 4	4e-132

Fig. 6DDD



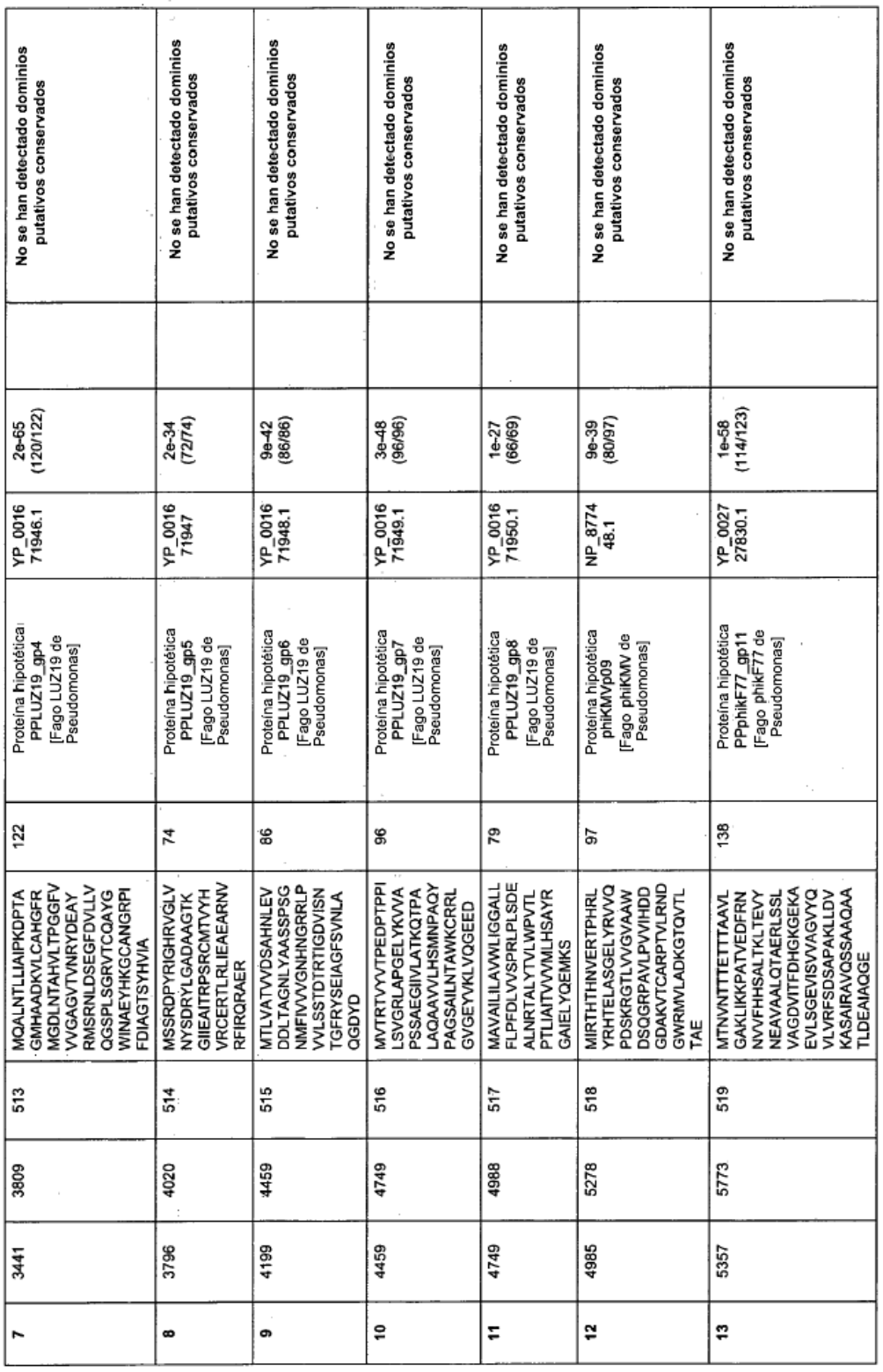
orf	Función putativa
15	ADN polimerasa
17	primasa
18	ADN helicasa B
20	ADN ligasa dependiente de ATP
23	ADN polimerasa
26	exonucleasa 3'-5'
27	ADN endonucleasa VII
28	Actividad de exonucleasa 3'-5'
31	ARN polimerasa
35	proteína conectora de cola-cabeza
36	proteína de andamio
37	proteína de cápside mayor
38	proteína A tubular de cola
39	proteína B tubular de cola
40	proteína de virión interna
41	proteína de virión interna, lisozima similar a T4
42	proteína de virión interna
43	proteína de fibra de cola
45	proteína de fibra de cola
47	subunidad pequeña de terminasa
48	ADN maturasa B
49	holina
50	endolisina
51	proteína similar a lamba Rz1
53	proteína de partícula de fago

Fig. 7

Tabla 7 – Características de los productos del gen fago F510 / 08 y asignación de funciones putativas.

ORFs	Posición de inicio	Posición de detención		Secuencia de aminoácido	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
			SEQ ID NO.:			Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1	1	124	507	LLNEAVASKVLNSRLG WSAVGEYVELFNRTQ SRVAGLIPE	40	Proteína hipotética PPLUZ19_gp49 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71995.1	1e-14 (40/40)		No se han detectado dominios putativos conservados		
2	641	432	508	MLSRQDRGERAWHQ QDAAWQRQIATWAAQ DHRHYAAPWRKRQAS QEYAVALTKHREALER SRHYGQPKG	69	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
3	1175	1528	509	VGSRSVEFALSSRNNA STGSLETGLTHCQGIG RVRSQNDGRLQPSKR GTSHRRKGHGKLLGQ EPQCVRPAGITEGIDTV QDTRYSSHHLMATQQ KGLCQRTGRTNPRQRI DKTSASL	117	Proteína hipotética PT2_gp01 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17780.1	4e-31 (68/73)		No se han detectado dominios putativos conservados		
4	2012	2296	510	MAHFKAKAPKSPFAAQ VAYWRDWEAKRTKLIA QDNVEGRKELRKMRD VRYATDPEPAPGRYHN PEQKAFVKGSEGKAR NILKGWNAKKSQGKGL	94	Proteína hipotética PPLUZ19_gp1 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71943.1	5e-48 (94/94)		No se han detectado dominios putativos conservados		
5	2296	2523	511	MPRVNELTPRQRKAAK ARRDKARRIDLAHRMP KGADCPIFRKAEQAQA KQPRVDTLTTPRSAGY LAAAAYLNKSI	75	Proteína hipotética PPLUZ19_gp2 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_6016 71944.1	3e-35 (75/75)		No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2534	3073	512	MTNAISKTVIAFRGTEEI NRAIDAIRVRGKELDEA IQLTGLSIIHHIDQCGDV TVVKALYEAMPKGSRR NALVEWLVLHGKVQVN TDKKSNKDLPFLYNKF GKTDLVGATNSPWYSF KPEKALDQEFNLAAAL ATIKKQVLQAQTKGKVI VGMELLGDLEALAAKA APIAEQSKRAAAH	179	Proteína hipotética PT2_gp04 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17783.1	3e-100 (179/179)		Proteína hipotética	PHA017 82	3e-72

Fig. 8A

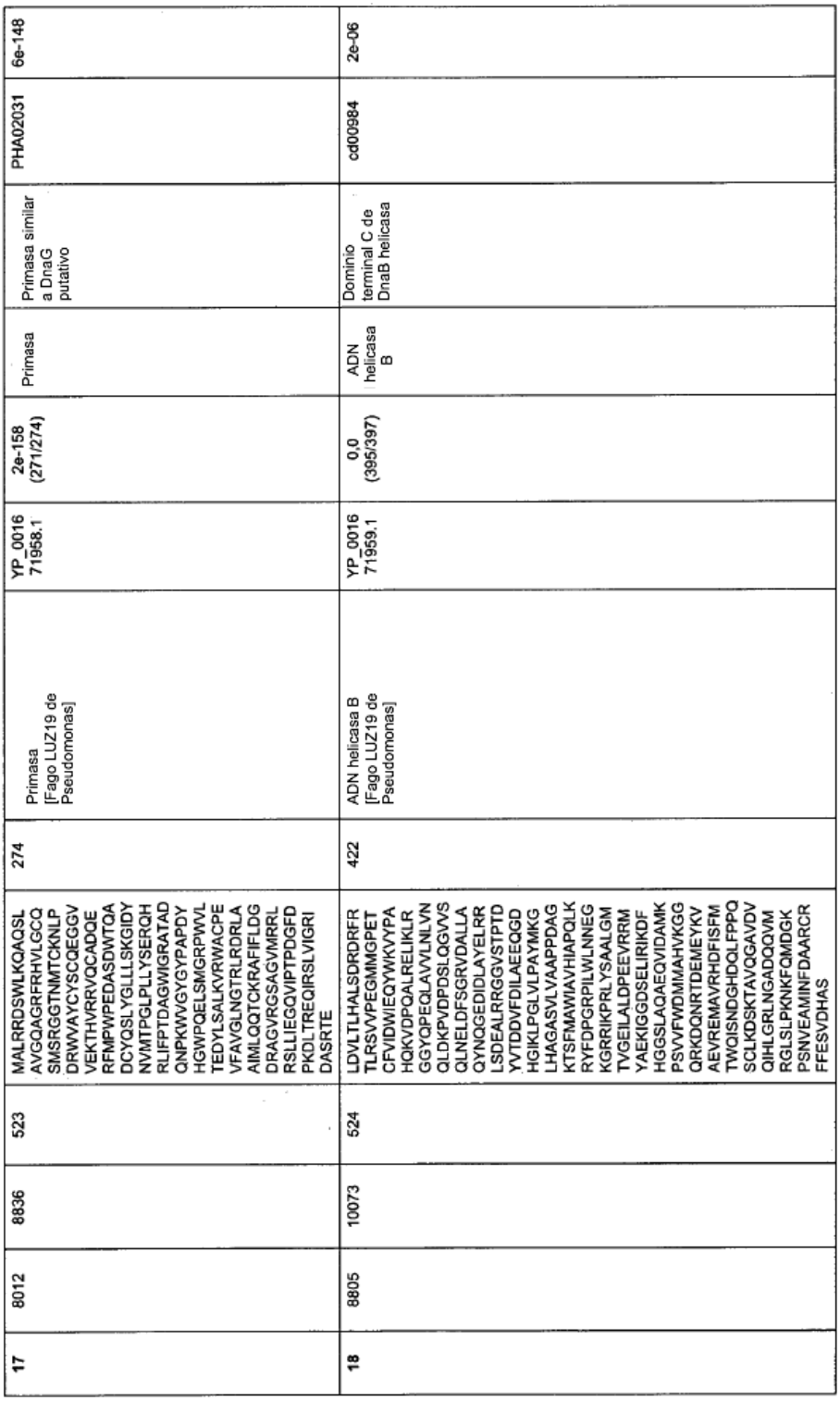


7	3441	3809	513	MQALNTLLIAIPKDPTA GMHAADKVLCAHGFR MGDLNTAHVLTPGGFV VVGAGVTVNRYDEAY RMSRNLDSEGFDVLLV QGSPLSGRVTCQAYG WINAEYHKGCANGRPI FDIAGTSYHVIA	122	Proteína hipotética PPLUZ19_gp4 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71946.1	2e-65 (120/122)		No se han detectado dominios putativos conservados
8	3796	4020	514	MSSRDPYRIGHRVGLV NYSDRYLGADAAGTK GIIEAITRPSRCMTVYH VRCERTLRLIEAEARNV RFIRQRAER	74	Proteína hipotética PPLUZ19_gp5 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71947	2e-34 (72/74)		No se han detectado dominios putativos conservados
9	4199	4459	515	MTLVATVVDSAHNLEV DDLTAGNLYAASSPSG NMFIVVVGNHNGRRLP VVLSSTDTRTIGDVISN TGFRYSEIAGFSVNLA QGDYD	86	Proteína hipotética PPLUZ19_gp6 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71948.1	9e-42 (86/86)		No se han detectado dominios putativos conservados
10	4459	4749	516	MVTRTVYVTPEDPTPPI LSVGRLAPGELYKVVA PSSAEGIIVLATKQTPA LAQAAVVLHSMNPAQY PAGSAILNTAWKCRRL GVGEYVKLVQGEED	96	Proteína hipotética PPLUZ19_gp7 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71949.1	3e-48 (96/96)		No se han detectado dominios putativos conservados
11	4749	4988	517	MAVAILILAVWLIGGALL FLPFDLVVSPRLPLSDE ALNRTALYTVVLWPVTL PTLIAITVVVMLHSAYR GAIELYQEMKS	79	Proteína hipotética PPLUZ19_gp8 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71950.1	1e-27 (66/69)		No se han detectado dominios putativos conservados
12	4985	5278	518	MIRTHTHNVERTPHRL YRHTELASGELYRVVQ PDSKRGTLVVGVAAW DSQGRPAVLPVVIHDD GDAKVTCARPTVLRND GWRMVLADKGTQVTL TAE	97	Proteína hipotética phiKMVp09 [Fago phiKMV de Pseudomonas]	NP_8774 48.1	9e-39 (80/97)		No se han detectado dominios putativos conservados
13	5357	5773	519	MTNVNTTTETTTAAVL GAKLIKKPATVEDFRN NVVFHHSALTKLTEVY NEAVAALQTAERLSSL VAGDVITFDHGKGEKA EVLSGEVISVVAGVYQ VLVRFSDSAPAKLLDV KASAIRAVQSSAAQAA TLDEAIAQGE	138	Proteína hipotética PPphikF77_gp11 [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27830.1	1e-58 (114/123)		No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 8B

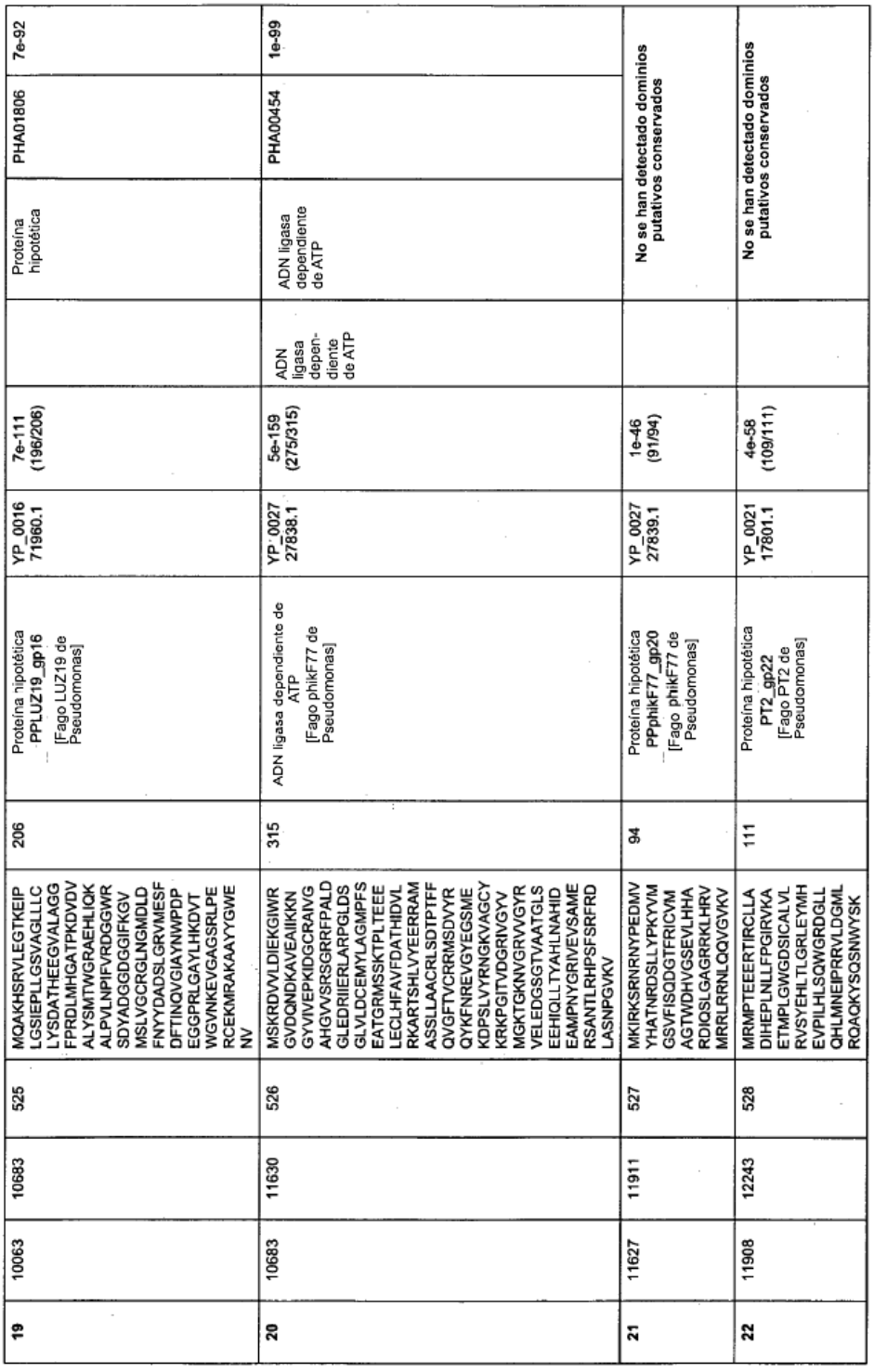
14	5842	6201	520	MSKRNPEHINGTVRSV SVQKLAATQELEDRLE AALAVCQQRAEDIDLL SRRLQAAERARRWEID EIRNHQATIRLLQNDLN AAHDAHEAQERRARK ATIMAWVCLLTAGLAV TLKLAGV	119	Proteína hipotética PPLUZ19_gp11 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71953.1	2e-60 (119/119)		No se han detectado dominios putativos conservados	
15	6204	7013	521	MQCKDLYTNLASGMF NVPCSQVTPEMRRVA KSRAFAHAYTPKKQAS GGTYTARVSGVTCDG GKVEVRLDNVERVSTF DYAELETRVAASLCQA DAKRAAEYEKLLKAF PSVSPKDGPLSAKDFE LRLHDLCSTKLVVLRAL RDAGIEMDGPLRSRVR KLADRNNVMGAELFSL KQELAQLVAVGQKAGL NWDGAETQRLLTVAPT KALCRLISALTGVRYTH HTVVAKAEAEARERAK AEAKDSLQAATFAAAIA GGVVGSALMFLLG	269	Proteína hipotética PPLUZ19_gp12 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71954.1	3e-145 (260/268)	ADN polimerasa	ADN_pol_A, familia A de ADN polimerasa dominio polimerasa 5'-3'	cd06444 5e-05
16	7284	7826	522	MSKTSLYPLNLHPGLIQ IRTIHVFSIQAPSNAEN WWQWFLWQRKYHPL RESLSPAGELSASIAEC VLHLRRNGWQDSDIW RKKGGVLALGAFDLSG LMVGSCLVVGGELKAL CVDDRHSRQGIGAELV RAAELAGAEYLTCFEF LEPFYADLGWSTTHRE ANWTAGEPDVLHMRA PGHDV	180	Proteína hipotética PT5_gp14 [Fago PT5 de Pseudomonas]	YP_0021 17736.1	6e-102 (180/180)		No se han detectado dominios putativos conservados	

Fig. 8C



17	8012	8836	523	MALRRDSWLKQAQSL AVGQAGRFRHVLGCQ SMSRGGTNMTCKNLP DRWVAYCYSCQEGGV VEKTHVRRVQCADQE RFMPWPEDASDWTQA DCYQSLYGLLLSKGIDY NVMTPGLPLLYSERQH RLIFPTDAGWGRATAD QNPKWVGYGYPAPDY HGWPQELSMGRPWVL TEDYLSALKVRWACPE VFAVGLNGTRLRDRLA AIMLQQTCKRAFIFLDG DRAGVRGSAGVMRRL RSLLIEGQVIPTPDGFD PKDLTREQIRSLVIGRI DASRTE	274	Primasa [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71958.1	2e-158 (271/274)	Primasa	Primasa similar a DnaG putativo	PHA02031	6e-148
18	8805	10073	524	LDVLTLHALSDRDRFR TLRSVVPEGMMGPET CFVIDWIEQYWKVYPA HQKVDPQALRELIKLR GGYQPEQLAVVLNLVN QLDKPVDPDSLQGVVS QLNELDFSGRVDALLA QYNQGEDIDLAYELRR LSDEALRRGGVSTPTD YVTDDVFDILAEEQGD HGIKLPGLVLPAYMKG LHAGASVLVAAPPDAG KTSFMAWIAVHIAPQLK RYFDPGRPILWLNNEG KGRRIKPRLYSAALGM TVGEILALDPEEVRRM YAEKIGGDSELIRIKDF HGGSLAQAEQVIDAMK PSVVFWDMMAHVKGG QRKDQNRTDEMEYKV AEVREMAVRHDFISFM TWQISNDGHDQLFPPQ SCLKDSKTAVQGAVDV QIHLGRLNGADQQVM RGLSLPKNKFQMDGK PSNVEAMINFDAARCR FFESVDHAS	422	ADN helicasa B [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71959.1	0,0 (395/397)	ADN helicasa B	Dominio terminal C de DnaB helicasa	cd00984	2e-06

Fig. 8D



19	10063	10683	525	MQAKHSRVLEGTKEIP LGSIEPLLGSVAGLLLC LYSDATHEEGVALAGG FPRDLMHGATPKDVDV ALYSMTWGRAEHLIQK ALPVLNPIFVRDGGWR SDYADGGDGGIIFKGV MSLVGCRGLNGMDLD FNYYDADSLGRVMESF DFTINQVGIAYNWPDP EGGPRLGAYLHKDVT WGVNKEVGAGSRLPE RCEKMRAKAAYYGWE NV	206	Proteína hipotética PPLUZ19_gp16 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71960.1	7e-111 (196/206)		Proteína hipotética	PHA01806	7e-92
20	10683	11630	526	MSKRDVVLDIEKGIWR GVDQNDKAVEAIIKKN GYVIVEPKIDGCRAVG AHGVVSRSGRRFPALD GLEDRIIERLARPGLDS GLVLDCEMYLAGMPFS EATGRMSSKTPLTEEE LECLHFAVFDATHIDVL RKARTSHLVYEERRAM ASSLLAACRLSDTPTFF QVGFTVCRRMSDVYR QYKFNREVGYEGSME KDPSLVYRNGKVAGCY KRKPGITVDGRIVGYV MGKTGKNVGRVVGYR VELEDGSGTVAATGLS EEHIQLLTYAHLNAHID EAMPNYGRIVEVSAME RSANTLRHPSFSRFRD LASNPGVKV	315	ADN ligasa dependiente de ATP [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27838.1	5e-159 (275/315)	ADN ligasa depen-diente de ATP	ADN ligasa dependiente de ATP	PHA00454	1e-99
21	11627	11911	527	MKIRKSRNRNYPEDMV YHATNRDSLLYPKYVM GSVFISQDGTFRICVM AGTWDHVGSEVLHHA RDIQSLGAGRRKLHRV MRRLRRNLQQVGVKV	94	Proteína hipotética PPphikF77_gp20 [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27839.1	1e-46 (91/94)		No se han detectado dominios putativos conservados		
22	11908	12243	528	MRMPTEEERTIRCLLA DIHEPLNLLFPGIRVKA ETMPLGWGDSICALVL RVSYEHLTLGRLEYMH EVPILHLSQWGRDGLL QHLMNEIPRRVLDGML RQAQKYSQSNWYSK	111	Proteína hipotética PT2_gp22 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17801.1	4e-58 (109/111)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 8E

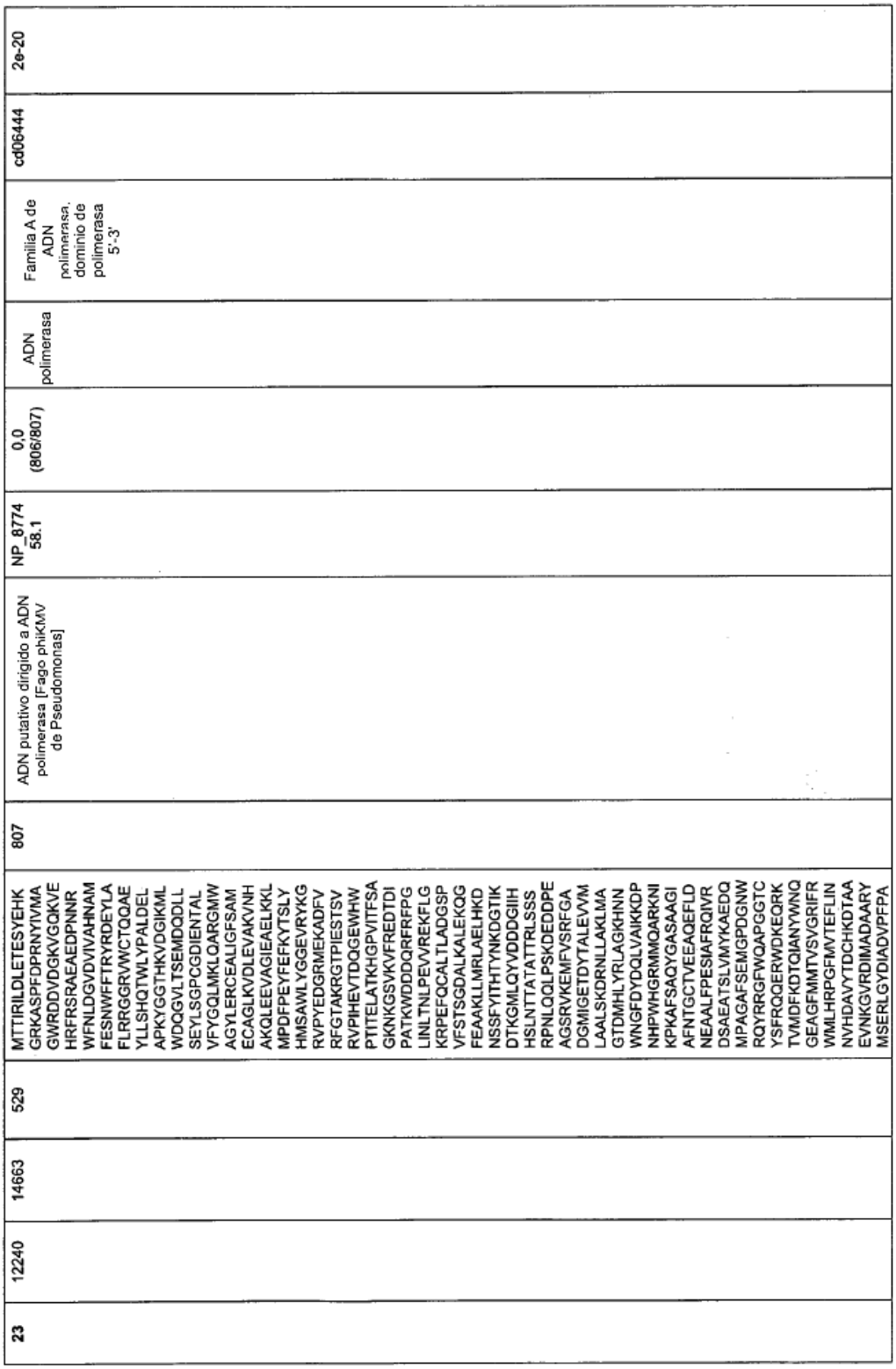

23
12240
14663
529
807
ADN putativo dirigido a ADN polimerasa [Fago phiKMV de Pseudomonas]
NP_87745 8.1
0,0 (806/807)
ADN polimerasa
Familia A de ADN polimerasa, dominio de polimerasa 5'-3'
cd06444
2e-20
MTTIRILDLETESYEHK
GRKASPFDPRNYIVMA
GWRDDVDGKVGQKVE
HRFRSRAEAEDPNNR
WFNLDGVDVIVAHNAM
FESNWFFTRYRDEYLA
FLRRGGRVWCTQQAE
YLLSHQTWLYPALDEL
APKYGGTHKVDGIKML
WDQGVLTSEMDQDLL
SEYLSGPCGDIENTAL
VFYGQLMKLQARGMW
AGYLERCEALIGFSAM
ECAGLKVDLEVAKVNH
AKQLEEVAGIEAELKKL
MPDFPEYFEFKYTSLY
HMSAWLYGGEVRYKG
RVPYEDGRMEKADFV
RFGTAKRGTPIESTSV
RVPIHEVTDQGEWHW
PTITELATKHGPVITFSA
GKNKGSVKVFREDTDI
PATKWDDDQRFRFPG
LINLTNLPEVVREKFLG
KRPEFQCALTLADGSP
VFSTSGDALKALEKQG
FEAAKLLMRLAELHKD
NSSFYITHTYNKDGTIK
DTKGMLQYVDDDGIIH
HSLNTTATATTRLSSS
RPNLQQLPSKDEDDPE
AGSRVKEMFVSRFGA
DGMIGETDYTALEVVM
LAALSKDRNLLAKLMA
GTDMHLYRLAGKHNN
WNGFDYDQLVAIKKDP
NHPWHGRMMQARKNI
KPKAFSAQYGASAAGI
AFNTGCTVEEAQEFLD
NEAALFPESIAFRQIVR
DSAEATSLVMYKAEDQ
MPAGAFSEMGPDGNW
RQYRRGFWQAPGGTC
YSFRQQERWDKEQRK
TVMDFKDTQIANYWNQ
GEAGFMMTVSVGRIFR
WMLHRPGFMVTEFLIN
NVHDAVYTDCHKDTAA
EVNKGVRDIMADAARY
MSERLGYDIADVPFPA

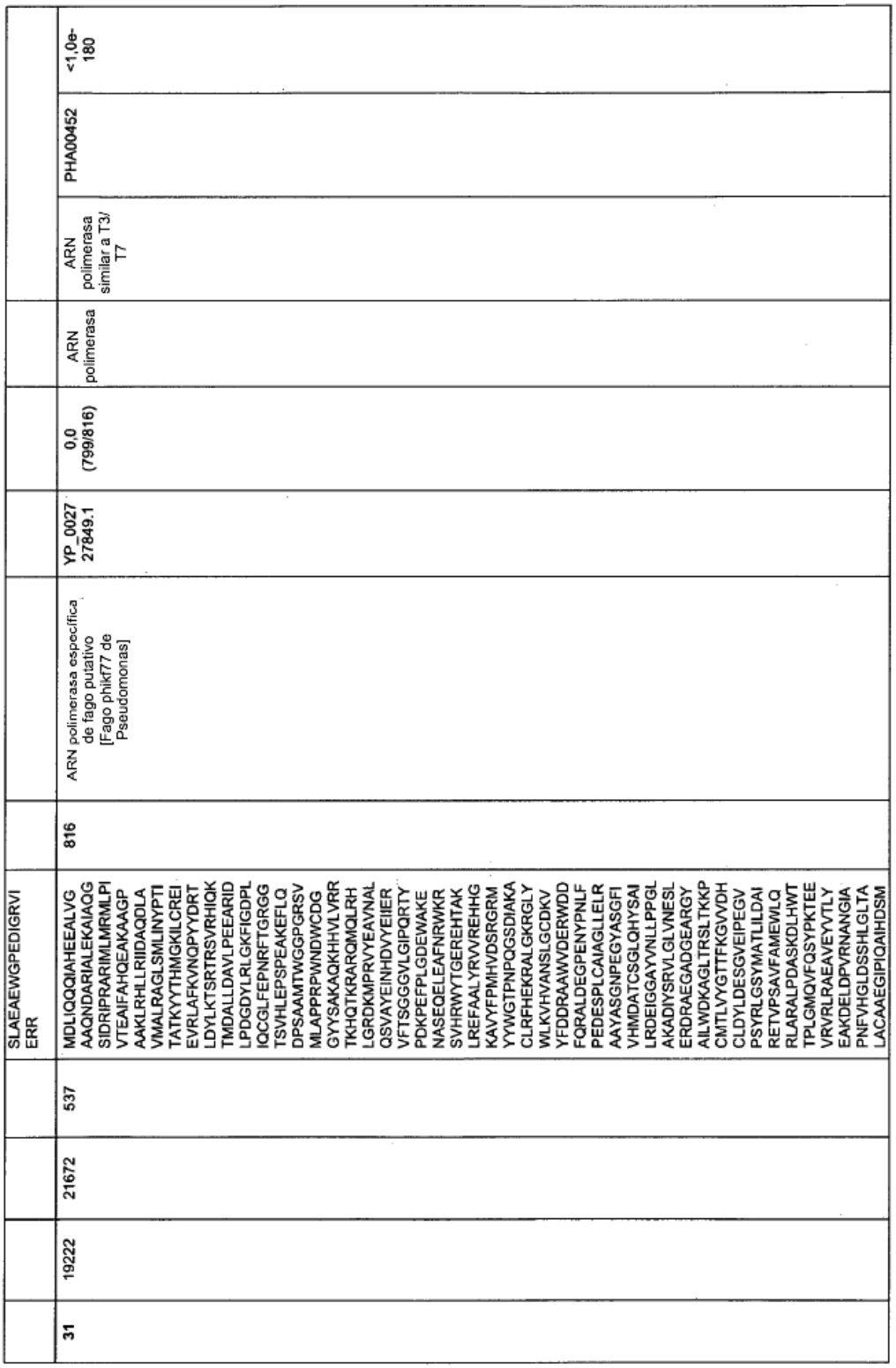
Fig. 8F

				VAEMGPNMFNMEVIQ											
24	14660	14971	530	VKELHPLHTPEFVKTFL DQTGCLPGVRRTGRT TGIALQAIGMALSHPRE TLTFVDHPDGSAAALV ASIETILATLGYKNVLVR PTTRADGRSVSIVFKTL PNA	103	Proteína hipotética PPphikF77_gp23 [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27842.1	2e-52 (102/103)		No se han detectado dominios putativos conservados					
25	15026	16075	531	MTQQLNALQAALALAN KAAETATIDMSETSTG GGGGRIFPAGTAMGR FCIYIELGDHAKEFQGK LKNPAPQIRLGFALWG DVNPQAGNPQSRPDD LFHTYEADGSIKPGLFR TFEMTLGNNEKSKTKL AFDKMNWSGQHTHFA QMLGQAFIIPIKRTKITK GNNAGKERNDIDWGGI MKPYNPVDGSPYNVP ELPMDLLQYFFFDAPT KETWDALYIEGTSDNG KSKNFLQETIRSATNFP GSALHIMLGGGDDLIIK PTSQAAGSNLPAVPNV AADAGVAAAPAVPAVP QAVAQTAPSVPQVANV AAPVVGTAEAQNVLPD VPQVAQTAAPAAVEVP AVPVVPAVPQV	349	Proteína hipotética PPLUZ19_gp21 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71965.1	0,0 (347/349)			Proteína hipotética	PHA02030	4e-138		
26	16075	17016	532	MRLPSEEFLAGLSAQF DRSMAGGTLVCDADG PAYVAAATAKTLDTAL RRFWKLILEQQFLAHC TGTRVHLTAAGGAKAY RDTYPTMKPYQGQRK GKAKPALLEPLRRAVA DVHERGGAPEGIDVIL HTFFEADDGMMMDAY AMQDKAIIRSDDKDLR MTIYPYWEIDTACVSRI EGGFGYLKEAYTPSGQ FKLKGHGRKFFLAQWL GGDTADNIRGIDRFNG KLCGMKTAFDILHPITD EDEAIDMILEAYAKIKQ NPLAEAEVLWMRRTPT DNAAQYLLSRDLRPAF	313	Exonucleasa 5'-3' [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71966.1	0,0 (313/313)	Exonucle-asa 5'-3'	53EXOc, exonucleasa 5'-3'		cd00008	0,006	

Fig. 8G

27	17006	17446	533	RQWIIELDAYHEALLQK RRESDYDE	146	ADN endonucleasa VII putativa [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27845.1	8e-81 (144/146)	ADN endonu-cleasa VII	Endonucleasa _7, endonucleasa VI de recombinación	pfam02945	8e-10
				MTSEPKVYQIPRSQQR TFTLKLWAEQNKLCPL CGKPIDISVKGEAVMD HDHETGLVRGVLHRSC NTAEGKITNAAGSWGC KSMKYSDIIPYLRALLT YLEGPKHPLIYPLHKTD EEKHEAKLAKRRQAAA KRKAAMAVAKHNARN V								
28	17443	18489	534	MSKLRKQFTNEYLRNV YVELGLKKGAEHLTEH SRFGEVSRQCFRNWCI KLGFHDSRTRGMYAK KGAMHWLGRKAAEVV RKFPGAVGNVVGQGP KVLSLDIETSPIEGWVW SLWKQNVGLNQIKRD WTILSFCAKWMHSDEV IYMDCQGDPLDDMHLL VALHKLLDEADIIIVQNG KRFDVPKINARFFLNK MPPPRPFKVIDTLIIAKQ QFAFTSRKLEYMTHKA CTIKKRLHGKFPGFDL WAACLQDNPEAWEEM RLYNIDDVRSMEELYIL MRPWFVGHPNVAVYF NDAEPTIRCPKCGDTD VKQEGWVHTQTGKYE HYHCGGCGGWSRGR YTRNTSEQRKALLSN	348	Proteína hipotética PPLUZ19_gp24 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71968.1	0.0 (346/348)	Actividad de enxonu-cleasa 3'-5'	DEDDy Exonucleasa, parte de la Superfamilia de exonucleasas similar a DnaQ (o DEED)	cd06126	3e-04
29	18499	18870	535	MSLAFPDSYESTITTEP YRKGASLEERKVGKLP MHLVVEGFPLLKRELA RMMQWAAEVKGYLPH DWKKMTVGEFKSAQH RHESKRLIDGPLDDES NLMHLVHEAFNAMAAA EVALMDREKGNE	123	Proteína hipotética PPLUZ19_gp25 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71969.1	2e-66 (123/123)		No se han detectado dominios putativos conservados		
30	18863	19213	536	MSKICWCTRPHETDEG VRVIWAFNERGIGVNY VTAYITPAMVSHRDWS DVILPDILREMAERLER EVKLVELRWFRAEILSC GEWRDYRAMTLEGAV	116	Proteína hipotética PPLUZ19_gp25.1 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71970.1	2e-60 (116/116)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 8H



			SLAEAEWGPEDIGRVI ERR									
31	19222	21672	MDLIQQQIAHEEALVG AAQNDARIALEKAIAQG SIDRIPRARIMLMRMLPI VTEAIFAHQEAKAAGP AAKLRHLLRIIDAQDLA VMALRAGLSMLINYPTI TATKYYTHMGKILCREI EVRLAFKVNQPYYDRT LDYLKTSRTRSVRHIQK TMDALLDAVLPEEARID LPDGDYLRLGKFIGDPL IQCGLFEPNRFTGRGG TSVHLEPSPEAKEFLQ DPSAAMTWGGPGRSV MLAPPRPWNDWCDG GYYSAKAQKHHVLVRR TKHQTKRARQMQLRH LGRDKMPRVYEAVNAL QSVAYEINHDVYEIER VFTSGGGVLGIPQRTY PDKPEFPLGDEWAKE NASEQELEAFNRWKR SVHRWYTGEREHTAK LREFAALYRVVREHHG KAVYFPMHVDSRGRM YYWGTPNPQGSDIAKA CLRFHEKRALGKRGLY WLKVHVANSLGCDKV YFDDRAAWVDERWDD FQRALDEGPENYPNLF PEDESPLCAIAGLLELR AAYASGNPEGYASGFI VHMDATCSGLQHYSAI LRDEIGGAYVNLLPPGL AKADIYSRVLGLVNESL ERDRAEGADGEARGY AILWDKAGLTRSLTKKP CMTLVYGTTFKGVVDH CLDYLDESGVEIPEGV PSYRLGSYMATLILDAI RETVPSAVFAMEWLQ RLARALPDASKDLHWT TPLGMQVFQSYPKTEE VRVRLRAEAVEYVTLY EAKDELDPVRNANGIA PNFVHGLDSSHLGLTA LACAAEGIPIQAIHDSM	816								
					ARN polimerasa especifica de fago putativo [Fago phikf77 de Pseudomonas]	YP_0027 27849.1	0,0 (799/816)	ARN polimerasa	ARN polimerasa similar a T3/ T7	PHA00452	<1,0e-180

Fig. 8I

				GTYAADVDRMHVHIRE QFIAMYSGPCVLVELA KQLGIEATPPRRGSLN LEAVRDSWAFFC									
32	21845	22096	538	MATMKTHRPTVMSPT VEGSRTGKGTARPVTF TSQQIEWLEQTFPEHQ IGPGTTMEDIQFQAGR RDVVRAVRLRRRRDAIA VELK	83	Proteína hipotética PPLUZ19_gp27 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71972.1	1e-40 (83/83)		No putative conserved domains have been detected			
33	22096	22569	539	MNKSIWRVHAKAGTPS ELQGLCWLAIQELEEF TLFRSKDDALNAMLDSI EGNDRTELLVFRDGQL AGGACIVFEDDPHVGP CVTAQWQYVLPRYRN TGVVREFIRELHRQAG WGQIPLVCWSHRESD SRYTIHYRRAKPYGQE SKEGAGQDHHRQTR	157	Proteína hipotética PPLUZ19_gp28 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71973.1	5e-88 (154/157)		Proteína hipotética	PHA01807	2e-70
34	22514	22810	540	MGKKVKKVLGKTIIGKL ADGLLGTDLSGAQSDA RKMEEQNRLMQQQAD QLARNQQVDLTAENVA QVDLGAMADATGTGT RRRRNQAGTGVSQTL GINY	98	Proteína hipotética PT2_gp34 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17813.1	2e-47 (98/98)		Proteína estructural putativa	PHA01808	8e-14

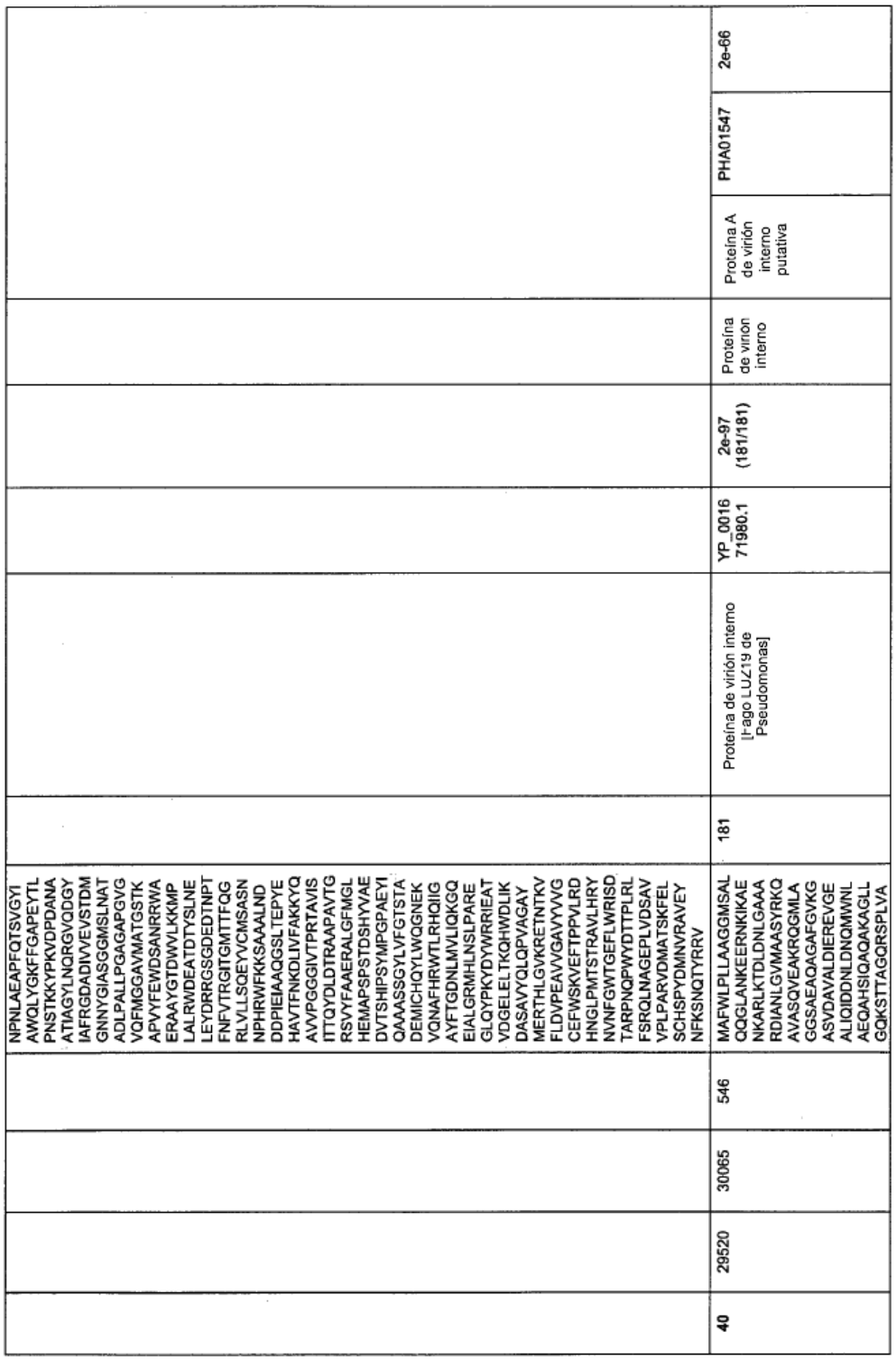
Fig. 8J

35	22822	24354	541	MKTTAAMLWEKLRDG SVESRAIEFAKTTLPYL MVDPMSGSRGVVEHD FQSAGALLVNNLAAKL ARSLFPTGIPFFRSELT DAIRREADSRDTDITEV TAALARVDRKATQRLF QNASLAVLTQVIKLLIVT GNALLYRDSAAATVVA WSLRSYAVRRDATGR WMDIVLKQRYKSKDLD EEYKQDLMRAGRNLS GSGSVDLYTHVQRKK GTAMEYAELYHEIDGV RVGKEGRVWPIHLCPYI VPTWNLAPGEHYGRG HVEDYIGDFAKLSLLSE KLGLYELESLEVLNLVD EAKGAVVDDYQDAEM GDYVPGGAEAVRAYE RGDYNKMAAIQQSLQA VVVRLNQAFMYGANQ RDAERVTAEEVRITAE EAENTLGGTYSLLAEN LQSPLAYVCLSEVDDA LLQGLITKQHKPAIETG LPALSRSAAVQSMLNA SQVIAGLAPIAQLDPRI SLPKMMDTIWAAFSVD TSQFYKSADELEAEAE QQRQQAAQAQAAQET LLEGASDMTNALAGV	510	Proteína conector cabeza-cola [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71975.1	0,0 (510/510)	Proteína conector cabeza-cola	Con. cabeza-cola, proteína que conecta cabeza a cola de bacteriófa-go	pfam12236	5e-103
36	24358	25326	542	MTQPNDQQLPPGLAN LVANVPPAAAPTPSHV QVLPNPVIQPQAPVQP GQVGAPQQLAIPTQQP QPVPTSAMTPHYQPVA VPVAGQPVVPQAPAQ PAPVAPPAAGAVLPEN LEVPPPPAFTPNGEIVG TLAGNLEGDPQLAPSIS YLEAFSDKLDTVRAFG KAAENRDPRFIDEHYL KEVLGPAQAQHVINVA KGVLTYVDAQTKAVLN QTYAAVGGEAVLKQAA GVFNQHADPATKAAIG RLMDSGDAQAMQYAA KQIVAFAQGSGAVVQA TGQPLGAAAPALAALS	322	Proteína hipotética. PT2_gp37 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17816.1	4e-174 (316/322)	Proteína de andamio	Proteína de andamio putativa	PHA01929	2e-92

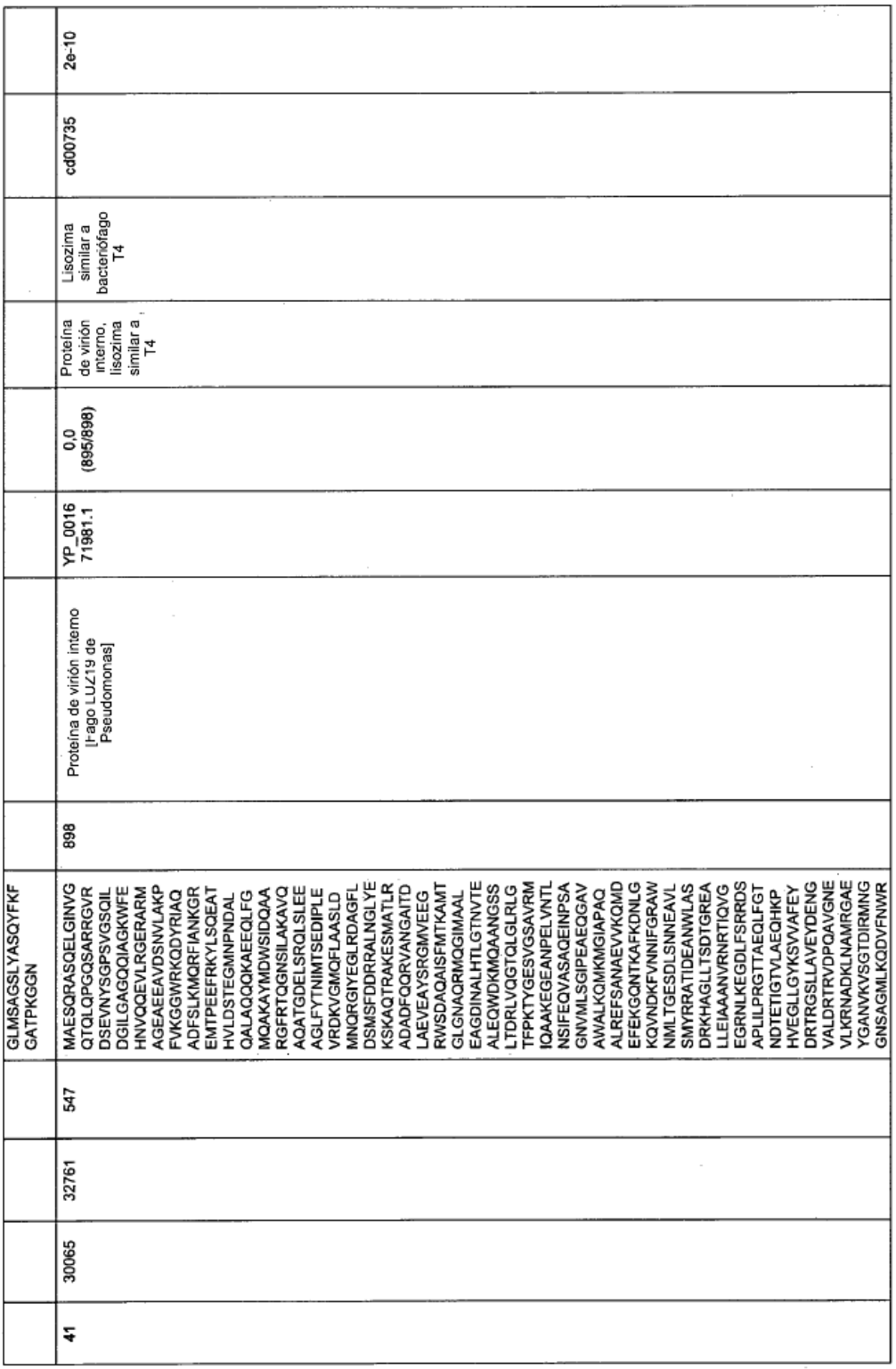
Fig. 8K

37	25379	26386	543	AEQYRLEVSKLPLNAS EAEMAALRERRKAGM AQGI	335	Proteína de cápside mayor [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71977.1	0,0 (335/335)	Proteína de cápside mayor	Proteína de cápside	PHA02004	3e-177
38	26483	27037	544	MLLLDAVNVILRKIGEL PIPSMDETYPTMAIALP ELEDQRIQLLTQGWWF NTWWKHKLTPDPQGR INLPKDTLAFYPDSPDL QWDGLGVRDANTGDD RIGKSVEGRLVLSREW DRIPEIAQRVIAHDAAL AVYTHEIGPDETAQVIA QELQAYQNELSRMHT RSRPLNTQAKRSFSR WRRSLRT	184	Proteína A tubular de cola putativa [Fago LDK16 de Pseudomonas]	YP_0015 22825.1	2e-102 (183/184)	Proteína A tubular de cola	Proteína A tubular de cola	PHA00428	7e-66
39	27040	29520	545	MSYKQSAYPNLLMGV SQQVPFERLPGQLSEQ INMVSDPVSGLRRRSG IELMAHLLHTDQPWPR PFLYHTNLGGRSIAML VAQHRGELYLFDERDG RLLMGQPLAHDYLKAD DYRQLRAATVADDLFIA NLSVKPEADRTDVKGV DPNKAGWLYIKAGQYS KAFSMTIKVKDNATGT TYSHTATYVTPDNAST	826	Proteína B tubular de cola [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71979.1	0,0 (821/826)	Proteína B tubular de cola	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 8L



| | | |



41	30065	32761	547	GLMSAGSLYASQYFKF GATPKGGN	898	Proteína de virión interno [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71981.1	0,0 (895/898)	Proteína de virión interno, lisozima similar a T4	Lisozima similar a bacteriófago T4	cd00735	2e-10
				MAESQRASQELGINVG								
				QTQLQPGQSARRGVR								
				DSEVNYSGPSVGSQIL								
				DGILGAGQQIAGKWFE								
				HNVQQEVLRGERARM								
				AGEAEEAVDSNVLAKP								
				FVKGGWRKQDYRIAQ								
				ADFSLKMQRFIANKGR								
				EMTPEEFRKYLSQEAT								
				HVLDSTEGMNPNDAL								
				QALAQQQKAEEQLFG								
				MQAKAYMDWSIDQAA								
				RGFRTQGNSILAKAVQ								
				AQATGDELSRQLSLEE								
				AGLFYTNIMTSEDIPLE								
				VRDKVGMQFLAASLD								
				MNQRGIYEGLRDAGFL								
				DSMSFDDRRALNGLYE								
				KSKAQTRAKESMATLR								
				ADADFQQRVANGAITD								
				LAEVEAYSRGMVEEG								
				RWSDAQAISFMTKAMT								
				GLGNAQRMQGIMAAL								
				EAGDINALHTLGTNVTE								
				ALEQWDKMQAANGSS								
				LTDRLVQGTQLGLRLG								
				TFPKTYGESVGSAVRM								
				IQAAKEGEANPELVNTL								
				NSIFEQVASAQEINPSA								
				GNVMLSGIPEAEQGAV								
				AWALKQMKMGIAPAQ								
				ALREFSANAEVVKQMD								
				EFEKGQNTKAFKDNLG								
				KQVNDKFVNNIFGRAW								
				NMLTGESDLSNNEAVL								
				SMYRRATIDEANWLAS								
				DRKHAGLLTSDTGREA								
				LLEIAAANVRNRTIQVG								
				EGRNLKEGDLFSRRDS								
				APLILPRGTTAEQLFGT								
				NDTETIGTVLAEQHKP								
				HVEGLLGYKSVVAFEY								
				DRTRGSLLAVEYDENG								
				VALDRTRVDPQAVGNE								
				VLKRNADKLNAMRGAE								
				YGANVKVSGTDIRMNG								
				GNSAGMLKQDVFNWR								

Fig. 8N

			KELAQFEAYRGEAYKD ADGYSVGLGHYLGSG NAGAGTTVTPEQAAQ WFAEDTDRALDQGVR LADELGVTNNASILGLA GMAFQMGEGRARQFR NTFQAIKDRNKEAFEA GVRNSKWYTQTPNRA EAFIKRMAPHFDTPSQI GVDWYSAATAE								
42	32765	36778	548	MAKQFKGRMTPKYPL DQVQLDEAQVQGQLD AVPTVGFDALTGGEIG ERNVAAGQRANAREL ERIVADQELPALDRAS ALWNQSTLVGRWVDA LQLDADLAANSTGEVD PNFDAGTYGVQALQAA GIQPTDNYLQIMARAG NAEDAAYLLSRIQRYE QDEQIVRDNPYWNFAV GMLDPAALAVDAVTFG AGRALRLGRAGMAAA GGAGQVGYVAGLDAA GADVDAGTYIVAGALG AGVGALLGSGAGRIAA EAPTQPHVPEVSAPTV GLPEVAMTAEEAAARG FKAGDVVDLLDEGTVL SRVSARVEQAEIPAIPR RDTAFGDELHSLSGRK LSEVLDHIKTHAEVPKP LQGIAAKVADTIRTLEG LGQRTAFRVVQGGDT ASSAFLKPGTAGIHST QGLDTLVQVRGSTAPG RVGTNPVTVLHEAVHA ATVGVMNAALRNPGA MSPKVAQAMQTLENV RGNVLNALKQDRAAG RQLSEFEETLLAGNSN TLANVKELVAWGLTDT RFQRTLNRLRYSDGGP GLWSRFVEGIRTLLGL RSDADTALSRVLAASE TIMEAMPGYTKAQAKW ANKGAPVTEEASLETIV RSTRERAREGAGFVN RFFSEADLLAQPGEGA RRLLSRLIDDPVRRDG	1337	Proteína de virión interno [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_001671982.1	0,0 (1327/1337)	Proteína de virión interno	Proteína de virión	PHA02006	<1,0e-180

Fig. 8O

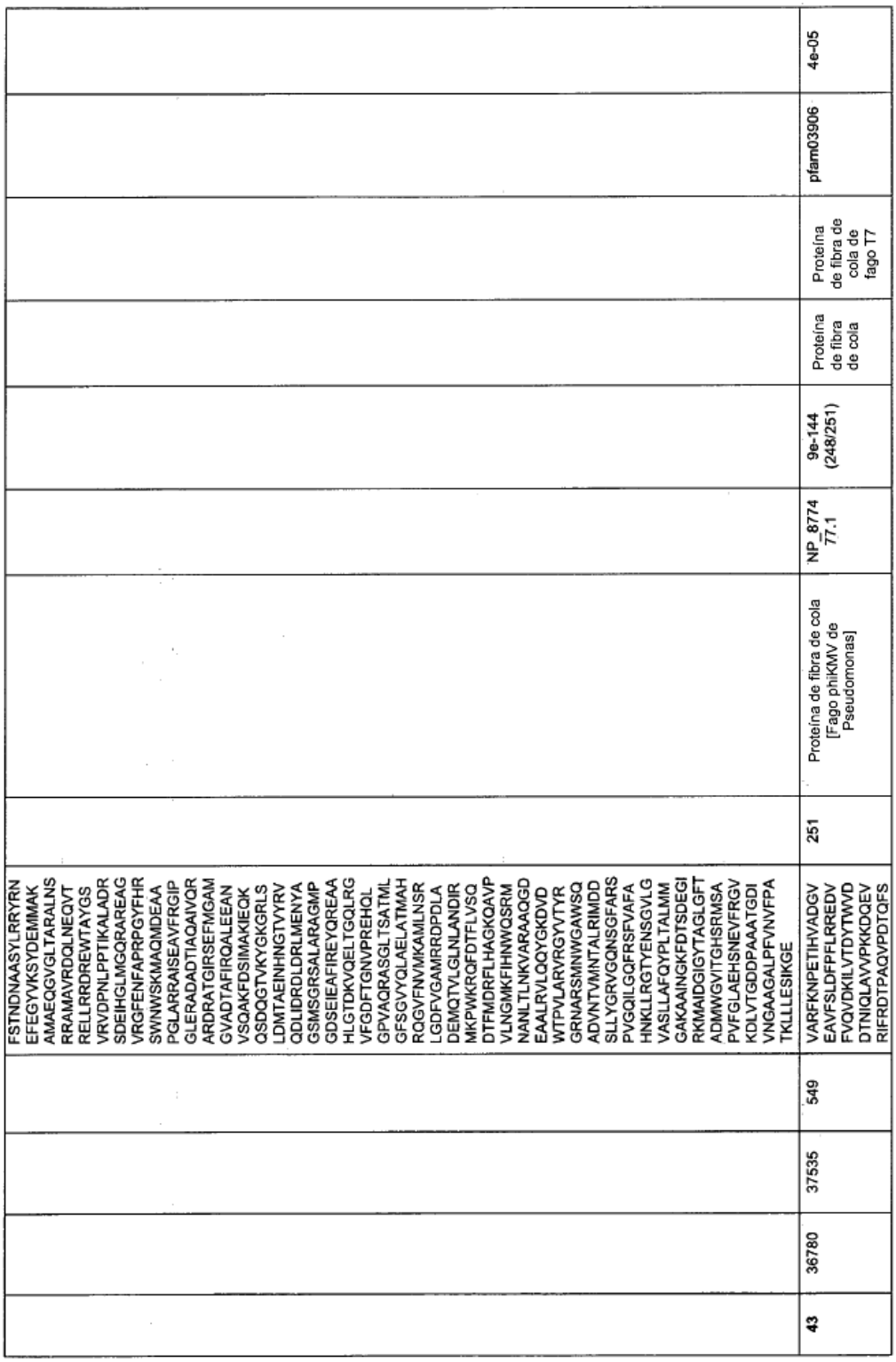
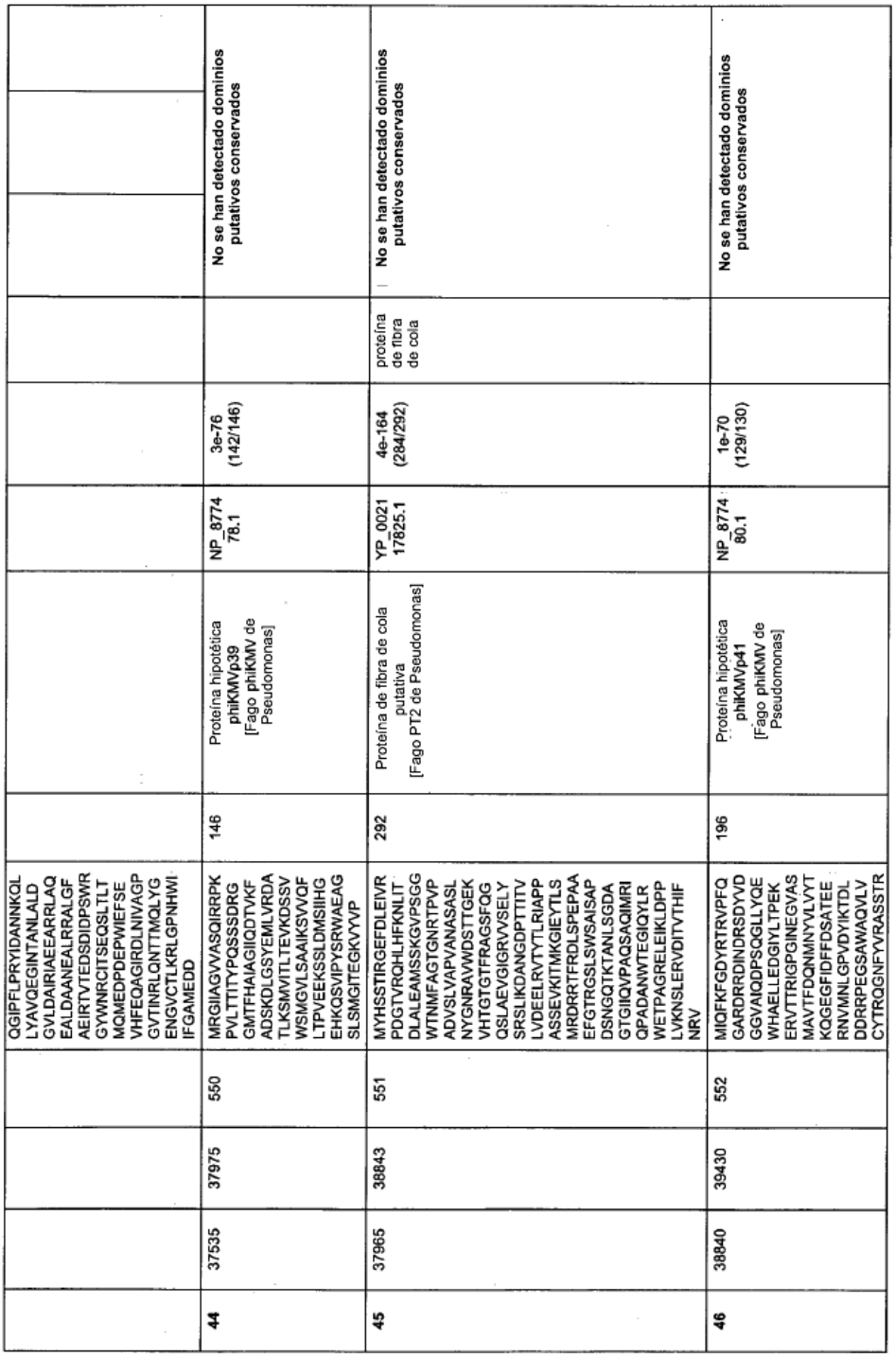

43
36780
37535
549
FSTNDNAASYLRRYRN
EFEGYVKSYDEMMAK
AMAEQGVGLTARALNS
RRAMAVRDQLNEQVT
RELLRRDREWTAYGS
VRVDPNLPPTIKALADR
SDEIHGLMGQRAREAG
VRGFENFAPRPGYFHR
SWNWSKMAQMDEAA
PGLARRAISEAVFRGIP
GLERADADTIAQAIVQR
ARDRATGIRSEFMGAM
GVADTAFIRQALEEAN
VSQAKFDSIMAKIEQK
QSDQGTVKYGKGRLS
LDMTAEINHNGTVYRV
QDLIDRDLDRLMENYA
GSMSGRSALARAGMP
GDSEIEAFIREYQREAA
HLGTDKVQELTGQLRG
VFGDFTGNVPREHQL
GPVAQRASGLTSATML
GFSGVYQLAELATMAH
RQGVFNVMKAMLNSR
LGDFVGAMRRDPDLA
DEMQTVLGLNLANDIR
MKPWKRQFDTFLVSQ
DTFMDRFLHAGKQAVP
VLNGMKFIHNWQSRM
NANLTLNKVARAAQGD
EAALRVLQQYGKDVD
WTPVLARVRGYVTYR
GRNARSMNWGAWSQ
ADVNTVMNTALRIMDD
SLLYGRVGQNSGFARS
PVGQILGQFRSFVAFA
HNKLLRGTYENSGVLG
VASLLAFQYPLTALMM
GAKAAINGKFDTSDEGI
RKMAIDGIGYTAGLGFT
ADMWGVITGHSRMSA
PVFGLAEHSNEVFRGV
KDLVTGDDPAAATGDI
VNGAAGALPFVNVFPA
TKLLLESIKGE
VARFKNPETIHVADGV
EAVFSLDFPFLRREDV
FVQVDKILVTDYTWVD
DTNIQLAVVPKKDQEV
RIFRDTPAQVPDTQFS
251
Proteína de fibra de cola [Fago phiKMV de Pseudomonas]
NP_877477.1
9e-144 (248/251)
Proteína de fibra de cola
Proteína de fibra de cola de fago T7
pfam03906
4e-05

Fig. 8P



				QGIPFLPRYIDANNKQL LYAVQEGINTANLALD GVLDAIRIAEEARRLAQ EALDAANEALRRALGF AEIRTVTEDSDIDPSWR GYWNRCITSEQSLTLT MQMEDPDEPWIEFSE VHFEQAGIRDLNVAGP GVTINRLQNTTMQLYG ENGVCTLKRLGPNHWI IFGAMEDD							
44	37535	37975	550	MRGIIAGVVASQIRRPK PVLTTITYPQSSSDRG GMTFHAIAGIIQDTVKF ADSKDLGSYEMLVRDA TLKSMVITLTEVKDSSV WSMGVLSAAIKSVVQF LTPVEEKSSLDMSIIHG EHKQSVIPYSRWAEAG SLSMGITEGKVYVP	146	Proteína hipotética phiKMVp39 [Fago phiKMV de Pseudomonas]	NP_8774 78.1	3e-76 (142/146)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
45	37965	38843	551	MYHSSTIRGEFDLEIVR PDGTVRQHLHFKNLIT DLALEAMSSKGVPSGG WTNMFAGTGNRTPVP ADVSLVAPVANASASL NYGNRAVWDSTTGEK VHTGTGTFRAGSFQG QSLAEVGIGRVVSELY SRSLIKDANGDPTTITV LVDEELRVTYTLRIAPP ASSEVKITMKGIEYTLS MRDRRTFRDLSPEPAA EFGTRGSLSWSAISAP DSNGQTKTANLSGDA GTGIIQVPAQSAQIMRI QPADANWTEGIQYLR WETPAGRELEIKLDPP LVKNSLERVDITVTHIF NRV	292	Proteína de fibra de cola putativa [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17825.1	4e-164 (284/292)	proteína de fibra de cola		**No se han detectado dominios putativos conservados**
46	38840	39430	552	MIQFKFGDYRTRVPFQ GARDRRDINDRSDYVD GGVAIQDPSQGLLYQE WHAELLEDGIYLTPEK ERVTTRIGPGINEGVAS MAVTFDQNMNYVLVYT KQGEGFIDFFDSATEE RNVMNLGPVDYIKTDL DDRRPEGSAWAQVLV CYTRQGNFYVRASSTR	196	Proteína hipotética phiKMVp41 [Fago phiKMV de Pseudomonas]	NP_8774 80.1	1e-70 (129/130)			**No se han detectado dominios putativos conservados**

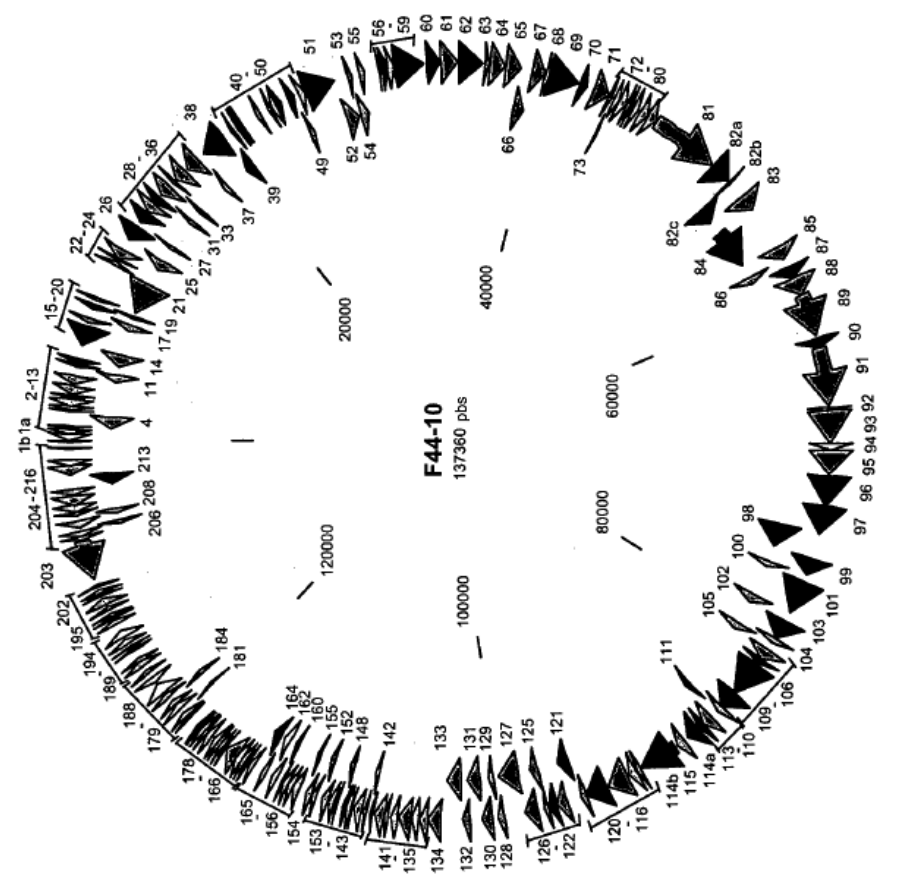
Fig. 8Q

				FTEEELIVGTGKVTRPI VKCGMAANWRFQVLF RGRM									
47	39430	39735	553	MSKKQTASAERLGLLH ELVCTAIERNFKWYMD NDIPIPASDIAAATKFLK DNEITCDPSDTINIDRL REEMRQAQAENRRIAL EGFIAGETDDEMERLY TH	101	Subunidad pequeña de terminasa [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71987.1	2e-53 (101/101)	Subunidad pequeña de termina-sa	Proteína hipotética	PHA02046	9e-36
48	39745	41550	554	MTPQERFQIAHEVRDM YPRFRDFCLDAMLFLG FKMTWMQLDIADFMQ DSPNKAMVAAQRGEA KSTIACIYVVWCITQNP ATRAMLVSGSGDKAEE NGQLITKLIMHWDLLAY LRPEARMGDRTSATSF DVNWALKGVEKSASIN CIGITAALQGYRADILIP DDIETTKNGLTATERAK LTRQSQEFTSICTHGKI LYLGTPQSRESIYNGLP ARGFLMRIWPGRFPTL DEQERYGDWLAPSILA RIARLEEKGHNPRTGK GLDGTRGWAADPQRY NEEDLLDKELDQGPEG FQLQYMLDTSLADEQR MQLKLRDLLFIDATHES VPEQVAWAADERFKLK FDAHRFPVIKPELYLPA LMAGGWAPLQQMTMF VDPAGDGGDELSYAV GGTLGPYIHVVSIGGW KGGFAEENLEKCIALAA RYGVKVIYVEKNLGAG AVGQLFRNHMRSIDPD TNKPRYEGIGVEDRQK SGQKERRIIDTLRPIMQ RHRLIFHVSAMDSDHV ACQQYPADKRNERSV FHQIHNITTDRGSLPKD DRIDALEGLVRELAPTL VKDDEAATRAREEAAK KEWLNNPMGYTKSVL RSLGMGRERRKGRPK GRRL	601	ADN maturasa B putativa [Fago PT5 de Pseudomonas]	YP_0021 17769.1	0,0 (597/601)	ADN maturasa B	No se han detectado dominios putativos conservados		
49	41547	41747	555	MMLDTATEAGKGTLAV	66	Holina	YP_0016	2e-29	Holina	No se han detectado dominios		

Fig. 8R

				TGVGIAVYSPYEIASLC AAVLTALYVGAQLITLL PKMLDSIAELRRRFKK		[Fago LUZ19 de Pseudomonas]	71989.1	(66/66)		putativos conservados			
50	41744	42226	556	VNKPLRGAALAAALAG LVALEGSETTAYRDIAG VPTICSGTTAGVKMGD KATPEQCYQMTLKDY QRFERIVLDAIKVPLNV NEQTALTFFCYNVGPV CTTSTAFKRFNQGRAT EGCQALAMWNKVTIN GQKVVSKGLVNRRNA EIKQCLEPSSQYSSLL W	160	Endolisina [Fago LUZ de Pseudomonas]	YP_0016 71990.1	2e-89 (159/160)	endolisina	Endolisina_ autolisina	cd00737	5e-34
51	42184	42513	557	MPRTIVAILVLAVVALG ASYGFVQSYRALGIAQ EEIKRQTARAEALEVR YATLQRHVKEVAARTN TQRQEVDRALDQNRP WADRPVPAAVVDSLC NRPGARCAVRTPTD	109	Proteína Rz [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71991.1	2e-55 (108/109)	proteína similar a lambda Rz1	Proteína similar a lambda Rz1 de fago	PHA020 47	3e-32	
52	42603	42917	558	MANTREQYLAGRNTG LTFYQVCQPGTDNRIA LHDMDEADVKAKATAV IAAATALGGEGGATPP DPLTAYKVKNGDTLPV DGGGSVKVTVANGAIT KVVYTAPAG	104	Proteína hipotética PT2_gp53 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17832.1	2e-52 (104/104)		No se han detectado dominios putativos conservados			
53	42967	43212	559	MATFAAATQKDLRAFA GAIENLIRPLEEAALGS GFTEVITITTKGTDGNET RTSERKVRPELVANLD ALMAAVETAKAAVYK	81	Proteína de partícula de fago [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71994.1	1e-36 (79/81)	proteína de partícula de fago	No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 8S



orf	Función putativa
12	proteína MbpP de membrana
13	proteína MbpR de membrana
15	ATPasa
18	pirofosfohidrolasa
23	proteína de unión a peptidoglicano
26	ADN ligasa
28	ATPasa
30	ribonucleasa
33	proteína de unión a ADN
38	endolisina
39	holina
41	ARNt 4-Trp
42	ARNt 3-Phe
43	ARNt 2-ASP
47	proteína MbpC de membrana
48	proteína MbpD de membrana
51	subunidad grande de terminasa
57	proteína MbpE de membrana
59	portal-proteína
60	proteasa de procabeza
62	proteína de cápside
69	proteína de la vaina de cola mayor
70	proteína de cápside
82a,b,c	cola de lisina

orf	Función putativa
84	glicerofosforil diéster fosfodiesterasa
87	proteína de placa base
90	proteína estructural de placa base
96	helicasa
97	proteína reguladora de transcripción
98	helicasa
99	exonucleasa
101	exonucleasa
103	ADN primasa
107	proteína de ribonucleótido reductasa
108	subunidad grande de ribonucleótido reductasa
109	subunidad menor de ribonucleótido reductasa
111	proteína similar a tiorredoxina
113	proteína de unión/plegamiento de ADN
114a,b	ADN polimerasa
119	proteína de reparación de ADN
121	factor sigma
123	proteína de cola mayor
149	proteína MbpK de membrana
164	Fosfoesterasa o fosfohidrolasa
213	Fosfatasa
216	ARNt1-Met

Fig. 9

Tabla 9 - Características de los productos del gen fago F44/10 y asignación funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1a	467	1	561	MKKIYILEEEIEEMDYDLWEEDT VYTTSYEVLGYTDSLEDAEYIK NNYGTSNPIFINEYPYLTKDKLI EEQRYYRYNSAIELKRVDGYFE VYENDLNVTECFSINKDDISFD CPFSIDMFSSDRNSIFIEFMMY SEYDNKKDTIEKEKNSFLMK	155	Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024439.1	2e-62 (131/155)		PHA02241, hypothetical protein	PHA022 41	8.06e-17
2	689	471	562	MKKIINFLVDYNINFSYSEDSLN VMGNSYLVDKHGTQDYEIIGNY GHITGVFSYQTEEEVIAKLKNLI GVWE	72	ORF201 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241058.1	3e-31 (68/72)		No se han detectado dominios putativos conservados		
3	884	690	563	MRDKRIHSELLYNIIGKHIQEEE NITPYIEAIYVDIMNIIVEYTFYN ENGTRMLGQYPIGEVM	64	ORF218 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241059.1	7e-28 (62/64)		No se han detectado dominios putativos conservados		
4	1611	874	564	MNLEKSFLLSTIEFGSTYQGTS DEYSDKDYMSLVVQPLSDTIFR NSEKASKHTEVSRYYAVERFIS LVLKSGFDNVLNLCAQILEQAKN TRFNKTVLDLFYDDFIFLTYVRA NFKPIAYSVIGNINNILKKEELAG KDLVKFYTFYNHLEYYNDLLDD LDNLNVSYKDFAKVKYMPKEVL DNKRSNVSIENKKDLVTKVEPLI QEVKDKLKSNESNIKHYKDAM ELVEKSLKDKTVSFLTEVYNER	245	Proteína hipotética KgORF9 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024440.1	1e-124 (238/245)		No se han detectado dominios putativos conservados		
5	1778	1674	565	MKYILGLITLGVILFKIYEYFKYIQ DEVDTTEDI	34	ORF437 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241061.1	9e-08 (29/34)		No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2027	1800	566	MDFYQFLNHENVRVNSITPSQ KNFIRENIDYTNLDTVDIDFMNS KQAKKEIEKIIRTKNEEEYDMA MDALSGWEG	75	gp ORF020 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89011.1	4e-29 (61/73)		No se han detectado dominios putativos conservados		
7	2415	2029	567	MFGKAPEHIMEIIDKEDNILGED LTLNIDYKGINLTVKRHPHSGHL NGYINVPTNITKEQFNSIEDCSH GGITYDEHEGDYRVLGFDCAH YSDMTPYAVISFSDSYYRDLKY VLNTLKDMADCLKEGE	128	gp ORF021 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89012.1	4e-39 (79/130)		No se han detectado dominios putativos conservados		
8	2685	2512	568	MEKVNHEFLAELAKSNSPVLNS	57	ORF245	YP_241064.1	3e-26		No se han detectado dominios		

Fig. 10A

				KPLQDGDYNIEFDYDGFHFEFS QKNGYWQWKYNAK		[Fago G1 de Staphylococcus]		(55/57)		putativos conservados		
9	3208	2726	569	MANEKELIRMVNYLIDNMSMW HINYARAVLIPSEVEKIIKEHEKF DDLLKKRGEWLVKGSDTDNID DLETYNQIMNNQKDEMMIQEID IYTQGKTIKVDNKHYSSNELNE VINKIEQSEDIKISNYKLLCIDY TKVIGYEVTYASSYEEKFKNDL EKDL	160	Proteína hipotética KgORF11 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024442.1	5e-78 (144/160)		PHA0224, Proteína hipotética	PHA022 43	5.15e-24
10	3800	3258	570	MDRIIGKHNLTQDLRLGDKVEV YDAHKFKENEDGTIELGDKVTE GIVVDYKGDFTGNTSGLVTLDS SEEELIIGEHNFKLIEEGNLQAV YDSVSKNKVESLSEDYDMYRK LLGVKSGELEDISYELERLIMEY NKKVDNYNGLLTLSKEKARELS LLTGDRKMIPHMKNKRLELGTE ADF	180	Proteína hipotética KgORF12 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024443.1	1e-188 (166/180)		No se han detectado dominios putativos conservados		
11	4333	3800	571	MVYDSIISRTMAVSILNKWIAELI TDVDLDKCKFTEEEYGKVVTN SINKIQDVLIEKNYEVTDGELYDI VCTELINPIKNNTEEEKHNEKN DLLEHLEDLAFRHDIDLGYVSD GSYNLTVTHWLMQDEFTDVNI KVNKDEDFYTITIPESKYFWLPI TKENLEMFLTQDPINKGEIE	177	Proteína hipotética KgORF13 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024444.1	1e-95 (173/177)		No se han detectado dominios putativos conservados		
12	4500	4336	572	MKNLIKFLSMVVTILTFSLTYVI LKKETNNKRNGVAPFDFSLED HIHLNKEIK	54	Proteína MbpP de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89017.1	5e-20 (50/54)	Proteína MbpP de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
13	4781	4503	573	MVNNIWAVVLSIIILLILLLWFLF RKKVNGGSSKNVEIQKAEEGN DNKEQEVEEAQYRELNEEEEKE KNENSSKDYKYDKEKVKNKLK ELE	92	Proteína MbpR de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89018.1	5e-24 (89/92)	Proteína MbpR de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
14	5626	4781	574	MGRRLIDNSELNVIKYDGLPDF FSALKKNRVSGRENSSDTGSY DFTGTHSFQEAYNLMVKGDRE SYDMVVKLKKMTDALFRMDKS VKRKPVVAPEGYQPHVPNAIK GLPNSMMSQQRVKAEKKVIDV FYNSSISWMEDPENLAYRGAIM LSAIQTLETKGYSINLYLGKLSN SEYENKLTGFVVNIKHSYQRLN VFKSSFYLVNPSFLRRISFRVLE	281	Proteína hipotética KgORF14 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024445.1	5e-160 (277/281)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 10B

15	6756	5638	575	VEPDMVDLTNHGYGSVVSKSS YGNKLTEHILDNAVIFDSSIGIDI NNDSSENLRAVKKLFGGRL	372	ORF15 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024446.1	2e-109 (193/194)	ATPasa	Proteína similar a ATPasa	PHA022 44		2.63e-175	
16	7233	6907	576	VSKRTDNFIYFCKYYFSEYLPS LGVEVLNHNETSHGTMEGVRK YYIANILYEGQELTVTIDLEEFN NATSMHNMLEIMNSHTYNCMF MYDMDTHGTKDIDDFFKLMYF	108	ORF134 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241072.1	3e-55 (105/108)		No se han detectado dominios putativos conservados				
17	7642	7226	577	MNAKEFMKTQAQVEDYLDKLK VTIIEDALSVSKEWSNDSNDLG YALSSLGESIGLLEDYYNIQVDA HLPEHYKGSKDVISFLEEHFSY DGFVDSMIFNIVKYTTRLGRKD AVDKEVQKIKTYYVRLERNIKY GDSTRV	138	Proteína hipotética KgORF16 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024447.1	2e-74 (138/138)		No se han detectado dominios putativos conservados				
18	8077	7775	578	MEKVELIKQWAKDRNLQTGKP EGQMLKLLEEAGELASGIAKSN DHVTRDSVGDIFVVLTVLCLQL DIDIEECIDMAYDEIKERKGKLIN GVFVKEEDLKK	100	Proteína hipotética KgORF17 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024448.1	2e-49 (99/100)	Pirofosfo-hidrolasa	MazG	pfam03819	4.19e-03		
19	8265	8077	579	MEKFQEDYVNIDIRVKAYVRVG YRYEEDITNNLHELVEDNLNVT SDSDNLIIKDTEIKGDIE	62	ORF228 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241075.1	2e-26 (62/62)		No se han detectado dominios putativos conservados				
20	8470	8309	580	MVKPVITLEPEDVKVLLDYLSFL EDDMRNYEGMRELYEELHKKY QLAKGNYSD	53	ORF259 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241076.1	3e-22 (53/53)		No se han detectado dominios putativos conservados				
21	10518	8470	581	MAITYKQKGLTEQEIINLPKVNK GCIYIGEEDVFLKKKKNNIINLG	682	Proteína hipotética KgORF18	YP_024449.1	0,0 (639/682)		No se han detectado dominios putativos conservados				

Fig. 10C

			SKELFRDIHNIFSFDTATEIHLFL ALCGNKEVTNFEGDPYETVEK LVEGVGNNKGRNYKEYIEADR GERKDFPLYGSRRRKQIQSKG YVEEKIKELENENRLWGYEAR QLDEYKEAVDSLNNDIMDVLD QGKYVLINSSIIVMNEDIEKGSS EYYKEMSDSLYSRVWYMHPST ENNSSFGLKVRHIRDKHNMGN KWVLENKSSFDVKTGAVKVFL TDSLVNKEIALNLYKDDISKSEY KNELTLSVLLNVILKNYSQPNLN RGIIIKIIEQTLEHHNFDFSSWCP DNIDVYGHINYRGDKYRIFIGEN STSNYLITLTDIVKNIDKINNLEE FGLFERNALLFHIPKNPKWKVH EAFNLTKQTYKKLLTLNKFEQG NYLRFANTLYKNYNHLHNEVNL HQLFDDTFLMVRDSRDVTNAL KVKPIVNEILSISFANYKKMTHY LDYDAQDRQRITGYALDNYYLD YLHDLSILIREGYRTLESVNLTP FSLKLEHDIVTDEKQSIQQQLD DAELKAKYDNKLEKIIDKTYKLK DGRKVKFLPADTVSKLKDEGK MLSHCVGGYANRILKNSCLILL ARLEEDLDNSWFTVEIRITDNG YVLGQQQSIDAYKLPNELKEAL EKDIKKINKEEFKEVA	87	gp ORF038 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89029.1	8e-41 (85/87)		No se han detectado dominios putativos conservados			
22	10596	10859	582												
			MSIEKKEEIIAHNEVVFRSLTQG LYVKEVDIYSDVVSYTKDVDEA LAMPNTINFKNSRKYEKLIRNLD LEPLNKIQKVIYETHLEEL	57	gp ORF039 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89030.1	9e-24 (56/57)	Proteína de unión a peptidoglicano	LysM	pfam01476	5.26e-06
23	11049	10876	583												
			LNDLIKEGNKYYHKVRAGETLW TISKNYDVEIKKLQELNNIKSVS LTNLEYVLVCVE	192	gp ORF040 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89031.1	13-93 (183/192)		PHA02246, Proteína hipotética	PHA02246	6.35e-42
24	11634	11056	584												
			MDNLSHYLSILYAILVTVGYIPG LIALVKSDSVKGVSSYFWYLIVA TVGISFYNLLLLTDATMFQVVSV GLNLTLGIVCLLVASYRKKDYF SIPFIIVFSLLLFLLSDFTALTQTV ATITIILAYVTQITTFYKTKSAEG TNRFLFLIIGLGLASLIVSMVLTH TYVHIIATEFVNFVLILICYLQAN YYSRR	207	Proteína hipotética KgORF20	YP_024451.1	6e-92		No se han detectado dominios		
25	12250	11627	585												
			MVNKIKDKVIYMGGHILNEAMV DYRDKQHKEVDGIVGVTPYSP												

Fig. 10D

				HKDKSINDKANAEQTKLAERILT NDFKAMQESDIFVFDVLNEGLG TIAELGILLGMKHQAQETIKQLK EQSELFKFNEIDELSETYDILQG QIGEQEYILKKPVLIYCSDIRQG HGKPYNDPDRAEFSTNQFVYG MVLELTNGEGFISWEEVTNRLE KLGEQDG	[Fago K de Staphylococcus]		(172/209)			putativos conservados		
26	13139	12243	586	MKSYTKVKNKGIVLDKFKERGL VVQEKLDGSNASFTVENGELV CFSRRKKLNENETLNGFYDWV HENINVRNTYVSALEKYIIFGEW LVKHKIQYKEEFYNNFYVFDVY DKENEVYLSIEDMNVIAHHLGL KTVKTLLVAKPSHYLNDLKPEEI QELVGKSDMTVKPDKGEGIVIK YLDGKSEYDDYFKLVSNEFKEF SRQKMKTEVKKNESVADYAITR ARMEKMIFRAIEEDRLSEDDLE LENFGLIMKQVGQNFVDDIMEE EKENILKIVDKQIKKKMPHILREI LEEKGDTIDG	298	ADN ligasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024452.1	5e-169 (296/298)	ADN ligasa	ADN ligasa dependiente de ATP	COG1423	9.05e-03
27	13363	13139	587	MNYLAKVFINNNWLVKLITIVLL TLFLSGLVYVISAISLFLSTVLNL PGLVVLAFLASVSLILFSIVHNS KEDN	74	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados				
28	14172	13432	588	MAIQLKELDFKLKDYPNVRYNM GEHLIFNEFLEKATTEQLDFCE DFFNDNVEILWNESQAGTGKT MCSVACAYADYLNKNRKLVFII SPVSEDLGSRPGNQTEKEMAY FMGLHDALIELNMNPEQQITEM LMMEDNVKEDKLGDCWVSQIS HLFLRGGNLRDATIIINEAQNFK RSELKKVLTRVHTKNSTVIVEG NFKQIDLKNESKSGFGDYMEY FKNYEGAVFHNFTVNFRSKLA QYADNFKW	246	Proteína relacionada a PhoH putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024453.1	8e-144 (245/246)	ATPasa	Proteína similar a PhoH	pfam02562	1.46e-21
29	14838	14224	589	MKKINSVIKGEGKKVQTADVRK ISYYVKDYNPCMTVDDANDYN ATSQYLVSDNGKFIAKYNKDM NAVGFYEESGDTVKHLTHTTP ERLEGTVFTIEEETEIDLINDTLP QGDILIKFSDGSIYLPDNESVLD SVNYLADNDWDSVDDIIYTGLS KGNSENCIVDFNYNNYDIGYDD VEDEDVCDNYPECECSNYCSS	204	Proteína hipotética KgORF23 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024454.1	3e-113 (204/204)		PHA02248, proteína hipotética	PHA02248	9.28e-98

Fig. 10E

				TGEYIGN									
30	15279	14854	590	MQDSVNIYTDGSSSYNKGKVG SGAVLVSKEGNIISEISKSVDKP GLIKYNNVAGEILACCYGIEEAI KLGYNQAIVYIDYIGLIHWYEGT WSARNILSKTYINMIREYQKVID INFVKVKSHSNDKWNDYADNL AKKSIDI	141	Ribonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024455.1	5e-74 (141/141)	Ribonucleasa	RnasaH	cd06222	4.11e-18
31	15460	15269	591	MKKGVFTVIADGFKFNVIAKDK KEVQEHCFKCFDFNYISVSFCR EVYSDCEFPQFMEDYKYAG	63	ORF222 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241086.1	1e-28 (63/63)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
32	16124	15483	592	MENNNLVNFLMTTDDIDDTIEM VDSFELQDINKVLGEDTFLTIME ITDSLPDNQYKIVLLSSLDKLLN TDRKELVEYDEEFPTIRKHNVS ELKRDTVNSVIDSYMNTNIEILY TEYPTISNYSVVVDSVKVLNTL YLIESKNGKIEATLSEDGEDLHE YISEEGYSVTDILNKFDDVEDLF DEDDSLINFFSDIIDEGKNKTIKS FIELVINLK	213	Proteína hipotética KgORF25 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024456.1	7e-113 (212/213)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
33	16344	16114	593	MDEKKESKPLNLQKIRVEKGHT LRSLASEIGVHYSLISYWEYGK KKPRSANLMRLEKALNTPGKEL FKELEEDDGE	76	ORF187 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241088.1	5e-36 (76/76)	Proteína de unión a ADN	Proteínas similares a la familia HTH_XRE hélice-giro-hélice XRE	smart00530	4.91e-08
34	16574	16347	594	MNKFKRWFRINVLKKETLLFKV YWRYESPSLKKPHVFHIELYAK SKAEARNKSQEYILKNAKESED FKFLKVEEK	75	ORF190 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241089.1	6e-34 (74/75)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
35	17375	16683	595	MKKTIFATLALGTAITFGGIATN EASADEIDYNKLAEQAKSNSAE VNTKPIQEGNYDFSFSDGEFTY HFYNYNGNFGYEYHSGSTQVD NTVSRLAGEEQTPEQKVDQQQ AQFDTQNKQDTKKEVQTTSAP VQKETKQPTQSTSSTGGSVAE QIRQAGGDEAMIEIAMRESTMN PNAVNASSGAQGLFQGLGKS WSGGSIAEQTKGAKQYMIDRY GSTSGALAYHNAHNSY	230	Proteína hipotética KgORF26 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024457.1	1e-130 (229/230)		Transglicosi-lasa lítica LT_GEWL y dominio de lisozima blanca de huevo de ganso	cd00254	4.34e-03

Fig. 10F

36	18367	17573	596	MRKSVVISGVLGFLAIIGFIILLM CITKIPQGHVGVVYSVNGVKED TKSPGWHLTAPFDKVNKYPTK TQTHKYKDLNVATSDGKNLQM DIDVSYKVDATKAVDLFNRFGS ADIEELEKGYLRSRVQDNVRQ AVSKYSWDAFGVKTGEIKKDTL DSLNDNLEKQGFVIEDIALSSPK ADKNTQKAIDSRVKANQELERT KVDKQIAEQNAKKKEVEANGD KKANEIRESSLSDKILRQQLIEK WDGKQPIQIGGDGTIVDVTGK	264	Proteína hipotética KgORF28 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024459.1	2e-133 (229/261)		Proteínas similares al dominio de banda 7 de flotilina (reggie)	pfam01145	5.79e-24
												HflC, subunidades de proteasa de membrana	COG0330	1.86e-13
37	18675	18367	597	MALLLTYFAIFIVFLVLVGFGISY LFDFLSMKEKKSNIRKQYRELV RQGTLDEYGLEQYVKYKKKQFL NDRRQSIVTRADKQEIDQEEKA LNSLIKEIEKGEM	102	Proteína hipotética KgORF29 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024460.1	1e-50 (102/102)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
38	20276	18769	598	MAKTQAEINKRLDAYAKGTVDS PYRVKKATSYDPSFGVMEAGAI DADGYYHAQCQDLITDYVLWL TDNKVRTWGNAKDQIKQSYGT GFKIHENKPSTVPKKGWIAVFT SGSYEQWGHIGIVYDGGNTST FTILEQNWNGYANKKPTKRVD NYYGLTHFEIPVKAGTTVKKET AKKSASKTPAPKKKATLKVSKN HINYTMDKRGKKPEGMVIHND AGRSSGQQYENSLANAGYARY ANGIAHYYGSEGYVWEAIDAK NQIAWHTGDGTGANSGNFRFA GIEVCQSMSASDAQFLKNEQA VFQFTAEKFKEWGLTPNRKTV RLHMEFVPTACPHRSMVLHTG FNPVTQGRPSQAIMNKLKDYFI KQIKNYMSNGTSSSTVVKDGK TSSASTPATRPVTGSWKKNQF GTWYKPESATFVNGNQPIVTRI GSPFLNAPVGGNLPAGATIVYD EVCIQAGHIWIGYNAYNGNRVY CPVRTCQGVPPNQIPGVAWGV FK	495	Lisina putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024461.1	0,0 (491/495)	Endolisina	CHAP	pfam05257	1.22e-15
										SH3_5, dominio SH3 bacteriano	pfam08460	2.54e-14	
										N-acetilmuramoil-L-alanina amidasa	COG5632	7.60e-05	
39	20779	20276	599	MANETKQPKVVGGINLSTRTKS KTFWVAIISAVALFANQITGAFG LDYSAQIIEQGVNIVGSILTLLAG LGIIVDNNTKGLRDSDIVQTDYV KPRDSKDPNEFVQWQTNANN ASTFEIDSYENNAEPDTDDSDE	167	Holina putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024463.1	6e-89 (162/167)	Holina	Holina 1 de fago	pfam04531	3.49e-25

Fig. 10G

				VPAIEDEIDGGSAPSQDEEDTE EHGKVFAEEEVK								
40	21049	20864	600	MASAKQLYYTESLVGKAIINNK VSNKEEVWDKLELLPETKLEDL DNKQMSEVIKKLNQINE	61	ORF233 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241098.1	9e-26 (61/61)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
41	21282	21211	601	ACACCCUUAGUAUAAUUAGU AGUACAAGGGUCUCCAAAAC CCUUAGUCUUUGUGCAAAUC AAAGAGGGUGUG					ARNt4-Trp			
42	21361	21289	602	GGUUUCUUAGCUCAGAUGGU AGAGCACUAGAUUGAAGCUC UAGGUGUCAUUGGUUCAAAU CCAAUAGAAACCA					ARNt3-Phe			
43	21441	21368	603	GGCUCAUUGGUGUAACUGGU UAACACACUGCCCUGUCACG GCAGAGAGUACGAGUUCGAG UCUCGUAUGGGUCG					ARNt2-ASP			
44	22812	22594	604	MKRQKMFYSSLICKECGNVFK VPRKRANKREEGHIKDIYCIKC CKTTKHIEDNRSEAERRWDAIQ EELTKDN	72	ORF200 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241099.1	8e-35 (72/72)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
45	23499	23290	605	MSKHIEITMSSGAKYFLVSTDE KSYNRQDIDYMLRGMDETSIKV YTESAITSPQVYINPNRIESFKIV F	69	ORF207 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241100.1	1e-32 (69/69)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
46	23844	23512	606	LDKEINNLVSQVETIKSKIQEGN YIDRGTFKDLEVEVAELRKMIV SIDKDVAVNSEKQSAIYVQLER LDEKISELAGSTKTKDTKKKDT TEKVLLLVLGAILSFVFNKFA	110	ORF209 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241101.1	3e-52 (107/110)		**PHA02414**, proteína hipotética	**PHA024 14**	**1.54e-30**
47	23857	24183	607	LTKYKDILKLEFKDALAHFKRDR RYFHVYRIDRVLINGSIIYFDYY YLPSDDPNIVIKELDLQSFGKLR FEIDTKTSYGKVVTDNYMEIIND FLENYDIHSESETVRP	108	Proteína MbpC de membrana hipotética [Fago AW5 de Staphylococcus]	ACB89047.1	4e-53 (105/108)	Proteína MbpC de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
48	24623	25009	608	LNNNIAIFIFKTLVIIIFLLLILSVIN SLSLIYSIRPSVVMTYFIFGGIVS NVALTVTDKFLLKKEDPLPEYV LKKVEINDKEIRIIKKIIESNYGIT AEEIKVRAKAQRRIEEDSKKED YDENKERN	128	Proteína MbpD de membrana hipotética [Fago AW5de Staphylococcus]	ACB89048.1	4e-48 (125/128)	Proteína MbpD de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
49	24987	25265	609	MKTKKEIKEQRKELKDGATSVS LVKKGDKRIASPSRICSLCGQQ LSGMNYTKGKALSKVNHFHLQ	92	ORF161 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241104.1	5e-47(92/92)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

Fig. 10H

50	25262	25672	610	LSAENIRDIINKKKLEEEDTRKYI ADGFMNGIGKLMYEFNKKVDN KEIEVKDPNDLYKLFVIFSQMQ NMVNETSEGGAIPQLSRPQQE LFDEITTEDSNGESTVDLQKISE MSAEDITAMISEKEKVMNEENS ETF	136	ORF133 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241105.1	2e-71 (135/136)			No se han detectado dominios putativos conservados		
51	25687	27504	611	MDGKELIKIAQETFQTEKITREQ IDHIINMLNPSTYMLKYTHTLRGH PITFSIPNRDRSKAQAHRPWQT RIVNDTHPNKAVIKSRQLGLSE MGVMEMVHFADMHSYANAKC LYTFPTNEQMKKFVQSRLNPVL EKEYFRDIVDWDKDSLGFKKIR NSSLFFRTSSKASTVEGVDIDY LSLDEYDRVNLLAESSALESMS SSPFKIVRRWSTPSVPGMGIHK LYQQSDQWYYGHRCQHCDYL NEMSYNDYNPDNLEESGNMLC VNPEGVDEQAKTVQNGSYQFV CQKCGKPLDRWYNGEWHCKY PERTKGNKGVRGYLITQMNAV WISADELKEKEMNTESKQAFY NYILGYPFEDVKLRVNEEDVYG NKSPIAETQLMKRDRYSHIAIGI DWGNTHWTVHGMLPNGKVDL IRLFSVKKMTRPDLVEADLEKII WEISKYDPDIIIADNGDSGNNVL KLINHFGKDKVFGCTYKSSPKS TGQLRPEFNENNNRVTVDKLM QNKRYVQALKTKDISVYSTVDD DLKTFLKHWQNVVIMDEEDEK TGEMYQVIKRKGDDHYAQASV YAYIGLTRIKELLKEGNGTSFGS TFVSTDYNQEGNKQFYFDE	605	gp74 [Fago A511 de Listeria]	YP_001468454.1	0,0 (308/503)	Subunidad grande de terminasa	GpA terminasa	pfam05876	4.8e-22
52	27497	28318	612	MNRGEIDLTDKLFYGTISNEEIN KSVLNLLLGEELSLDYVSKNSD TLDVKYEHVYYKSLGFDNFFDCF LYANREPEIVHKGGDKNLGGL NKVKRTVIRNGKEMEMTVYED GNKENDSKEKQEGKEEVSRSA VGARAISNGEEGKVNPKKVAN SLSNLSKKGVDVSHINTNSSLY KEFVDDNGDTLGITSFKRTEND IILESYASSHDSDGVGARAIMEL	273	Proteína hipotética KgORF36 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024466.1	3e-153 (273/273)			No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 10I

				LRLSIKENKNAVVYDIELPEAVE YLKTLGFKPNKDGYILRKKDVK QFLGDYSDFI									
53	28296	28478	613	VIIVILFSTIVIYSIVFILYIVLKTIYI KSNMSRIDNTTELLKILQEDIEG KIKKEGRNK	60	ORF235 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240894.1	3e-23 (59/60)					No se han detectado dominios putativos conservados
54	28475	28954	614	MTLEENKLTLEESITPLSKEEKE DSIKEFSSLLCEMVNRLYKSYN VFRQDPMDETQRLDGSLMVFQ SRLNDPLTGDLHDKMYKLAFS KRIDIFEANKQFRKDVEAGKAIE LGDVAIIDTALSNILSGNEFQGSI SFMLRKDFEEKERIRKEEEEKL NNL	159	Proteína hipotética KgORF37 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024467.1	5e-86 (159/159)					No se han detectado dominios putativos conservados
55	28996	29322	615	LKKKPQGNEVIITIVMIAVFVVI MTIFFNKYQDAKEDKDRYQRL VEIYKKADDNDGETKKKYVKRL NKAEEELKKVKKKQIIKIIIRSQV KKDKKKIKKKLERKYMM	108	Proteína hipotética KgORF38 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024468.1	4e-26 (68/69)					No se han detectado dominios putativos conservados
56	30117	30221	616	VDEEDKNEDTTDDKQPTEQPD DNNIDNEDKTEEE	34	Proteína hipotética KgORF38 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024468.1	2e-08 (34/34)					No se han detectado dominios putativos conservados
57	30306	30647	617	MNIITSLSVVFTCLSLLTLMIFVH SKFSSKNVFVLYVIYAIIGIGTYI VLTMFQTTSVLIKNDVIDSIENT EHYIGFNDPIIIFTISFIGAILGGI WYKMMKIIKKSNFKDKK	113	Proteína MbpE de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89055.1	5e-56 (113/113)	Proteína MbpE de membrana	PHA02256, proteína hipotética	PHA022 56	6.49e-28	
58	30665	31036	618	LIFSKDKKWDEAKDFIKGQGM QDNWIEIVDYYRQIGGKHVAVF IALNKVKYMILEATKDNKVILVD KDNNILLEDYDIVMESKKMFYYI EEPFEVKINIPQHIRDVTYNNTV VLTTVRGSRGD	123	Proteína hipotética KgORF40 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024470.1	2e-64 (122/123)					No se han detectado dominios putativos conservados
59	31040	32731	619	LADLFKQFRLGKDYGNNSTIAQ VPIDEGLQANIKKIEQDNKEYQ DLTKSLYGQQQAYAEPFIEMM DTNPEFRDKRSYMKNEHNLHD VLKKFGNNPILNAIILTRSNQVA MYCQPARYSEKGLGFEVRLRD LDAEPGRKEKEEMKRIEDFIVN TGKDKDVDRDSFQTFCKKIVR DTYIYDQVNFEKVFNKNNKTKL EKFIAVDPSTIFYATDKKGKIIKG GKRFVQVVDKRVVASFTSREL	563	Portal-proteína putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024471.1	0,0 (562/563)	Portal-proteína	Portal de fago	pfam04 860	1.13e-13	

Fig. 10J

			AMGIRNPRTELSSSGYGLSEVE IAMKEFIAYNNTESFNDRFFSH GGTTRGILQIRSDQQQSQHALE NFKREWKSSLSGINGSWQIPV VMADDIKFVNMTPTANDMQFE KWLNYLINIISALYGIDPAEIGFP NRGGATGSKGGSTLNEADPGK KQQQSQNKGLQPLLRFIEDLVN RHIISEYGDKYTFQFVGGDTKS ATDKLNILKLETQIFKTVNEARE EQGKKPIEGGDIILDASFLQGTA QLQQDKQYNDGKQKERLQIMM MSLLEGDNDDSEEGQSTDSSN DDKEIGTDAQIKGDDNVYRTQT SNKGQGRKGEKSSDFKH								
60	32925	33698	620	257	Proteína hipotética KgORF42 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024472.1	9e-147 (256/257)	Proteasa de procabeza	Peptidasa_U35	pfam04586	8.72e-05	
61	33717	34667	621	316	Proteína hipotética KgORF43 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024473.1	4e-170 (316/316)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
62	34783	36174	622	463	Proteína de cápside putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024474.1	0,0 (463/463)	Proteína de cápside	**No se han detectado dominios putativos conservados**			

Fig. 10K

				QKTVSMKYVSDTKNMSIASGL VNNIADPSQILTEDAIAVVAKTIE WASFYGDASLTSEVEGEGLEF DGLAKLIDKNNVINAKGNQLTE KHLNEAAVRIGKGFGTATDAY MPIGVHADFVNSILGRQMQLM QDNSGNVNTGYSVNGFYSSR GFIKLHGSTVMENELILDESLQP LPNAPQPAKVTATVETKQKGA FENEEDRAGLSYKVVVNSDDA QSAPSEEVTATVSNVDDGVKL SINVNAMYQQQPQFVSIYRQG KETGMYFLIKRVPVKDAQEDGT IVFVDKNETLPETADVFVGEMS PQVVHLFELLPMMKLPLAQINA SITFAVLWYGALALRAPKKWAR IKNVRYIAV						No se han detectado dominios putativos conservados
63	36266	36562	623	MLYYKKLLDKKMATVYGTVEID KDGVVKGLTKEQEKEFANVPG FEFEEEKKTTRKQSASTSKEEE PKEEEKKASTRKTTSTTRKSTA RKTTAKKDENK	98	ORF151 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240904.1	7e-46 (97/98)		
										No se han detectado dominios putativos conservados
64	36575	37483	624	MVNSMFGGDLDPYEKSLNYEY PYHPSGNPKHIDVSEIDNLTLA DYGWSPDAVKAYMFGIVVQNP DTGQPMGDEFYNHILERAVGK AERALDISILPDTQHEMRDYHE TEFNSYMFVHAYRKPILQVENL QLQFNGRPIYKYPANWWKVEH LAGHVQLFPTALMQTGQSMSY DAVFNGYPQLAGVYPPSGATF APQMIRLEVVSGMLPRKKAGR NKPWEIMPPELEQLVIKYALKEI YQVWGNLIIGAGIANKTLEVDGI TETIGTTQSAMYGGASAQILQI NEDIKELLDGLRAYFGYNMIGL	302	Proteína hipotética KgORF45 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024475.1	2e-177 (302/302)		
										No se han detectado dominios putativos conservados
65	37497	38375	625	MEKPYMIGANSNPNVINKSTTY TTTTQADEQDKPKYTTRLEFDT IDMIRFINDRGIKVLWEEAYFCP CLNPDTGHPRVDCPRCHGKGI AYLPPKETIMAIQSQEKGTNQL DIGILDTGTAIGTTQLEKRISYR DRFTVPEVLMPQQMIYFVNKD RIRKGIPLYYDVKEVTYIATQDG TVYEEDYEIKNNRLYLNEKYEN HTVTLKILMTLRYVVSDILKESR YQYTKFNQPKSKFENLPQKLLL	292	Proteína hipotética KgORF46 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024476.1	2e-170 (290/292)		

Fig. 10L

66	38375	38995	626	KREDVIVLQDPYKVNDGIEEDL EIQVDDPKASASNPSNLGGFF GGAFK	206	Proteína hipotética KgORF47 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024477.1	1e-116 (206/206)			No se han detectado dominios putativos conservados		
				MPVHGKRPNLFKNKNYKQVGK RTIDGMRSEVLDKLQATAQQV ENTSIKRMPTYLQITEKKLEKEG VVDLKKAFAHSSKKKTSKDGG WYLTVPIRIKTSRMNNSTYQDM RTLKVDKGTGSVSKITDYLEGR RKNVSHPSMKPEPMTHNMTKV KRGKQSSYFIFRTVSSKSPASS WILNRDKVNEDNFSKTTLKTVK QLMNWKMKNLN									
67	39014	39850	627	MAITSVDSYLLSEIKPRLNTVLE NCYIIDEVLKDFDYQTRESFKE AFCGKNAQHEVTVGFNFPKFK NNYEAIHYLIQLGQGQETKNSL GSIQSSYFEATGDTLVESSTAIR EDDKLVFTVSKPIGELIKVEDIE FAKYDNLQVEGNKVSFKYQTN EDYENYNANIIFTEKKNDSKGL VKGFTVEEEQVTVVGLSFNVDV ARCLDAVLKMILISMRDSIEEQQ TFQLQNLSFGDIAPIIEDGDSMI FGRPTIIKYTSSLDLDYTITQDIN KLTFKERKDWK	278	Proteína hipotética KgORF48 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024478.1	3e-160 (278/278)			No se han detectado dominios putativos conservados		
68	39852	40067	628	MARKKTPENNTPKFNGYVHIDT FLDTAKTLFNMKDSQVAGFKA YMEGSHYLFSEQEFLPSLEKYL GRKLDI	71	ORF202 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240909.1	2e-34 (70/71)			No se han detectado dominios putativos conservados		
69	40094	41857	629	MAVEPFPRRPITRPHASIEVDT SGIGGSAGSSEKVFCLIGQAEG GEPNTVYELRNYAQAKRLFRS GELLDAIELAWGSNPNYTAGKI LAMRIEDAKPASAEIGGLKVTS KIYGNVANNIQVGLEKNTLSDS LRLRVIFQDDRFNEVYDNIGNIF TIKYKGEEANATFSVEHDEETQ KASRLVLKVGDQEVKSYDLTG GAYDYTNAIITDINQLPDFEAKL SPFGDKNLESSKLDKIENANIK DKAVYVKAVFGDLEKQTAYNGI VSFEQLNAEGEVPSNVEVEAG EESATVTATSPIKTIEPFELTKLT GGTNGEPPATWADKLDKFAHE GGYYIVPLSSKQSVHAEVASFV KERSDAGEPMRAIVGGGFNES	587	Proteína de la vaina de cola mayor [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87117.1	0,0 (583/587)	Proteína de la vaina de cola mayor	Vaina 1 del fago	pfam04984	6.04e-09

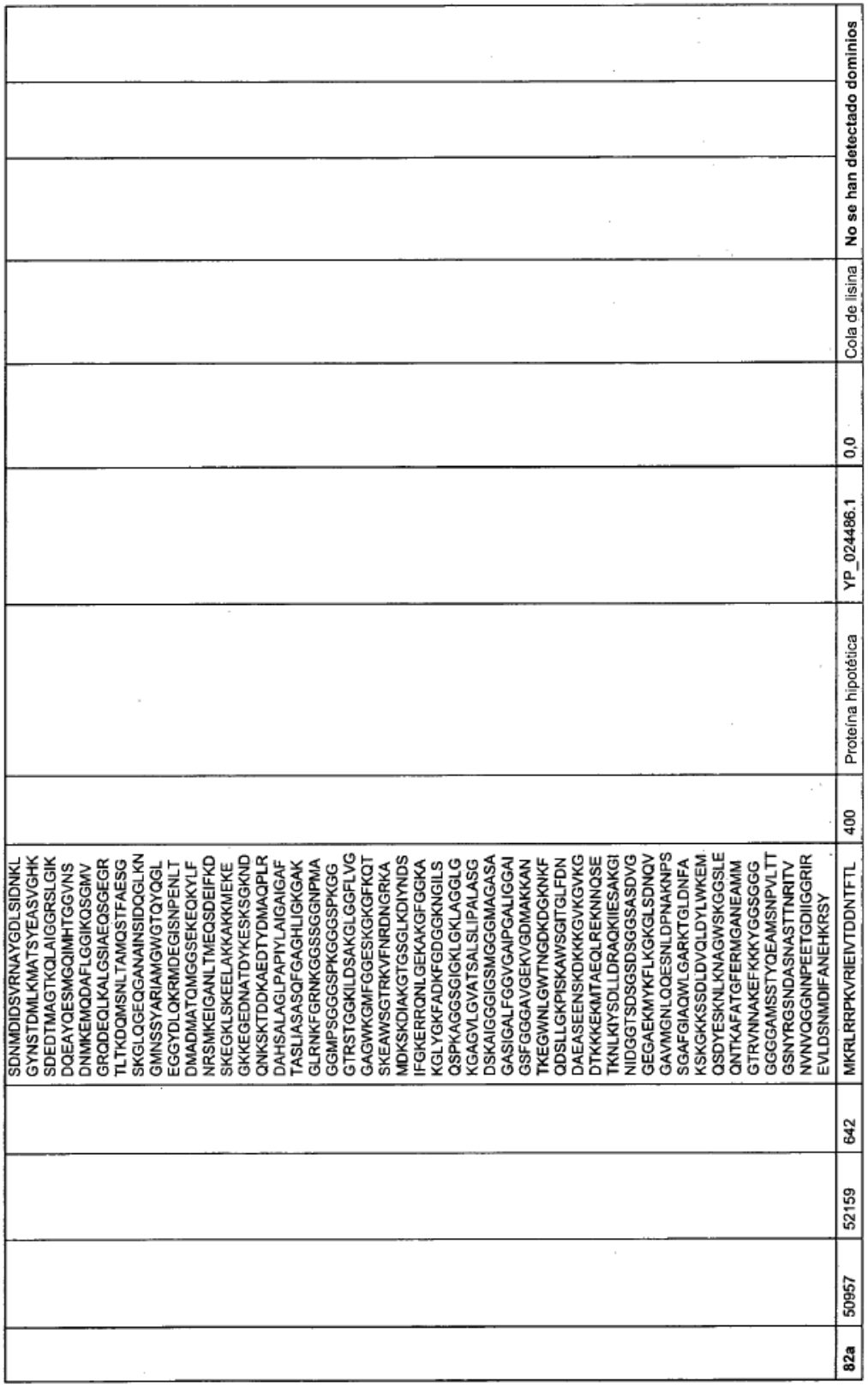
Fig. 10M

				KEQLFGRQASLSNPRVSLVAN SGTFVMDDGRKNHVPAYMVA VALGGLASGLEIGESITFKPLRV SSLDQIYESIDLDELNENGIISIE FVRNRTNTFFRIVDDVTTFNDK SDPVKAEMAVGEANDFLVSEL KVQLEDQFIGTRTINTSASIIKDF IQSYLGRKKRDNEIQDFPAEDV QVIVEGNEARISMTVYPIRSFKK ISVSLVYKQQTLEA	134	Proteína de cápside [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87118.1	3e-73 (134/134)	Proteína de cápside			No se han detectado dominios putativos conservados
70	41930	42334	630	MASEAKQTVHTGNTVLLMIKGK PVGRAQSASGQREYGTTGVYE IGSIMPQEHVYLRYEGTITVERL RMKKENFADLGYASLGEEILKK DIIDILVVDNLTKQVIISYHGCSA NNYNETWQTNEIVTEEIEFSYL									
71	42754	43683	631	MGKNQYTFNIKENKNKWYEW CKLQNVKPLVEYENAQQIFYFE FLEGKFKGLIGKTYWASINRGS NMRMSCLTSESKDKYLKNLGK RKGIEVVEDYKGGRKLKHKFIV LEGKYQGCEGYITLNDLENLGR VDNRSLSEKGRKQYFDKQARL RDCILEYPKDYRIKTKDKIVVKD KEGHVHNIIVQDFFEKSSLLELS CASEGEKIVKEILTKNSIKFEKE KSFRNKEGKVQRFDFYINENN KEYAIEYNGAQHYIDSTGYLKD TLETTQKRDKLKKEYSKDKGIN LLIIPYTITDKKEMEKIILNFLNK	309	ORF018 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238556.1	2e-19 (79/239)				No se han detectado dominios putativos conservados
72	43741	43899	632	MNNRQAKLKGYNQFHYYDFPT TKGKFKDIMKRKSRTELKKDLQ KERKYYLDK	52	ORF245 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238558.1	3e-11 (37/52)				No se han detectado dominios putativos conservados
73	43889	44029	633	LTNKRKTIGKMSNTRATWNINP VTKVKKKDKTKYSRKNKIHKGLD NYN	46	ORF293 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240912.1	1e-10 (44/46)				No se han detectado dominios putativos conservados
74	44074	44364	634	MRIYISNDYNKELLDKCLSDINK DKGNINYSINYGEGNIKEADVEI IKLDKNLLETESRAFAYSKFVED CIFLFPYKIALLRGGKIELRFDW NEIL	96	No se encontró una similitud significativa.						No se han detectado dominios putativos conservados	
75	44385	44843	635	MSTFWSERRTTNKDRQVKKHY TQMSMYERKKCVELLQETITEN RIINFTRHSAKKVKGKPTTNIPK LIGFIFKNKFAYENIIEYNNTDYN GNIERRIVVKHPKVITVEGKLSY	152	Proteína hipotética KgORF51 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024481.1	2e-83 (151/152)		PHA02264, proteína hipotética	PHA022 64	2.05e-29	

Fig. 10N

				QFLTISLEDARVITVWYNSVDD THRTLDLNYYSKDLTIQ											
76	44856	45050	636	MGLTIVNGYFFLSSIIFIVVSILN GKGTVTRESLAMSQALVIITSIQ FLAFLIINGIYYSLKYM	64	ORF215 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240914.1	4e-19 (49/64)		No se han detectado dominios putativos conservados					
77	45066	45218	637	MEIYIVIDLRGSTEEETSMDFKA FRKLQDAITYVDGNGNRDLHIIP LELE	50	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados					
78	45286	45597	638	MSQDKLRAIYTEMKVELHKFPK EVDVTSKSTAIAINQILDKFKTLT EQAGKITRKYLEGQEILTIDYEY YDSLQEYYIYLLRNSEKIEQSLQ EITKRTGEYVK	103	Proteína hipotética KgORF52 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024482.1	3e-51 (102/103)		PHA02265, proteína hipotética	PHA022 65	2.51e-17			
79	45730	46188	639	MAEEIKKEQDVQETTKEEKKDV SKMTPEEIDKLKYQDKQEKEQ VINKVIKGVNDTWEKEYNFEEL DLRFKVKIKLPNAREQGNIFALR SAYLGGMDMYQTDQVIRAYQM LATLQEVGIEVPKEFQDPDDIY NLYPLTVMYEDWLGFLNSFRY	152	Proteína hipotética KgORF53 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024483.1	2e-82 (152/152)		No se han detectado dominios putativos conservados					
80	46232	46768	640	MESIVKQPLSRNLWAIMKEFNV LPTEQRFKDLDDYQIEFIIGNMN RDVYEHNKQLKQAQKGGKFDS QFEDDDSSWWNESHEDFDPV PDFLDADDLAQQMEAKLSDRD KEERAKRNDAELNDETEGLTT QHLAMMEYIRQKQQELDDEVG NGKTSEDDATISQDSVNKALED LDDDWYM	178	Proteína hipotética KgORF54 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024484.1	8e-99 (178/178)		No se han detectado dominios putativos conservados					
81	46821	50879	641	MMAMNDDYRLVLSGDSSDLEN SLKAIELYMDSLESKNIDAPLDN FLKKLKVIAKEVKNVQNAMDKQ DGKSVISSKDMDESIKSTQSAT KNINELKKALDDLQKENISKGIA PDPEVEKAYAKMGKVVDETQE KLEKMSSQKIGSDASIQNRIKE MKTLNQVTEEYNKISKDSSATK DYTKRLRANRNMTRGYMERSE GTGRLTYDQGARVRSELGKVS SYESQRKQNQRNLGQAREQY SNYRNQQQDLTKRRASGQINK AQYEQELASIKQEMKAREELIS NYEKLGAELDKTVQYYKGSVQ KDFQSRDVDQQRGTFGRMVQ ERLPSIGSHAMMGTTAMATGL YMKGASLSETNRPMVTSLGQN	1352	Proteína hipotética KgORF55 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024485.1	0,0 (1343/1351)		Smc, cromosomas de segregación de ATPasas	COG1196	8.71e-06			

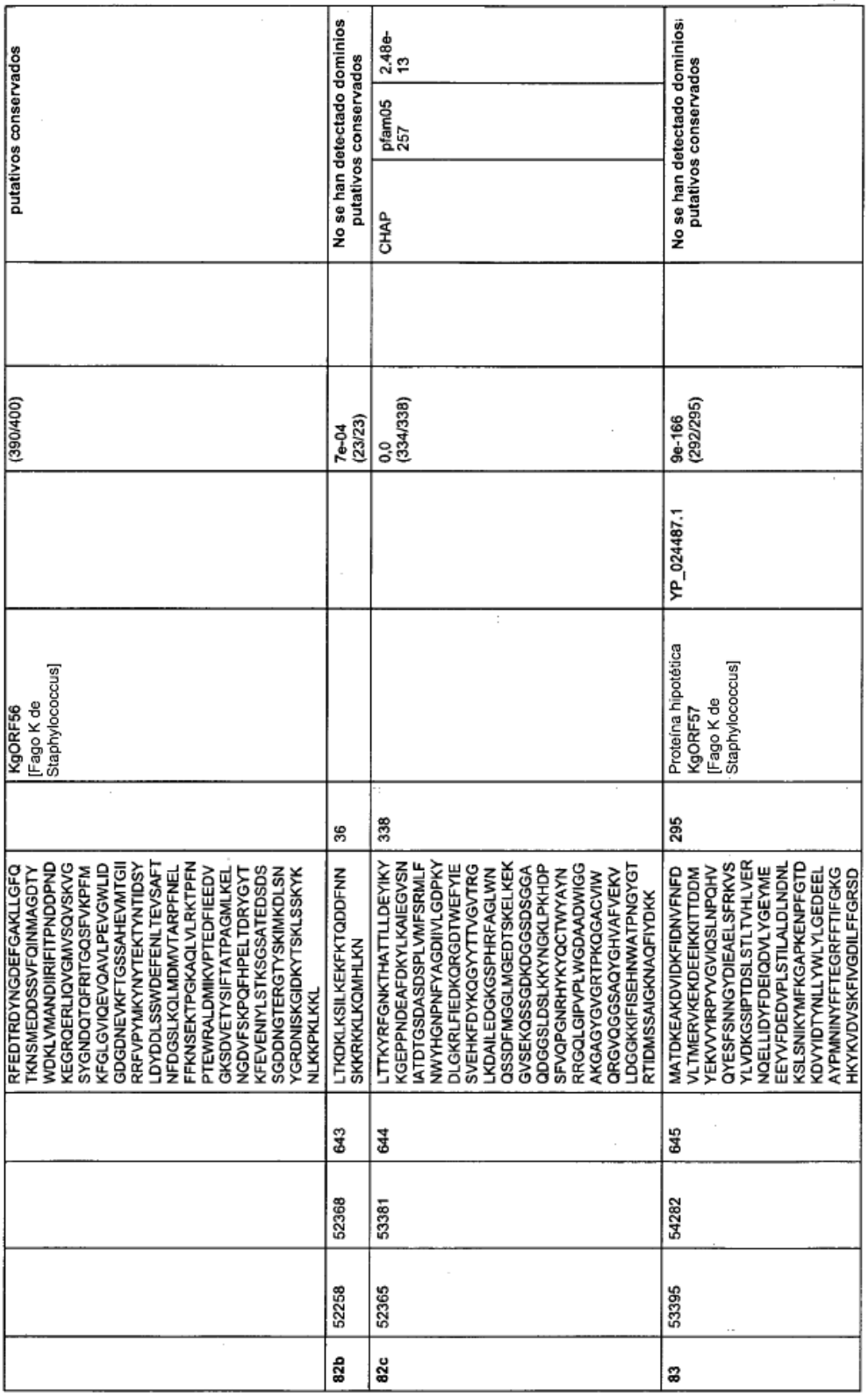
Fig. 10O



82a	50957	52159	642	MKRLLRRPKVRIEIVTDDNTFTL	400	Proteína hipotética	YP_024486.1	0,0	Cola de lisina	No se han detectado dominios	

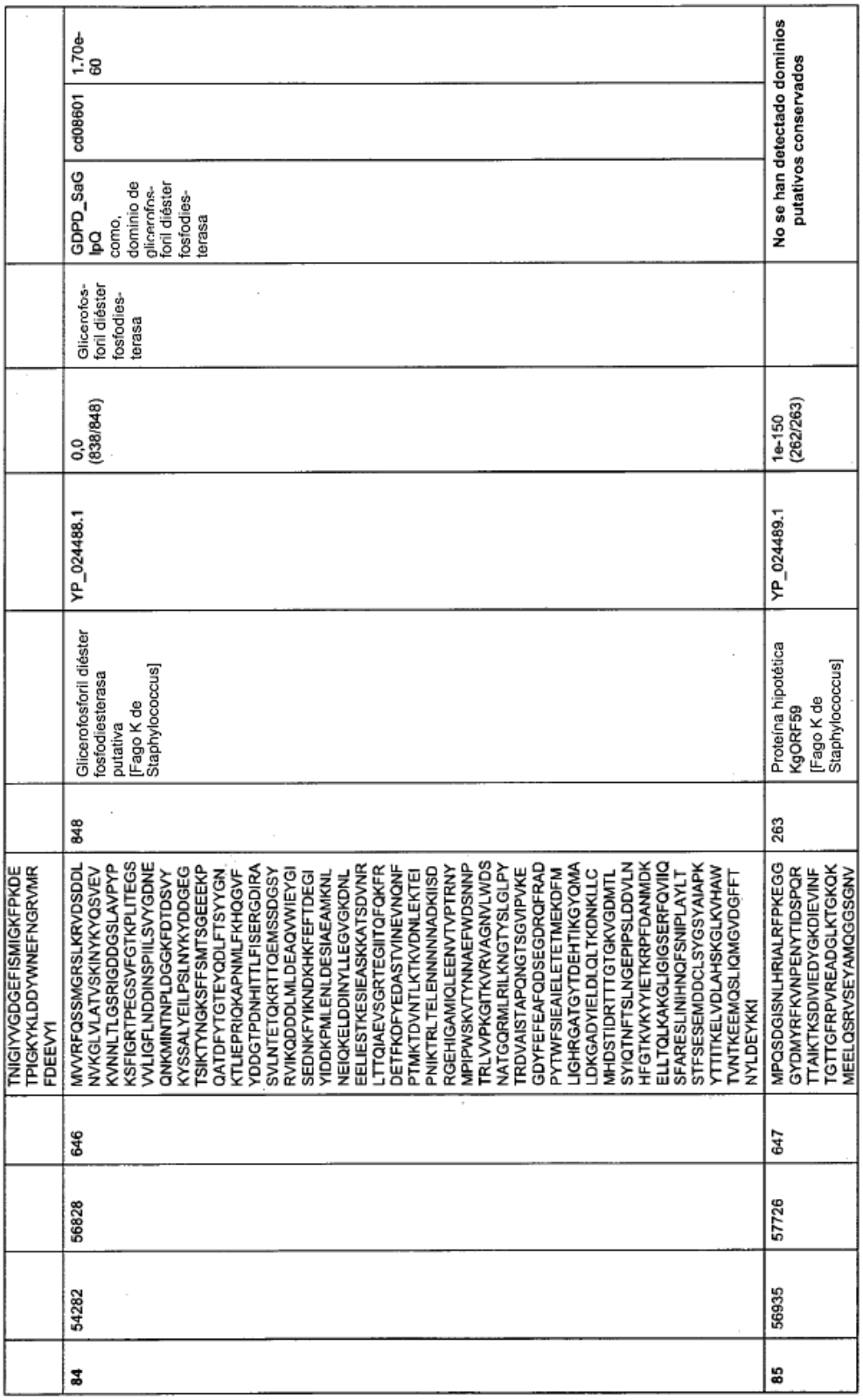
SDNMDIDSVRNAYGDLSIDNKL
GYNSTDMLKMATSYEASVGHK
SDEDTMAGTKQLAIGGRSLGIK
DQEAYQESMGQIMHTGGVNS
DNMKEMQDAFLGGIKQSGMV
GRQDEQLKALGSIAEQSGEGR
TLTKDQMSNLTAMQSTFAESG
SKGLQGEQGANAINSIDQGLKN
GMNSSYARIAMGWGTQYQGL
EGGYDLQKRMDEGISNPENLT
DMADMATQMGGSEKEQKYLF
NRSMKEIGANLTMEQSDEIFKD
SKEGKLSKEELAKKAKKMEKE
GKKEGEDNATDYKESKSGKND
QNKSKTDDKAEDTYDMAQPLR
DAHSALAGLPAPIYLAIGAIGAF
TASLIASASQFGAGHLIGKGAK
GLRNKFGRNKGGSSGGGNPMA
GGMPSGGGSPKGGGSPKGG
GTRSTGGKILDSAKGLGGFLVG
GAGWKGMFGGESKGKGFKQT
SKEAWSGTRKVFNRDNGRKA
MDKSKDIAKGTGSGLKDIYNDS
IFGKERRQNLGEKAKGFGGKA
KGLYGKFADKFGDGGKNGILS
QSPKAGGSGIGKLGKLAGGLG
KGAGVLGVATSALSLIPALASG
DSKAIGGGIGSMGGGMAGASA
GASIGALFGGVGAIPGALIGGAI
GSFGGGAVGEKVGDMAKKAN
TKEGWNLGWTNGDKDGKNKF
QDSLLGKPISKAWSGITGLFDN
DAEASEENSKDKKKGVKGVKG
DTKKKEKMTAEQLREKNNQSE
TKNLKIYSDLLDRAQKIIESAKGI
NIDGGTSDSGSDSGGSASDVG
GEGAEKMYKFLKGKGLSDNQV
GAVMGNLQQESNLDPNAKNPS
SGAFGIAQWLGARKTGLDNFA
KSKGKKSSDLDVQLDYLWKEM
QSDYESKNLKNAGWSKGGSLE
QNTKAFATGFERMGANEAMM
GTRVNNAKEFKKKYGGSGGG
GGGGAMSSTYQEAMSNPVLTT
GSNYRGSNDASNASTTNRITV
NVNVQGGNNPEETGDIIGGRIR
EVLDSNMDIFANEHKRSY

Fig. 10P



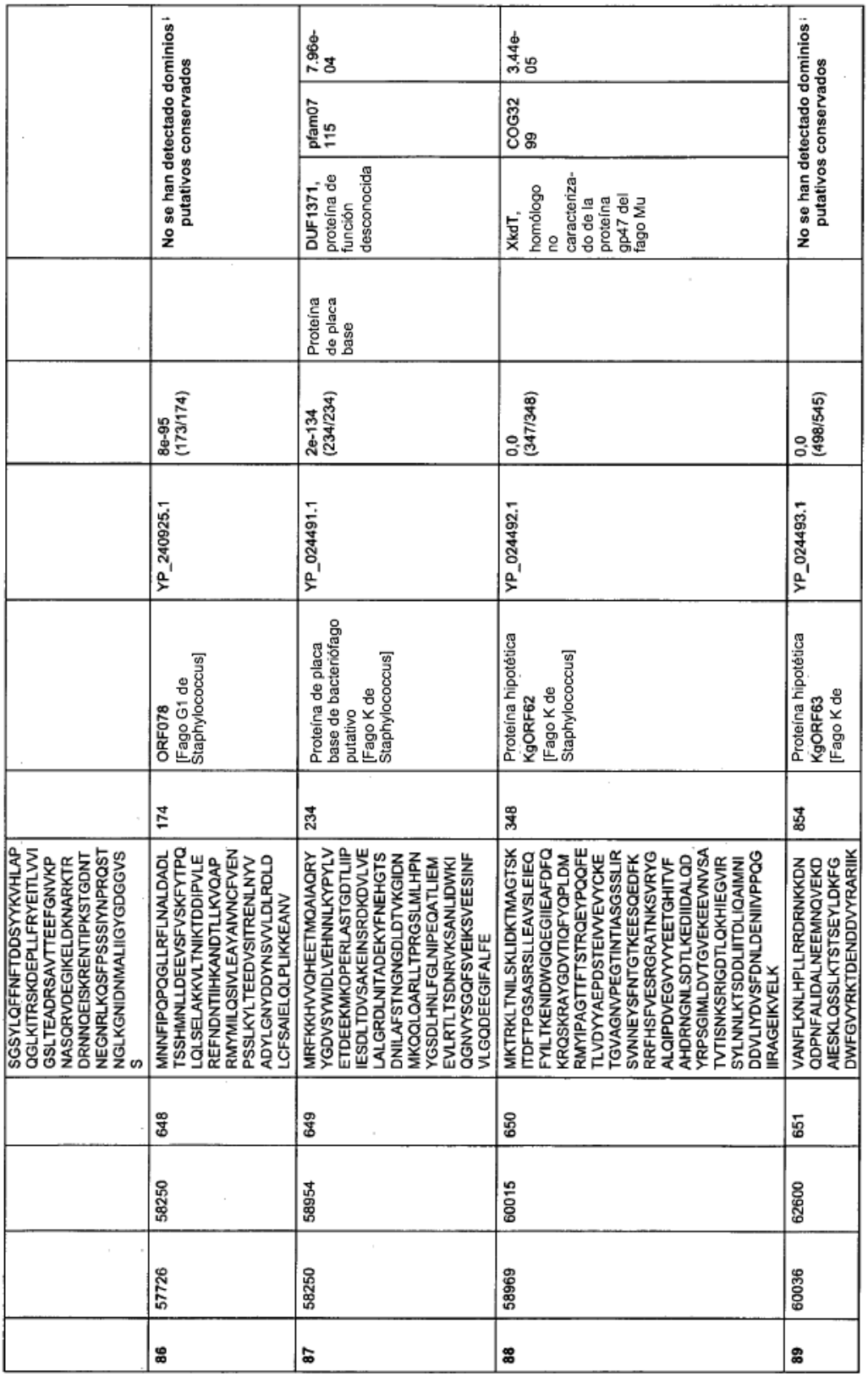
										putativos conservados		
				RFEDTRDYNGDEFGAKLLGFQ TKNSMEDDSSVFQINMAGDTY WDKLVMANDIIRIFITPNDDPND KEGRQERLIQVGMVSQVSKVG SYGNDQTQFRITGQSFVKPFM KFGLGVIQEVQAVLPEVGWLID GDGDNEVKFTGSSAHEVMTGII RRFVPYMKYNYTEKTYNTIDSY LDYDDLSSWDEFENLTEVSAFT NFDGSLKQLMDMVTARPFNEL FFKNSEKTPGKAQLVLRKTPFN PTEWRALDMIKVPTEDFIEEDV GKSDVETYSIFTATPAGMLKEL NGDVFSKPQFHPELTDRYGYT KFEVENIYLSTKSGSATEDSDS SGDDNGTERGTYSKIMKDLSN YGRDNISKGIDKYTSKLSSKYK NLKKPKLKKL	KgORF56 [Fago K de Staphylococcus]	(390/400)		No se han detectado dominios putativos conservados		
82b	52258	52368	643	LTKDKLKSILKEKFKTQDDFNN SKKRKKLKQMHLKN	36		7e-04 (23/23)		No se han detectado dominios putativos conservados		
82c	52365	53381	644	LTTKYRFGNKTHATTLLDEYIKY KGEPPNDEAFDKYLKAIEGVSN IATDTGSDASDSPLVMFSRMLF NWYHGNPNFYAGDIIVLGDPKY DLGKRLFIEDKQRGDTWEFYIE SVEHKFDYKQGYYTTVGVTRG LKDAILEDGKGSPHRFAGLWN QSSDFMGGLMGEDTSKELKEK GVSEKQSSGDKDGGSDSGGA QDGGSLDSLKKYNGKLPKHDP SFVQPGNRHYKYQCTWYAYN RRGQLGIPVPLWGDAADWIGG AKGAGYGVGRTPKQGACVIW QRGVQGGSAQYGHVAFVEKV LDGGKKIFISEHNWATPNGYGT RTIDMSSAIGKNAQFIYDKK	338		0,0 (334/338)	CHAP	pfam05 257	2.48e- 13
83	53395	54282	645	MATDKEAKDVIDKFIDNVFNFD VLTMERVKEKDEEIKKITTDDM YEKVVYIRPYVGVIQSLNPQHV QYESFSNNGYDIEAELSFRKVS YLVDKGSIPTDSLSTLTVHLVER NQELLIDYFDEIQDVLYGEYME EEYVFDEDVPLSTILALDLNDNL KSLSNIKYMFKGAPKENPFGTD KDVYIDTYNLLYWLYLGEDEEL AYPMNINYFFTEGRFFTIFGKG HKYKVDVSKFIVGDILFFGRSD	295	Proteína hipotética KgORF57 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024487.1	9e-166 (292/295)	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 10Q



				TNIGIYVGDGEFISMIGKFPKDE TPIGKYKLDDYWNEFNGRVMR FDEEVYI	848	Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024488.1	0,0 (838/848)	Glicerofos-foril diéster fosfodies-terasa	GDPD_SaGlpQ como, dominio de glicerofos-foril diéster fosfodies-terasa	cd08601	1.70e-60
84	54282	56828	646	MVVRFQSSMGRSLKKRVDSDDL NVKGLVLATVSKINYKYQSVEV KVNNLTLGSRIGDDGSLAVPYP KSFIGRTPEGSVFGTKPLITEGS VVLIGFLNDDINSPIILSVYGDNE QNKMINTNPLDGGKFDTDSVY KYSSALYEILPSLNYKYDDGEG TSIKTYNGKSFFSMTSGEEEKP QATDFYTGTEYQDLFTSYYGN KTLIEPRIQKAPNMLFKHQGVF YDDGTPDNHITTLFISERGDIRA SVLNTETQKRTTQEMSSDGSY RVIKQDDDLMLDEAQVWIEYGI SEDNKFYIKNDKHKFEFTDEGI YIDDKPMLENLDESIAEAMKNL NEIQKELDDINYLLEGVGKDNL EELIESTKESIEASKKATSDVNR LTTQIAEVSGRTEGIITQFQKFR DETFKDFYEDASTVINEVNQNF PTMKTDVNTLKTKVDNLEKTEI PNIKTRLTELENNNNADKIISD RGEHIGAMIQLEENVTVPTRNY MPIPWSKVTYNNAEFWDSNNP TRLVVPKGITKVRVAGNVLWDS NATGQRMLRILKNGTYSLGLPY TRDVAISTAPQNGTSGVIPVKE GDYFEFEAFQDSEGDRQFRAD PYTWFSIEAIELETETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIKGYQMA LDKGADYIELDLQLTKDNKLLC MHDSTIDRTTTGTGKVGDMTL SYIQTNFTSLNGEPIPSLDDVLN HFGTKVKYYIETKRPFDANMDK ELLTQLKAKGLIGIGSERFQVIIQ SFARESLINIHNQFSNIPLAYLT STFSESEMDDCLSYGSYAIAPK YTTITKELVDLAHSKGLKVHAW TVNTKEEMQSLIQMGVDGFFT NYLDEYKKI	263	Proteína hipotética KgORF59 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024489.1	1e-150 (262/263)		No se han detectado dominios putativos conservados		
85	56935	57726	647	MPQSDGISNLHRIALRFPKEGG GYDMYRFKVNPENYTIDSPQR TTAIKTKSDIVIEDYGKDIEVINF TGTTGFRPVREADGLKTGKQK MEELQSRVSEYAMQGGSGNV								

Fig. 10R



				SGSYLQFFNFTDDSYYKVHLAP QGLKITRSKDEPLLFRYEITLVVI GSLTEADRSAVTTEEFGNVKP NASQRVDEGIKELDKNARKTR DRNNQEISKRENTIPKSTGDNT NEGNRLKQSFPSSSIYNPRQST NGLKGNIDNMALIIGYGDGGVS S								
86	57726	58250	648	MNNFIPQPQGLLRFLNALDADL TSSHIMNLLDEEVSFVSKFYTPQ LQLSELAKKVLTNIKTDDIPVLE REFNDNTIIHKANDTLLKVQAP RMYMILQSIVLEAYAIVNCFVEN PSSLKYLTEEDVSITRENLNYV ADYLGNYDDYNSVVLDLRDLD LCFSAIELQLPLIKKEANV	ORF078 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240925.1	8e-95 (173/174)			No se han detectado dominios putativos conservados			
87	58250	58954	649	MRFKKHVVQHEETMQAIAQRY YGDVSYWIDLVEHNNLKYPYLV ETDEEKMKDPERLASTGDTLIIP IESDLTDVSAKEINSRDKDVLVE LALGRDLNITADEKYFNEHGTS DNILAFSTNGNGDLDTVKGIDN MKQQLQARLLTPRGSLMLHPN YGSDLHNLFGLNIPEQATLIEM EVLRTLTSDNRVKSANLIDWKI QGNVYSGQFSVEIKSVEESINF VLGQDEEGIFALFE	Proteína de placa base de bacteriófago putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024491.1	2e-134 (234/234)	Proteína de placa base	DUF1371, proteína de función desconocida	pfam07115		7.96e-04
88	58969	60015	650	MKTRKLTNILSKLIDKTMAGTSK ITDFTPGSASRSLLEAVSLEIEQ FYILTKENIDWGIQEGIIEAFDFQ KRQSKRAYGDVTIQFYQPLDM RMYIPAGTTFTSTRQEYPQQFE TLVDYYAEPDSTEIVVEVYCKE TGVAGNVPEGTINTIASGSSLIR SVNNEYSFNTGTKEESQEDFK RRFHSFVESRGRATNKSVRYG ALQIPDVEGVYVYEETGHITVF AHDRNGNLSDTLKEDIIDALQD YRPSGIMLDVTGVEKEEVNVSA TVTISNKSRIGDTLQKHIEGVIR SYLNNLKTSDDLIITDLIQAIMNI DDVLIYDVSFDNLDENIIVPPQG IIRAGEIKVELK	Proteína hipotética KgORF62 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024492.1	0,0 (347/348)		XkdT, homólogo no caracterizado de la proteína gp47 del fago Mu	COG3299		3.44e-05
89	60036	62600	651	VANFLKNLHPLLRRDRNKKDN QDPNFALIDALNEEMNQVEKD AIESKLQSSLKTSTSEYLDKFG DWFGVYRKTDENDDVYRARIIK	Proteína hipotética KgORF63 [Fago K de	YP_024493.1	0,0 (498/545)			No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 10S

			YLLLKRGTNNAIIDAIKDYLGRD DIDVSVYEPFTNIFYTNKSHLNG EDHLMGYYYRFAVINVSIGDYF PVEIIDVINEFKPAGVTLYVTYD GASTIRGGAIIKWLDGLPKIETY QEFDRFTGYDDTFYGHINMNQ SKDTDNSTSDIFKTNHSLINSLD VLTGSSSVGRQYVNYGYITSYV YNPGMTSSVNQISASTEGRGQ EVPTDYYMYTSTKNNNTVELS MQTTSGVSYLYNNFNFRDYMS KYRPQVNLQSDEARRIVSDYIK ELSIDYYLSAVIPPDESIEIKLQV YDFSINRWLTVSINNLSFYEKNI GSNIGYIKDYLNSELNMFTRLEI NAGKRDSVDIKVNYLDLMFYYY ERGIYTIKPYKALVENYLDISRE TYVEAFKISSLSNGDIITKTGYL PIGYLRVSGDIDNLSNHIEIITID NNTNSITSTLLEDDSNSLILSYG NVKTNIHSFELNSDASISNIKFE YSYYGDAWEELTVLTEISEGET IVPNILIDLYGLQTVDYSNINPM SKVSLRSIWNVKLGELNNKEGS LSNMPNDYFNAVWQDIDKLSDI DLGSMRMIKDTEGGVFDGATG EIIKATLFNVGVYTDLDMLAYTL TNYTEPITLGSSRLISELKEELLT SESFNVDNRIKVIDSISEQLPNN NILSNSYQTQTITQNGFAKYNL KEPIEQRKQYNLRIHGDFKEGL ERLAIGNSNGSFNEVFVYPENI KDGIVDITYTSRDDNYAEGKQR LNNDYRVYAQPYDSEVVTIYSL ELIKV	173	Proteína hipotética KgORF64 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024494.1	3e-95 (172/173)	Proteína estructural de placa base		Gp8 fago, proteínas estructurales de placa base de bacteriófago T4	pfam09215	6.79e-04
90	62711	63232	652	MAIATYNSHVELAKYLVSKADS VYLTIGKSTPWSNETNPPQPDE NATVLQEVIGYKKATKVTLVRP SKSPEDDNKNLISYGNKSWVE VTPENAKDEGAKWVYLESSIV GDELPLGTYRQVGFVMDLVAK SGISKFNLVPSEVESTGTLLFFD NKQFQNRSEQTTAKERFIVEV	1152	Proteína hipotética KgORF65 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024495.1	0.0 (1147/1152)			No se han detectado dominios putativos conservados		
91	63253	66711	653	MAINFKGSPYLLDRFDPSKDRTK VLFNPDRPLQQAELNEMQSID QYYLKNLGDAIFKDGDKQSGL GFTLSEDNVLTVNPGYVYINGK										

Fig. 10T

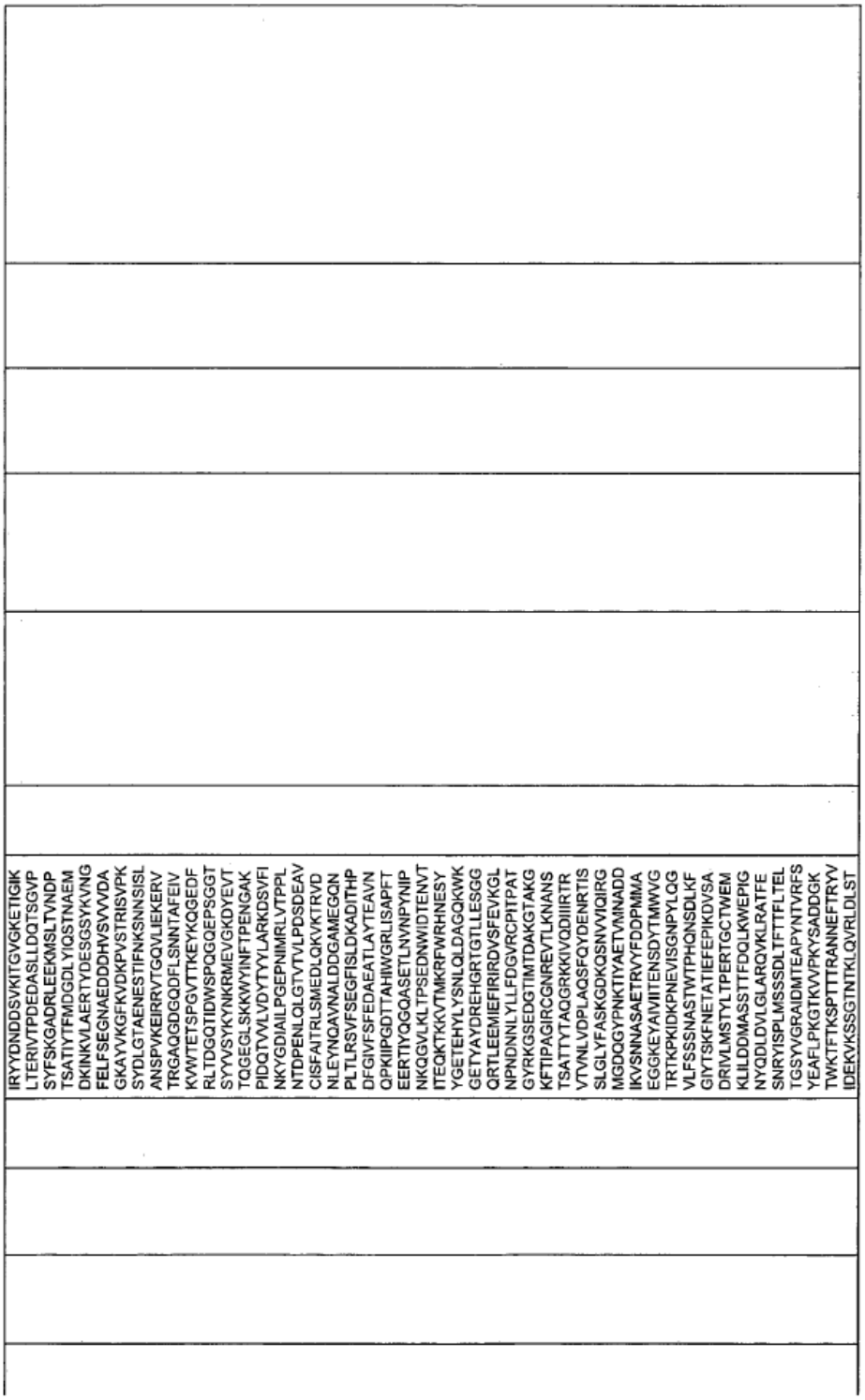

IRYYDNDDSVKITGVGKETIGIK
LTERIVTPDEDASLLDQTSGVP
SYFSKGADRLEEKMSLTVNDP
TSATIYTFMDGDLYIQSTNAEM
DKINKVLAERTYDESGSYKVNG
FELFSEGNAEDDDHVSVVVDA
GKAYVKGFKVDKPVSTRISVPK
SYDLGTAENESTIFNKSNNSISL
ANSPVKEIRRVTGQVLIEKERV
TRGAQGDGQDFLSNNTAFEIV
KVWTETSPGVTTKEYKQGEDF
RLTDGQTIDWSPQGQEPSGGT
SYYVSYKYNKRMEVGKDYEVT
TQGEGLSKKWYINFTPENGAK
PIDQTVVLVDYTYYLARKDSVFI
NKYGDIAILPGEPNIMRLVTPPL
NTDPENLQLGTVTVLPDSDEAV
CISFAITRLSMEDLQKVKTRVD
NLEYNQAVNALDDGAMEGQN
PLTLRSVFSEGFISLDKADITHP
DFGIVFSFEDAEATLAYTEAVN
QPKIIPGDTTAHIWGRLISAPFT
EERTIYQGQASETLNVNPYNIP
NKQGVLKLTPSEDNWIDTENVT
ITEQKTKKVTMKRFWRHNESY
YGETEHYLYSNLQLDAGQKWK
GETYAYDREHGRTGTLLESGG
QRTLEEMIEFIRIRDVSFEVKGL
NPNDNNLYLLFDGVRCPITPAT
GYRKGSEDGTIMTDAKGTAKG
KFTIPAGIRCGNREVTLKNANS
TSATTYTAQGRKKIVQDIIIRTR
VTVNLVDPLAQSFQYDENRTIS
SLGLYFASKGDKQSNVVVIQIRG
MGDQGYPNKTIYAETVMNADD
IKVSNNASAETRVYFDDPMMA
EGGKEYAIVIITENSDYTMWVG
TRTKPKIDKPNEVISGNPYLQG
VLFSSSNASTWTPHQNSDLKF
GIYTSKFNETATIEFEPIKDVSA
DRIVLMSTYLTPERTGCTWEM
KLILDDMASSTTFDQLKWEPIG
NYQDLDVLGLARQVKLRATFE
SNRYISPLMSSSDLTFTFLTEL
TGSYVGRAIDMTEAPYNTVRFS
YEAFLPKGTKVVPKYSADDGK
TWKTFTKSPTTTRANNEFTRYV
IDEKVKSSGTNTKLQVRLDLST

Fig. 10U

				ENSFLRPRVRRLMVTTRDE								
92	66760	66918	654	MPREVRDPYSQAKLFIPTVEEK SIKELEKTYKEKIDEATKLINELK KERGEK	52	ORF262 [Staphylococcus phage G1]	YP_240931.1	3e-20 (52/52)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
93	66919	68838	655	MAFNYTPLTETQKLKDMYPKV NDIGNFLKTEVNLSDVKQISQP DFNNILASIPDSGNYYVTNSKG APSGEATAGFVRLDKRNVNYY KIYYSPYSSNKMYIKTYANGTV YDWISFKLDEGNLYNEGNTLNV KELTESTTQYVTLVNPPKENLN TGWVNYKESKNGVSSLVEFNP VNSTSTFKMIRKLPVQEQKPNL LKDSLFVYPETSSSNIKTDNWN TPPFWGYTANSGRSGVRFRG ENTIQIDDGSSTYPTAMTNRFK MGNELSVGDTITVSVYAKINDP ALLKDNLVYFELAGYDMVDRT DNPYTGGRREITASEITTEWKK YSFTFTIPENTIGASGVKVNYVS LLLRMNCSSSKGNGAVVYYAL PKLEKSSKVTPFITHATDVRKY DEIWSNWQEVISKDELKGHSP VDIEYNDYFKYQWWKSEVNEK SLKDLAMTVPQGYHTFYCQGSI AGTPRGRSIRGTIQVDYDKGDP YRANKFVKLLFTDTEGIPYTLYY GGYNQGWKLLKQSETSTLLWE GTLDFGSTEAVNLNDSLDNYDL IEVTYWTRSAGHFSTKRLDIKN TSNLLYIRDFNISNDSTGSSVDF FEGYCTFPTRTSVQPGMVKSIT LDGSTNTTKVASWNEKERIKVY NIMGINRG	639	Proteína hipotética KgORF66 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024496.1	0,0 (617/640)		PHA01818, proteína hipotética	PHA018 18	6.90e- 04
94	68862	69236	656	MAVKYDIGNNEIVLHLREGKYIT GFTTVGGYDKELGQVKVNREIL PAYFFDNFAYERYLYYSKPEEV IENKNYVPPQINNGDEESQQNT VPKEQYDSLKEELELMRKQQE AMMEMLQKLLGQKG	124	Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024497.1	3e-63 (121/124)		DUF2977, proteína de función desconocida	pfam11 192	2.94e- 12
95	69243	70619	657	MALNFTTITENNVIKDLTTQVNN IGEELTKERNIFDITDDLVYNFN KSQKIKLTDDKGLTKSYGNITAL RDIKEPGYYYIGARTLATLLDRP DMESLDVVLHVVPLDTSSKVV QHLYTLSTNNNQIKMLYRFVSG NSSSEWQFIQGLPSNKNAVISG	458	Proteína hipotética KgORF68 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024498.1	0,0 (445/458)		PHA01818, proteína hipotética	PHA018 18	0.0

Fig. 10V

				TNILDIASPGVYFVMGMTGGMP SGVDSGFLDLSVDANDNRLAR LTDAETGKEYTSIKKPTEVYTA WKKEFEPKDMEKYLLSSIRDD GSASFPLLVYTSDNKTFQQAIID HIDRTGQTTFTFYVQGGVSGS PMSNSCRGLFMSDTPNTSSLH GVYNAIGTDGRNVTGSVVGGN WTSPKTSPSHKELWTGAQSFL SVGTTKNLADDISNYSYVEVYT KHKTVEKTKGNDDSGTICHKFY LDGSGTYVCSGTFVSGDRTDT KPPVTEFYRVGVSFKGSTWTL VDSAVQNSKTQYVTRIIGINMP								
96	70709	72457	658	MRLRIKNLYTYVEFEEDDKYLK DIFLKRVHTTIGARQEGFQYSP AYKRGSWDGYVDFYVYEEDKF PTGLLFKIELLGELQSRYNFQF ETIDERDESFLSEEDIDDEITLL DNNVGQITLRDYQYEAVYNSLT FYNGIAHLATNGGKTEVASGIID QLLPQLEKGERVAFFTGSTEIF HQSADRLQERLNIPIGKVGAGK FDVKQVTVVMIPTLNANLKDPT QGVKVTPKQNISKKIAQEILPKF EGGTNQKKLLKVLLDNTTPKTK VEQNVLSALEIIYQNSKTDAEVL LNLRNHNAHFQKIVREKNEKKY DKYQDMRDFLDSVTVMIVDEA HHSKSDSWYNNLMTCEKALYR IALTGSIDKKDELLWMRLQALF GNVIARTTNKFLIDEGHSARPTI NIIPVANPNDIDRIDDYREAYDK GITNNDFRNKLIAKLTEKWYNQ DKGTLIIVNFIEHGDTISEMLNDL DVEHYFLHGEIDSETRREKLND MRSGKLKVMIATSLIDEGVDIS GINALILGAGGKSLRQTLQRIGR ALRKKKDDNTTQIFDFNDMTNR FLYTHANERRKIYEEEDFEIKDL GK	582	Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024499.1	0,0 (582/582)	Helicasa	**HELICc**, dominio terminal C de la superfamilia de helicasa	cd00079	1.80e-12
97	72469	74082	659	MATKTQRKLYQYLEENATENK FHISTKKELADSLGVSISALSNN LKKLEEENKVVTVSKRGKNGG VIITLVREYDTEELKEFNNSTDN IITSDLQYAKALREKHFPSYRYE RKEQRRRTKIEMAQYNAIKDEK	537	Proteína Rep putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024500.1	0,0 (531/537)	Proteína reguladora de transcripción	Subfamilia HTH_ARSR de proteínas reguladoras de transcripción	cd00090	4.28e-03

Fig. 10W

			RRIIADMNFYSEGLPYPSKDIFN MSYDPEGFYKAYILCKLYDQYA ISHMDAKHTSHLKAMSKATTKD EYDYHQHMSEYYRNKMIQNLP RNSVSDNFFGSKMFNTFYNFY LKIKDKNINVFKYMKNVFKNVTF YYENGMQPNPIPSPNFFSSDK YFKNYNNYIKGIKKGINSTNRHL GDTDSIINSSDYVKNPAVLHLH QLYTTGLNSTLHDIDTMFEQAL DLENASYGLFGDMKHIILLQYN SMIEEEIKNLPIEEKDIINKYVKQ CIINNYSPTSISPSARLSMFTMQ KEHIVYNKQLNKGIKREDLLPLS LGGIVNKDSLSSMDIQNLEQNG NEYLYMRQHTSTYYILRMFGD YLGYEVNLREVKYIVEKYNLIDK IPLTKEGMLDYNKLIHLVEEEVN NYE								
98	74075	75517	660	MSKKIKELILHKSMKDIHFAREV LDNLPKNLFSAESEDMGYLFTA IKRTAHISDKMSNEALAIKVEQL MGNNKEDEEKVTKTLTYLEDLY KVDVNEKDESVNYEIEKYIKTE MSKEVLVKFIAENKQEDSDNLH ELYDKLKQIEVSDISGGNGEFID FFEDTEKKQELLSNLATNKFST GFTSIDNHIEGGIARGEVGLIIAP TGRGKSLMASNLAKNYVKSGL SVLYIALEEKMDRMVLRAECQ MAGAEKSQIVNQDMSLNNKVY DAIQNHYQKNRKLLGDFYISKH MPGEVTPNQLEQIIVNTTIKKDK NIDVVIIDYPHLMRNPYAKYHSE SDAGGKLFEDIRRLSQQYGFV CWTLAQTNRGAYGSDVITSEH VEGSRKIVNAVEVSLAVNQKDE EFKSGFLRLYLDKIRNSSNTGE RFVNLKVEPTKMIVRDETPEEK QEHIQLLSDNGKEDTSKFQNK DNKIEAINNTFGGLPGV	480	Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024501.1	0,0 (480/480)	Helicasa		Helicasa 41	PHA025 42	1.06e-05
99	75596	76621	661	MKFVFFTDSHFHLFTNYAKPDN EFVNDRFKEQIEALQKVFDIAK KEEATVIFGGDLFHKRNSVDTR VYNKVFSTFAKNNEVPVLLLRG NHDATTNSLYTDSSIDTFEYLP NVNVIKSLNTILKDNVNIVFTAY	341	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024502.1	1e-172 (294/345)	Exonucleasa	Nucleasa MPP_Mre11_N, dominio terminal N de metalofosfatasa	cd00840	3.56e-21

Fig. 10X

				GDETKEIKTYINSNYDKDMVNIL VGHLGVEGSLTGKGSHRLEGA FGYQDLLPDKYDFILLGHYHRR QYFQNPNHFYGGSLMQQSFS DEQEANGVHLIDTDKMTTEFIPI HTRRFITIQGEDIPDNFEQLIEE DNFIRVIGTANHAKVLEMDDSM KDKNVEVQIKKEYTVEKRIDSD VSDDPLTIASTYAKQYSPESEQ EILECLKEVL	125	Proteína hipotética KgORF73 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024503.1	3e-65 (123/125)		PHA02275, proteína hipotética	PHA022 75	2.14e-21
100	76621	76998	662	MKKYREYLNKTDAENLAEDWE KVTEDLWKVFKDMKPKINTLDI SNVGSKDLDKSKPILQFQDSD GVIENICNVEGLEDGLSKMKKIF DDSNFEKHYYNRVVDHDGYY WIDYGSHHCFFRVTKGDK									
101	76998	78917	663	MVVFKQVEVNNFLAIKEATLEL DNRGLILIEGENKSNESFHSNG SGKSTLISAITYALYGKTEKGLK ADDVVNNIEKKNTSVKLKFDIG EDSYLIERYRKDKENKNKVKLF VNEKEITGSTNDVTDKQIQDLF GIEFNTYVNAIMYGQGDIPMFS QATDKGKKEILESITKTDVYKQ AQDVAKEKVKEVEEQQNNIRQ EIYKLGYQLSTKDEYFQREIEQ YNQYKEQLVQIENSNKEKDRL REQEEKQIEAQIEQLASQIPTIP EDEFKHSEEYNKASQSLDLLSN KLTELNQVYSEYNTKEQVLKSE IATLSNSLNQLDINDHCPVCGS PIDNSHKLKEQENISNQIENKK QEITSVLEMKDTYKEAIDKVKD KSQEIKDKMSQEDQQEREHNN KINSIIQEASRIKSDISSLENNKT YLKVKYQHQSVQGLEREEPSK EKHEEDKKELQESIDKHEENIV QLETKKGKYQQAVDAFSNKGI RSVVLDFITPFLNEKANEYLQTL SGSDIEIEFQTQVKNAKGELKD KFDVIVKNNKGGGSYKSNSAG EQKRIDLAISFAIQDLIMSKDEIS TNIALYDECFDGLDTIGCENVIK LLKDRLNTVGTIFVTHNTELKP LFEQTIKIVKENGVSKLEEK	639	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024504.1	0.0 (636/639)	Exonucleasa	Subunidad 46 de endonuclea-sa	PHA025 62	1.68e-26
102	78917	79513	664	MKLKILDKDNATLNVFHRNKEH KTIDNVPTANLVDWYPLSNAYE	198	Proteína hipotética KgORF75	YP_024505.1	2e-111 (197/198)		No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 10Y

				YKLSRNGEYLELKRLRSTLPSS YGLDDNNQDIIRDNNHRCKIGY WYNPAVRKDNLKIIEKAKQYGL PVITEEYDANTVEQGFRDIGVIF QSLKTIVVTRYLEGKTEEELRIF NMKSEESQLNEALKESDFSVD LTYSDLGQIYNMLLLMKKISK	[Fago K de Staphylococcus]							
103	79528	80595	665	MRFEDFLTQELGEPKENTIGEL RYCCPFCGEKSYKFYVKQALD SSNGQYHCKKCDETGNPITFM KTYYNITGKQAFDLLESKNIDIE RAPLLTTNNKDLTESEKLILMLR GVHQDKGTTSIKPPRLPEGYKL LKDNLNNKEIIPFLKYLKGRGITL EQIINNNIGYVINGSFYKVDGES KVSLRNSIIFFTYDNNGNYQYW NTRSIEKNPYIKSINAPAKQDEV GRKDVIFNLNIARKKKFLVITEG VFDALTFHEYGVATLGKQVTEN QIKKIDYVSIDTSIYIMLDTDALD NNIDLAYKLKTHFNKVYFVPHG DEDANDMGTRKAFELLKQNRV LVTPESIQSYKIQQKLKL	355	Primasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024506.1	0,0 (352/355)	ADN primasa	DnaG, ADN primasa (tipo bacteriano)	COG0358	1.08e-12
104	80661	80999	666	MSNSKKDILEFVDEYITALRVG NEQRQHQLEEMGKEETATLTD VAKAITNLMLGVNEQMTDLEYN NELNLNILIDALYKAELINEDVLD YIQESIDKSQEEPKNEEEKGEQ E	112	ORF127 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240943.1	2e-55 (111/112)		No se han detectado dominios putativos conservados			
105	80999	81451	667	MEKNISTHTKGISQADMEKWIE AVVQGTVDGKQVDEKTAKQLD RIGSRSVSLEEATRIAKVLNAVT AQEVTGDFNDAFNAIDLMMIIM EDELGVTQEKVGKAKDKLNEK REAYLKEKQEELRQKQQEEAQ KETESDSNEKVIQLKKNDEQ	150	ORF098 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240944.1	2e-78 (149/150)		PHA02277, proteína hipotética	PHA02277	9.45e-43	
106	81438	82046	668	MTNSKKKGDTFERKIAKELTAW WGYQFNRSPQSGGASWGKD NNAVGDIVVPQEANFPLVVECK HREEWTIDNVLLNNREPHTWW EQVINDSSKVDKTPCLIFTRNR AQSYVALPYDEKVYEDLRNNE YPVMRTDFIIDNIRKDKFFYDVLI TTMNGLTSFTPSYIISCYDKKDI KPYKKVESNLSEVSKHEDELIN DLLSDI	202	ORF064 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240945.1	2e-115 (201/202)		No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 10Z

107	82063	82455	669	MTSKERPLIVYFSGTGQTERLV NKINNNSFETFRVKSGKEKVN KPFILITPTYMKGAIPKQIERFLE INGSPKEVIGTGNKQWGSNFC GASKKISEMFKIPLIAKVEQSGH FNEIQPILEHFSNKYKVA	130	Proteína Nrdl putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024509.1	4e-68 (129/139)	Proteína de ribonucleótido reductasa	Flavodoxina_Ndrl	pfam07972	2.44e-29
108	82470	84584	670	MATYGKWIELNNEITQLDDNGK NKLYKDQEALDEYLKYIEDNTR KFNSEVERIRVLTKEGTYDKIFD KVPDTIIDEMTKLAYSFNFKFPS FMAGQKFYESYASKQYDENKK PIFVEDYEQHNVRVALYLFQND YVKARELLVQLMEQTFQPSTPT YNNSGQANRGELSSCYLFVVD DSIESLNFVEDSVANASSNGG GVAIDLTRIPKGAPVRNRPNS SKGVIAFAKAIEHKVSIYDQGGV RQGSGAVYLNIFHNDILDLLSS KKINASESVRLDKLSIGVTIPNK FMELVKEGRPFYTFDTYDINKV YGKYLDELNIDEWYDKLLNNDS IGKVKHDAREVMTDIAKTQLES GYPYVFYIDNANDNHPLKNLGK VKMSNLCTEISQLQEVSEIYPY SYSNQNVINRDVVCTLGSLNLV NVVEKGLLNESVDIGTRALTKV TDIMDLPYLPSVQKANDDIRAIG LGSMNLHGLLAKNMISYGSRE ALDLVNSLYSAINFQSIKTSMLM AKETGKPFKGFEKSDYATGEY FVRYIRESNQPKTDKAKKVLDK VYIPTQDDWDELAKAVKVHGL YNGYRKAEAPTQSISYVQNATS SIMPVPSAIENRQYGDMETYYP MPYLSPITQFFYEGETAYKIDN KRIINTSAVVQKHTDQAVSTILY VESEIPTNKLVSLYYYAWEQGL KSLYYTRSRKLSVIECETCSV	704	Subunidad grande de ribonucleótido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024510.1	0.0 (701/704)	Subunidad grande de ribonucleótido reductasa	RNR_I, ribonucleótido reductasa	cd01679	3.18e-130
109	84598	85647	671	MDITQKVKQHNKNAVLKATNW NIEDDGMSDIYWEQGISQFWT PEEFDVSRDLSSWNSLTESEK NTYKKVLAGLTGLDTKQGGEG MNLVSYHEPRPKYQAVFAFMG GMEEIHAKSYSHIFTTLLSNKET SYLLDTWVEENDFLKVKAQFIG YYYDQLLKPNPTVFDRYMAKV ASAFLESALFYSGFYYPLLLAG	349	Subunidad menor de ribonucleótido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024511.1	0.0 (347/349)	Subunidad menor de ribonucleótido reductasa	RNRR2, ribonucleótido reductasa	cd01049	1.74e-63

Fig. 10AA

				RGQMTQSGAIIYKITQDEAYHG SAVGLTAQYDYNLLTEEEKKQA DKETYELLDILYTNEVAYTHSLY DPLELSEDVINYVQTYNFNRALQ NLGREDYFNPEPYNPIVENQTN VDRLRNVDFFSGKADYEKSTNI KDIKDEDFSFLDSKEYNTAKEF L										
110	85665	85994	672	MDRKEAMDLLSKAEILFKKHDE FSCVSDINDPMKLFSSSKDAKA DDTSKSFQLEFMHDMTMYTLS YGSGQLKLIDLAEGYEAQKATV VNSFPEIIKTLEKDDSEDGKNE	109	Proteína hipotética KgORF82 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024512.1	4e-55 (106/109)			No se han detectado dominios putativos conservados				
111	85978	86298	673	MEKMNSLVDLNTAIRQKKDVIV MITQDNCGKCEILKSVIPMFQE SGDIKKPILTLNLDAEDVDREKA VKLFDIMSTPVLIGYKDGQLVK KYEDQVTPMQLQELESL	106	Proteína similar a tiorredoxina [Fago K de Staphylococcus]	YP_024513.1	8e-54 (106/106)	Proteína similar a tiorredoxina	PHA02278, proteína similar a tiorredoxi-na	PHA022 78	1.12e-45			
112	86505	87101	674	MDELISKSRRYIMRDENHYMLF NEKYNNDRLIEKVCKHGGKVT YYTDSVLPYYVLKDLSSHPDSE VVYRMRNGFTAKEVDNIALSF MGTKVIIDISVVFPYYVNPYDIIRS LHDIKTNVDEVHLSFPRILEVDE KQEKFYFFDGEAYDLKPEYKV DFADKIRVSLSVWKMYILTSS RDFEDVDNVITKLKQQRKIKI	198	Proteína hipotética KgORF84 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024514.1	5e-109 (196/198)			No se han detectado dominios putativos conservados				
113	87111	87416	675	MSTANRRDIARKISENTGYYIQ DVEEILSAETDAISDLLEEGYTK VKNHKFMQIEVIERKGKKAWD GLNKEYFHLPNRKAIKFKPLKE LEEVIDRLNEEEK	101	Factor del huésped de integración putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024515.1	2e-51 (101/101)	Proteína de unión/ plegamiento de ADN		Unión de ADN Bac	pfam00 216	4.22e-12		
114a	87492	88364	676	MKVLILFDHIREEHFSVSKDGS VKSNVLNTPNGKTLKKLLEKCS NLKRDKTNRDYDIDFLYNAVPT PIRNDYGKIIKYQDVKQAEVKP YYERMNNIIIDNSYDMVIPVGKL GVKYLLNVTAIGKVRGVPSKVTI ENETSSHDVWVLPTYSIEYTNV NKNSERHVVSDLQTVGKFVEQ GEEAFKPKEVSYELVDNIERVR EIFNKEVKNDNYDGVDITAWDL ETNSLKPDKEGSKPLVLSLSW RNGQGVTIPLYKSDFNWENGQ DDIDEVLELLKNWLASKEDIKVA HNGK	290	ADN polimerasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024516.1	6e-167 (289/290)	ADN polimerasa	Exonucle-asa similar a ADN_polA _I_Ecoli	cd06139	3.30e-09		

Fig. 10BB

115*	88530	89042	677	VYQLNRGGTVKKDYMTSVKNN KKVCRRCNEELDLSNFKTYKK NDKIYYQSMCIPCRKEYNKLDK TKNTIKKCYDKNGDKYRKQGN EYNTSDRGRELNKKRSRKYRE NNSLKAKARNSVRTALRNGSLL RPSKCSECNKECIPEAHHPDY NKPLEIKWLCKSCHEDTHKK	170	Proteína hipotética KgORF87 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024517.1	4e-79 (145/156)		No se han detectado dominios putativos conservados			
114b	89178	91508	678	MSTENFKDFESIQDTKVGWYL AVTQEVKESLRLSDLAYEVTDV GGYDKPLEDFKLWFVTKLLRFF SDKIKEIQKENKKIAKKEYDVKA PEYKEWLENKLNETVVELDDT EKKFRVSELEKKYIQLGLSPEIV NMNLVMNNDEFISIAEQSPEYM GLSDYAKSYTLNTAINLINEYRD VKDVVNDIDGGNFNYDWFPIEL MHPYASGDTDVCRRIIHCDVVK KLKEQDRPKSMHLLEVNYPRL TKSLARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMAKNHATMREHWA VKEFEEYQYNLYQMALEEHEK KPKDRDKDIHQYRDKFKDGKW MFSPSSGDHKGRVTYDILGIQL PYDKEYVKEKPFNANVKEADLT WQDYKTDKKAIGYALDNLELKD DVRELLELLKYHASMQTKRNSF TKKLPNMINKQKRTLHGSFSET GTETSRLSSSNPNLQNLPAHTS DVNKFDYKHPIKRSFVSRFENG VLLGADYSALEMRIIGLFTKDPD MLQSFLNGEDIHKATASIVYNK PVEEVTKEERQATKAVNFGLAF GESPFSFAGKNNMEVSEAEEIF EKYFQTKPSVKTSIDNVHEFVQ QYGYVDTMHGHRRFIRSAQST DKKIKNEGLRQSFNTIIQGSGSF LTNMSLTYLDDFIQSRNLKSKVI ATVHDSILIDCPPEEAKIMAKVTI HIMENLPFDFLKAEIDGKEVQY PIEADMEIGLNYNDMVEYDEEE IDTFNSYQGYIKYMMNLQTLED YKESGKLTDEQFEKATNVVKS EKHIYQEI	776	ADN polimerasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024516.1	0.0 (770/776)	ADN polimerasa	ADN_pol_A_I_C	cd08637	8.00e-72
116	91577	91819	679	VNTGEIRFNRSMDEWITSMYQ DELGDMNIVVTFYNREENKHG STVLPTESSTGEVTEELANLEE	80	ORF181 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240959.1	7e-37 (77/80)		No se han detectado dominios putativos conservados	

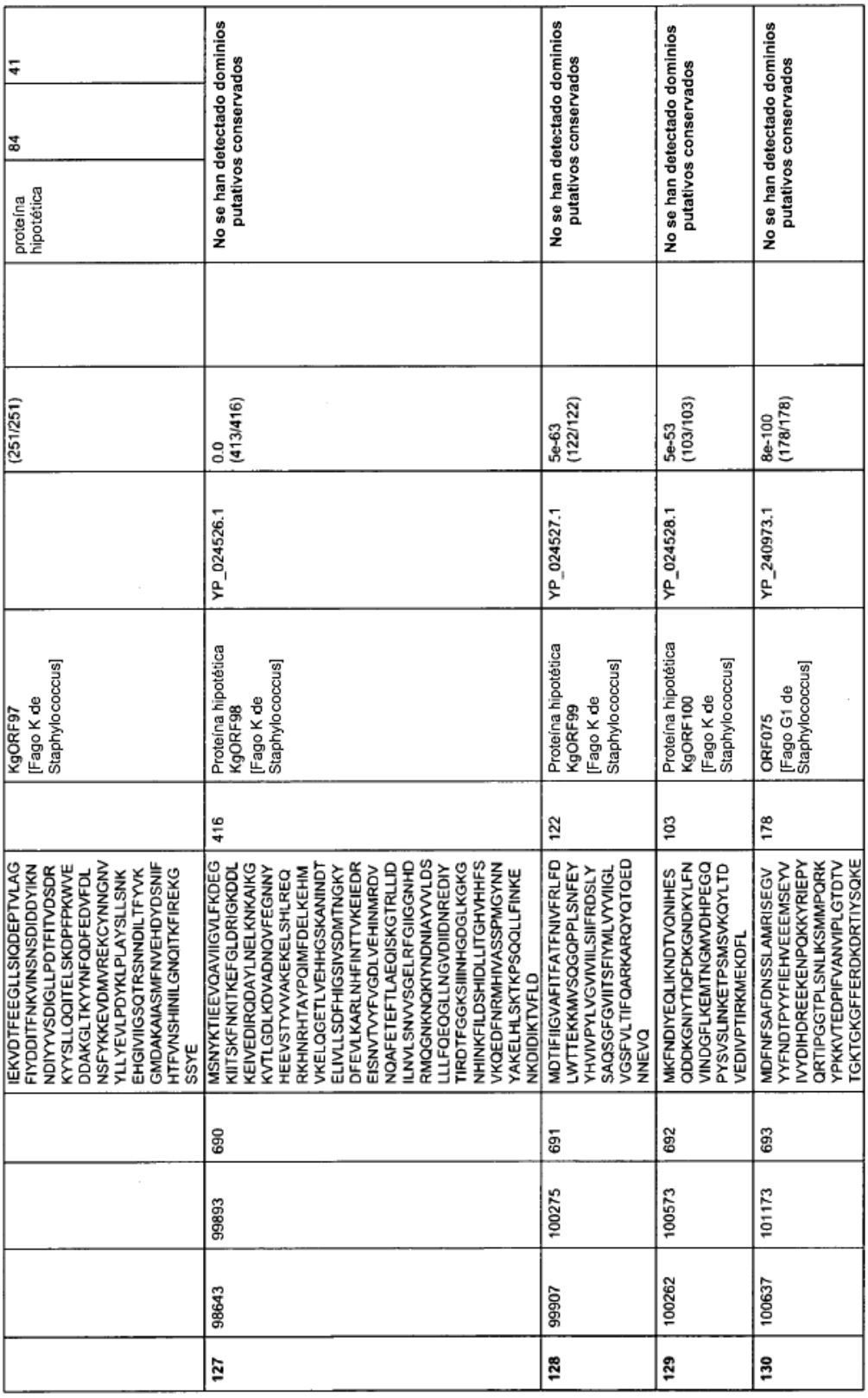
Fig. 10CC

				EYPLALPLSSISVNI								
117	91836	92318	680	MEIHIDSLDFTNFTIKDRNGNSQ EFDITDELRITEYTIQEDFMQQS AKYAFWASILEKVRAYSEMEQ RNLETIGSKLNLTIRQEYEQQG KKPTKDMIESSVYIHDSYQQQL KVVEAWNYKVKQLQYVVKAFE TRRDMMIQLGAELRQTNKNGG ITNPFSH	160	Proteína hipotética KgORF91 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024519.1	5e-90 (160/160)		No se han detectado dominios putativos conservados		
118	92405	93676	681	MDFNQFINNEASKLESNNSSFN NNVESYKPKNPVLRLGNIKDAN GNKVVKENAFVRVLPPAQGTN VFFKEFRTTGINYSKKDGSQGF TGLTLPAEEGSSVLDPYIQDWI TNGVQFSRFPNKPGVRYYIHVI EYFNNNGQIQPKTDAQGNVMI QPMELSNTGYKELLANLKDTM LKPSPNAPHSFISANEAFLVNIV KAKKGEMSWKVSVYPNAPLGA LPQGWEQQLSDLDQLAKPTEE QNPNFVNFLINNVNNTELSHDN FKFNRETNVLGEEPSEPKQAP TQQDVDSQMPSNMGGQPNQP QQGQVGQYAQQGQSNGQGQ QLQGTQQPINNTQFGQGTPSG QQPSNTGSVDWDNLAQQQSQ PDSNPFNDFDVSSVDDSQVPF ETQPQNTQQAPEPHQTTQEPP KQKQTQSIDDVLGGLDLDNL	423	Proteína hipotética KgORF92 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024520.1	0.0 (421/423)		No se han detectado dominios putativos conservados		
119	93736	94992	682	MARAKKGKEVDLTDLNTIDLGK ELGLTLLSDTNRADIKNVIPTMV PQYDYILGGGIPLGRLTEVYGL TGSGKSTFAVHLSRIATQLGVIT IWIDIEGTADNNRMEQLGVDVS KLFSIQSGEGRLKNTVELSVEQ VGKELEYWIDTFNEKIPGVPIVF IWDSLGATRTQKEIDGGIDEKQ MGLKASATQKVINAVTPKLNDT NTGLIVINQARDDMNAGMYGD PIKSTGGRAFEHSASLRIKVHK ASQLKQKSELTGKDEYHGHIM RIETKKSKLSRPGQKAEADLLS DYMVGKEDDPILLNGIDLEHTV YKEAVERGLITKGAWRNYVTLN GEEIKLRDAEWVPVLKDNRELY LELFSRVYGEHFPNGYSPLLNN KVIVTQLEEYQALENYYKEWAT	418	Proteína de reparación de ADN putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024521.1	0.0 (417/418)	Proteína de reparación de ADN	recA	cd00983	1.99e-34

Fig. 10DD

				DNKQEEQEEELKGESQEKDSE								
120	94996	95349	683	MDNLIDKNMSQVKESLGNANS SDVLPLPYKDIAKKFEEVKEKG ESIIIEEGGFPYTDSTVMYIEHV TDRWAGGYSLIRHEGEEVKVP KTIHFSDIYVKDKSHKVRIIFEGA NPYEES	117	ORF121 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240963.1	3e-61 (116/117)			No se han detectado dominios putativos conservados		
121	95336	95998	684	MKKANNGNRYVIDIDGIPVDFE RDLDSLLNRYKNLRWSLYHRY AGILSNDFERQELREYIDEQFIK LVKEYNIRSKVDFPGYIKAKLTL RVQNSYVKKNEKYKRTEIIGKK DYTVESLTEDLNEDFEDNQIMS YVFDDIEFTEVQSELLKELLINP EREDDAFIVSQVAEKFDMKRK EVASELTELRDYVRFKINAYHE YYAKKELNNHRVNTENHIWEN	220	Factor sigma putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024522.1	1e-122 (220/220)	Factor sigma		No se han detectado dominios putativos conservados		
122	96126	96758	685	MAKKNVNDVLQQESVTVADKY LQVKVNRDGYTRTHEGQQYAYK VVSEGEELFLYPVQTDGKGTL NVMKKSPIAYTDGDNIIHFVVNT VVDPYNHSFIRTEDIKGLDKGK QLIQAFLAFVEDRFKFGVYNVF VANNKEDVLSIVDPTDNDADEV KDSLEHAHEDVIADFPASPARK DVKGVDSGEGQGDTSEPSAPK NVQVTPKEDGADVSAE	210	Proteína hipotética KgORF95 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024523.1	1e-117 (210/210)		PHA02283, proteína hipotética	PHA022 83	5.30e-71
123	96781	97293	686	LAKLNLYKGNELLNSVEKTEGK STITIENLDANTDYPKGTFKVSF SNDSGESEKVDVPQFKTKAIKV ISVTLDVDSLDLTVGDTHQLST TITPSEASNKNVSFESDKSGVA SVTSEDLIEAVSAGTANVTVTT EDGSHTDIVAVTVKEPIPEAPA DVTVEPGENSADITV	170	Proteína de cola mayor putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024524.1	3e-88 (168/170)	Proteína de cola mayor	Proteínas Big_2 de la superficie bacteriana que contienen dominios similares a Ig	pfam02 368	1.61e-03
124	97308	97535	687	MEKTLKVYSNGEVVGSQVANN DGATTVSITGLEAGKTYAKGDF KVAFANDSGESEKVDVPEFTT KTPTEEPSGDA	75	ORF189 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240967.1	1e-34 (75/75)		No putative conserved domains have been detected		
125	97631	97891	688	MDIPTILFRNPYDYTKVKKLME NKEQYIVVKFDSVSVHNLNVQ GMMNVIQDYLHIYGYRVKEYG QENSSKDDERDVKGYLYERVG E	86	ORF174 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240968.1	2e-42 (86/86)		No putative conserved domains have been detected		
126	97895	98650	689	MGIIVNSNHIQSDTLYEYDSFFD	251	Proteína hipotética	YP_024525.1	1e-141		PHA02284,	PHA022	1.74e-

Fig. 10EE



				IEKVDTFEEGLLSIQDEPTVLAG FIYDDITFNKVINSNSDIDDYIKN NDIYYVSDIGLLPDTFITVDSDR KYYSLLQQITELSKDPFPKWVE DDAKGLTKYYNFQDFEDVFDL NSFYKKEVDMVREKCYNNGNV YLLYEVLPDYKLPLAYSLLSNK EHGIVIIGSQTRSNNDILTFYVK GMDAKAIASMFNVEHDYDSNIF HTFVNSHINILGNQITKFIREKG SSYE	416	Proteína hipotética KgORF98 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024526.1	0.0 (413/416)		proteína hipotética	84	41
127	98643	99893	690	MSNYKTIEEVQAVIIGVLFKDEG KIITSKFNKITKEFGLDRIGKDDL KEIVEDIRQDAYLNELKNKAIKG KVTLGDLKDVADNQVFEGNNY HEEVSTYVVAKEKELSHLREQ RKHNRHTAYPQIMFDELKEHIM VKELQGETLVEHHGSKANINDT ELIVLLSDFHIGSIVSDMTNGKY DFEVLKARLNHFINTTVKEIEDR EISNVTVYFVGDLVEHINMRDV NQAFETEFTLAEQISKGTRLLID ILNVLSNVVSGELRFGIIGGNHD RMQGNKNQKIYNDNIAYVVLDS LLLFQEQGLLNGVDIIDNREDIY TIRDTFGGKSIIINHGDGLKGKG NHINKFILDSHIDLLITGHVHHFS VKQEDFNRMHIVASSPMGYNN YAKELHLSKTKPSQGLLFINKE NKDIDIKTVFLD								**No se han detectado dominios putativos conservados**
128	99907	100275	691	MDTIFIIGVAFITFATFNIVFRLFD LWTTEKKMVSQGQPPLSNFEY YHVIVPYLVGVIVIILSIIFRDSLY SAQSGFGVIITSFIYMLVYVIIGL VGSFVLTIFQARKARQYQTQED NNEVQ	122	Proteína hipotética KgORF99 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024527.1	5e-63 (122/122)				**No se han detectado dominios putativos conservados**
129	100262	100573	692	MKFNDIYEQLIKNDTVQNIHES QDDKGNIYTIQFDKGNDKYLFN VINDGFLKEMTNGMVDHPEGQ PYSVSLINKETPSMSVKQYLTD VEDIVPTIRKMEKDFL	103	Proteína hipotética KgORF100 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024528.1	5e-53 (103/103)				**No se han detectado dominios putativos conservados**
130	100637	101173	693	MDFNFSAFDNSSLAMRISEGV YYFNDTPYYFIEHVEEEMSEYV IVYDIHDREEKENPQKKYRIEPY QRTIPGGTPLSNLIKSMMPQRK YPKKVTEDPIFVANVIPLGTDTV TGKTGKGFFERDKDRTIYSQKE	178	ORF075 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240973.1	8e-100 (178/178)				**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10FF

				PTKVVHGQYTGVFIGLTSVKW NRTYTPLESVVEYYKRVKGDR LNV						
131	101166	101933	694	MSNDVVKFYEKDIKDLIRTKKH MFKDDEITSDINDIRIFNEKVICQ GKCRTDCLVLDRNGTVMGIEIK TERDSTQRLNNQLKYYSLVCK YVYVMCHDKHVPKVEQILKRY KHNHVGIMSYISFKGKPVVGKY KDATPSPHRSPYHTMNILWKT NLMTILRLIRDPHTYRTGYSYN ASGRYSGGEGNFSQTTQSKR MKKPAIINQIIHYYGVDNTYKLF TRGVIYGYNNRWEVIEEDFFNT MKNGVRVINEQRQTK	255	Proteína hipotética KgORF101 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024529.1	5e-149 (255/255)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
132	101911	102357	695	MSKDKPNRRKEIQHQPVNFAP TNTLTGANNSFFAKNPSEPKDA TSVIEYRILFIKRFDNVTSTDVKL QKKYALNLISEALDVKETYLSLK QKGKKTESILHTDRVYYVHRGK KLIGKCSIREQRTFKGKHLIFIFK TRHRVKAERKDK	148	Proteína hipotética KgORF102 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024530.1	2e-80 (147/148)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
133	102357	103220	696	MLKGFSEHVDKPTTSKTLYKTL TSGKVELLGVSYDSDYFPSGV TVQSYIEDIGNEDEGLQFVNKV NVVESMKQAVVGMNNQLGSS GLGYVRTEQLKKELEETGLMT DLLARGTNLTSTKKVDIVSTFIE PEVTYQNITIAKDIKLRLYKVEE ESPLNGYTHIVYLLTTEKLYDG QTLFGMLSKKDKLSKGDTDKLL AFFRNNSLISKSVFCVKLLSKD YYFNLYNTHETGIFFLEDTDVTI ACGQSYVKVNTKDIKSSYVKIE DKTHKLTELVINLKGDDTLTILF	287	ORF036 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240976.1	1e-160 (286/287)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
134	103592	104323	697	MARKKNLRNKNSDIKVVPDKE KESILSKLYHNKLLRSKVDNAL DEDMSYDDIIELCKEYDLELSK SAITRYKSKRKEAIENGIWDLGE LIDKRKKTSVKDIKEKETPILEEE QLSPFEQSKHHTQTIYDDIQVL DMIISKGAKGLEFVETLDPALMI RAMETKDKITGNQLKGMSFIGL RELQLKQTAQDTAMSEVLLEFI PEEKHEEVLQRLEELQNEFYK NLDLDEESRKLKEALDRVGYTI	243	Proteína hipotética KgORF103 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024531.1	6e-136 (243/243)		**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10GG

135	104341	104799	698	MADEISLNPIQDAKPIDDIVDIMT YLKNGKVLRVKQDNQGDILVR MSPGKHKFTEVSRDLDKESFY YKRHWVLYNVSVNSLITFDVYL DEEYSETTKVKYPKDTIVEYTR EDQEKDVAMIKEILTDNNGNYF YALTGETMLFDENKLNKVKD	152	ORF094 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240978.1	3e-82 (151/152)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
136	104864	105307	699	MFISLNQEEKELLTKEESKYTPL ETSREFNTPKEEFIVTSYNEGK PLDYIAKEAKVSMGLIYTVLNYY KVGKRNKKSPVEERIAHILKDK NLVKEIIKDYQYMNLQDIYSKYN LHKNGLYYILDLYHVERKSELK DKALEEDNIVVE	147	Proteína hipotética KgORF105 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024533.1	2e-77 (147/147)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
137	105324	106028	700	MRNKKSFQEQLNDMRNKEKW VSEEEFTEEVAPSEEPEVEEEK LYTLNELKENLLDAQGLKDVVA DFPASKDLYEPNKLYICTIPKGY RSTEVQPGQYIGISTGLLSESE DFSHLRGQMPRNLYETSHVLK PLVRINNTNLEYQQHELLEDIKD DKKIYDVELEDLRLVTGEEISHL EIVDSKFFESRINEILDRYTELT DSDDLLIYYSKLRELVGSDKMIY CSLLDKCVKIID	234	ORF106 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024534.1	3e-118 (223/234)		PHA02290, proteína hipotética	PHA022 90	4.62e-30
138	106091	106489	701	MSRKASIFYILVVIVLAFSISSYYI SSFMYHDKAKNEVSTELSNTG KIKEEKNVEFVGDYTLKKVENN KAYFMETLPTYLPGRTGDNSID MRYYKTSRFKEGVNFKLIRVYT EDGEDNPIHKYRFEAVPTKK	132	Proteína hipotética KgORF107 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024535.1	5e-70 (131/132)		PHA02291, proteína hipotética	PHA022 91	7.32e-18
139	106636	106878	702	MEMADLERFDTFVRLVSDDEL SEERALELSVDLLNPILEGGTA YQAKKRIRSKFGKIEAKNFKRN YKFLLKSIAQIDQRR	80	ORF182 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240982.1	2e-35 (74/80)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
140	106883	107440	703	MIEREKLVKEIEDANRDIQLRLK EVDDYKDSIRSKGTRNYVSTKV LDSVMVGLIISFFILVMLRVLEYF VTGNAVYSPLAPAVIIMFVLALG TWKVSKMNKIVSYRGTIKMYW ELSNAEQNQAKVFKYPNDEVDI VSKHNLRQITFSEINILHLKYMR YNKAVEQHTKLSKELFKKDKET VDKNK	185	Proteína hipotética KgORF108 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024536.1	1e-66 (120/135)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
141	107476	107652	704	MVIPSIKAQNKFKNELEYYKQG	58	ORF240	YP_240984.1	8e-25			**No se han detectado dominios**

Fig. 10HH

			HISESKMLELAFDYIQELEQNN EYVTNLLEEERYGE		[Fago G1 de Staphylococcus]		(58/58)			putativos conservados
142	107645	107893	705	VSKFIGVYLFNLLVVALIYTVGF LFFYGVASLVIILTHATIDPFVLA TFLGIGFLVIRTAHRIMARVIND AVAKAIKDKENE	82	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
143	107886	108119	706	MNKGEFIMDKTLPKFSVYEVIV KTVIMTPTEGSSDLESFYFSTR ELAERFVEENTVETKNGKRVSF AVKERKVNQPG	77	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
144	108200	108688	707	MKVSEEVKQSYLENRANTKMD KISWSELRSSPLGITLGDIIFYSV VIIDNIIAIILTLTLIGTITDSIESTL AQIIVGMFIIITIYGILSALIPILVHK AVSPGWSYTEWNESYYIRLPG EENYKYYSKWYLDLLGVKEFY YKRDNGEEVKEKIYHGLFKLK	162	ORF076 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240985.1	2e-52 (104/112)			No se han detectado dominios putativos conservados
145	108724	108843	708	LLTNRPLTILEYKKLKKLDKESEI RKQEDLEEYKQYNSN	39	ORF076 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240985.1	5e-13 (39/39)			No se han detectado dominios putativos conservados
146	108858	109106	709	MISSFDSILLVIYIIIAFAVAMAIIY LVFKGMTILLDKLMMLLLSKTTL DVEACSMIMAVISTIVFGIIVLLI WLAVNNILL	82	No significant similarity found.					No se han detectado dominios putativos conservados
147	109118	109294	710	MDFNDFINSESDRVGKPKQKK KVENKLPSSTPIEDKEKKLKEIR KKSLYIDLRRKRND	58	ORF241 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240986.1	1e-23 (58/58)			No se han detectado dominios putativos conservados
148	109287	109583	711	MTKETNVLYKDKYRDYTIVVRL AGNIIVTEVDKKHKTAFTPIIFDN GVEGVELVMRIGSVELSMTDL REFTKEVSTAQKALEYFNKKLY IKGLTDEAF	98	ORF152 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240987.1	1e-48 (97/98)			No se han detectado dominios putativos conservados
149	109631	109813	712	MLLGILWFIWGFVSYFVLMFGI EFWKDRWMPGVIGAGALLLFL FWIMKSIHNAMTVVYLY	60	Proteína MbpK de membrana hipotética [Fago K de Staphylococcus]	ACB89144.1	3e-25 (60/60)	Proteína MbpK de membrana		No se han detectado dominios putativos conservados
150	109826	110197	713	MIDILVIHYEETNKRVLKETIQTI QNHLNDEHGLVKMTATKLSRE NIEKRFNNYNIVIAEDDPDNSYH YGEAVEDADFIIDIPISYLDIHAGI EWDVDNPVDMLDRNPDFIEAV NKLNEDLML	123	ORF119 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240989.1	9e-63 (119/122)			No se han detectado dominios putativos conservados
151	110210	110557	714	MLNEKLKNLEDTKVYMINSIASL LSASTGKSSKVFFDEGTIKDVSG	115	ORF124 [Fago G1 de	YP_240990.1	9e-60			No se han detectado dominios

Fig. 10III

				ETKAVEVIDNLVHPHSGRLPIKT TERIALGRLTDSLQFVISEIEVV KDQIIDEENEAYIDFVMEDWNW D		Staphylococcus]		(115/115)		putativos conservados
152	110557	110835	715	MPMDLLTIASVAFIAVVIIDLIND DMSYMLTGTAILINWAGFYGW FFLLQAGMLLFLLLARKVKDDK ESILYSSASLICALGMIINLLSFS	92	ORF162 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240991.1	1e-43 (92/92)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
153	110905	111210	716	MSKETIRRQFSNAEIMATTKE WWNFPKSFDTNKEFKIKTFKN DTLVFEVREGSRNLGSFVVFTN IDFDYDKLEGTSTQYMINYFAK KLTKDMFNYHKLQL	101	ORF140 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240992.1	4e-52 (101/101)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
154	111225	111575	717	MREELKPFNRKQVNVKGYLDD VKYSKRRRHKGNQHGCVKITV TDVKINGIPIDHVNIEVGISFYEK LKELQGKRIQFVGTVYKYVVKHA RGRKGRIKGFYKEDYSVTLDKK LQKEEK	116	ORF122 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240993.1	2e-59 (116/116)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
155	111575	111754	718	MTEWYALCYYDKVGKKKIPRQ VRAHRDISVLEELKERLEERNP NTEYSIKTTKEFDEER	59	ORF237 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240995.1	6e-21(46/59)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
156	111980	112390	719	VKLEDKVLERIDSLGGKLGDIS QHAWEALVKYQIIYGIIDLIVGIV VIALTLFLWKVFINQHKKVNDM DRDDDYSLLFEDCEDLSGIGLF YVIVTSLISLFAFIYLIYGIPMDIIK ILNPEVFAWKDLIEQAKGGN	136	ORF107 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240996.1	3e-34 (81/136)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
157	112392	112685	720	MKQRDFEFEEDFVLTYECEDC KHFEDWGHDEEPEECSECGS SDLINNTSHEDTECDMCKGYID MWQDGYRYMGDNKAYLEKED SGLICEDCYEKLDI	97	gp ORF160 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89153.1	4e-47 (93/97)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
158	112701	112988	721	MNKAVEQASNAVGQGFSAMV WHQVLVGLGFILLGLILSLLVWV LVKKFHVPFNHPTAFVVYSIML VSIVASFIWGGLHVINPEYYAIL ELKGFIK	95	ORF157 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240999.1	3e-37 (93/95)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
159	112999	113112	722	MTKEELEQRVKELEAENKELKK QIERFEDEGGKTKDE	37	ORF362 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241000.1	6e-10 (36/37)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
160	113105	113371	723	MNSRQKKILTLTVSNFLILALDT VALIRYKKGKIKQENYNTGQITR MIATTANSLGILYLEEQERKEVK	88	ORF170 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241001.1	2e-31 (68/86)		**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10JJ

				DIKVGTFEIGALKRFTNNK										
161	113449	113754	724	MKGIIIFYKEETKEDLGYFLGFIN FKLEGLSVTTEGTLVDNDVVVL KDNQIINEDNLEQFSMSNNNLVI GILGHSSLSVRIYEKGIRQEFDR VEEYLEELRQ	101	**No se encontró una similitud significativa.**								**No se han detectado dominios putativos conservados**
162	113754	114155	725	MIFILIFGLLFILSLLGIFIYSIVLR KKKQLIEERESFGIYNRTKEKL GDVTRLGYEEDVYKLIIHNQSNK TIIEDKKSKVVDTIKKMYELELT SVDVSKVEGLSPLDTEPMTNM KLLSYKLDREGLYSLSKFI	133	**No se encontró una similitud significativa.**								**No se han detectado dominios putativos conservados**
163	114166	114402	726	MEFIDKNNVIKAYDIPNVYLKGY VLQACDKNGDTTAYDGYDQIH YKEGRVLTFPFDKPLRKINVLS GYYKLFKKEDII	78	**No se encontró una similitud significativa.**								**No se han detectado dominios putativos conservados**
164	114399	114926	727	MIYFVSDLHFGHDNIREFEAPT RSHWNSVEEMNEGLIELWNNT ITNNDIVYNIGDFFFNMKPSKVE DILNRLNYKEMILIAGNHDHKKL IKLYERNGITVKYADMIKKDGKR FYLSHYPTLIGRKNMFNIHGHIH SQLMGTEYHINVGYDVEGKIAY SFDDIISRAGEYNGEIQR	175	Proteína de fago [Staphylococcus aureus subesp. aureus TW20]	CBI49957.1	1e-66 (124/165)	Fosfoestera-sa o fosfohidrola-sa	MPP_AQ15 75, familia de metalofos-fatasas	cd07390	2.83e-37	
						gp43 [Fago A511 de Listeria]	YP_001468613.1	2e-18 (65/174)						
165	114907	115218	728	MEKFKGKDLYKTRIRKQTIKNL VIKTEKLHNKHGKYRPIGHVYY YPKTKEFTLSKPEQKIFIEYMKA LGFSVKHKRRKKIIIVYKNVLDE YLSMYQEAIESTC	103	**No se encontró una similitud significativa.**								**No se han detectado dominios putativos conservados**
166	115264	115443	729	MKHFILILGIVILVIALGIVLPAWIL QLVLSAFGVKVSIWVCIGIFILIS AVGSMFSRN	59	ORF236 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241002.1	3e-22 (58/59)						**No se han detectado dominios putativos conservados**
167	115458	115721	730	MAKYESNINGENYIATPSQALR EALAELIREEKNFAEYQTKGEE QYESQLQLRHFDSMISQYEEAI RVLEDRYSPQIFIPKDNKEEK	87	ORF171 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241003.1	3e-39 (80/86)						**No se han detectado dominios putativos conservados**
168	115724	116041	731	MKAESIARFFQDKVLQIEGYKV RFTQASSSYILDIDTMDESVLFL DTVVFTLSGKYLLDTHITINKPE TLSSNELYTEISNKLQEIVGDQT KTDIELSKYFKEVK	105	ORF137 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241004.1	4e-42 (88/105)						**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10KK

169	116042	116722	732	MSSEAITNHLLNLNQIKDKEYNIH AYIKKSVCSGIENADFEVRINYI ADKDPNYIRTINSIIFVDYSNRN PKEILLQFKEKILSIVKEQVEIDN DFIEAIKDINTNHELEKLEPFINK EYYSMFKSSIEKEVPVALSSEV LNRCTGKTSTLAYLAIEKDLPLI VSNNSMMKMLKKDYPSVKVSS VEDFSNYNIKGEIVLIDEVDVDQ LYSADRVSVDALLVGIIKN	226	ORF055 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241006.1	4e-84 (158/226)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
170	116800	116958	733	MVGIIILIVGLILFLASGYKLVLGK YYDDIDLKMLFTIFGIGAILLLTG FIL	52	ORF263 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241007.1	4e-12 (38/52)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
171	116974	117198	734	MNYKEVLEVIKKNKPCKVRFTG SILAIVNKEFNADTDKGILQIDVS NINKNDYIKLQQYCLERDDYTV AGAILF	74	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
172	117211	117411	735	MNYRDFITDCISCGYKVHISVTE KRVHIISEMTSASYPKKEINLDE LQAYVYYMNNFGSQITTEGL	66	ORF211 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241008.1	5e-30 (64/66)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
173	117412	117702	736	MELVINIIAVLIGMYGIYFYVTKF STGLSGILIVLGMAVGLYFYLDY LNVRENVIRLVSVMFGAFLFSIE MIYNKIMFEIKKSKYDKTVRTYR GDQ	96	Proteína MbpO de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	YP_241009.1	3e-40 (85/96)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
174	117853	118206	737	MNARKARKNTKNHKDSSVVTK EQHLTYIYNKINYLIANSSSQGK TYVVMNLRTGYPDEFSLSKLKY LKEIKQHYKDLGFTVQTQVRKS RWSEKSIIRYYFNLGYIDSVLVP IIHISW	117	Proteína hipotética KgORF115 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024543.1	4e-57 (107/117)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
175	118225	118398	738	MDNPNLNKKTLRAVIREMDKDI EERAEALRREETRLSIARDNRK RLYIELESILEEE	57	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
176	118401	118625	739	MDFNLKDYAVRPITDKEGNMV VRTVYVCLKREYSIDWVVDKVY GRQESSETWLKFMQEIRNIERA KLRVEKWQVN	74	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
177	118652	118810	740	MSLSELLEYHKNSGKERAEYIS DNGNCRVAIMHYDKWAVVGDL ENAVFTIEK	52	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**
178	118816	118917	741	MYLFAKIIIISIDVIPLMSIIVVQLIT DYNDRH	33	ORF445 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241021.1	2e-04 (24/33)		**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10LL

179	119523	119693	742	MIIPLIILMMTFGTFAFSYVAHDA YRVDEKGIMYAMVVGIVVINVIG LEMIIVECL	56	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
180	119709	120002	743	MIDIYLHSEYDKDKLKFILKAIRD FSPRELTYDFRNPKADVSIQEL LGDDIDIFESIALDYPNDINILVG DSGYSIVYQNDFLTISGLSTAM KEVIG	97	gp ORF182 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89175.1	2e-08 (38/92)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
181	119999	120184	744	MIGFTILSTIMVILVIAMYTQVLV DMIQSIRYDRFDKVLNIVTFIVM TVVLVSGILIMFDI	61	ORF231 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241023.1	7e-11 (37/61)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
182	120293	120607	745	MKAIVYCAKRYSKHTLKHILEEL EAENSDLTFSTEISDLGEVDIVV QHTKLPFSELMDLCSKVSKGS DRFYVFVGNHSGYYINGDLYIN EIGKFITSRETNVMM	104	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
183	120621	120938	746	MIEIRLVEGYDKSQLKFMLKKIK RVAPRELTYDIEAGIDSVDVNIE DVLPHKSPQEYERYSMLLEED LWIVILESGYIAYWDGKKYGGE ALDDIIYNMFKGRGRL	105	Proteína hipotética KgORF117 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024545.1	1e-22 (56/99)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
184	120938	121234	747	MIEVFLSKDYDKDLLKAYLEYIR KSASRELKYNTNHTKGTDVNIE NIISYTNQEVHHFSSYGMIYRDD LCVFIDNTRVSEYLNGEPVGVD TIYKYIKEM	98	gp ORF185 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89178.1	6e-19 (48/98)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
185	121238	121495	748	MFKVYYTVYHRQSMKTIKDKLD RSGLIYFLYETWYYKDINNVCPS NYNPEFGSLNKDIDIDRLIEAVN EEGILLINHGNYVTVEEW	85	ORF175 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241027.1	2e-33 (70/85)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
186	121593	122201	749	MIDIEIKIWDETLRMQVEEEDVL SFLSKFKNKTTGDKEESYGVGL DESKWKVHPFYTRYEVHPEGY VRLKDTKTPVIFTKYRKELHHK PQFISSNIMDDEGKHTVALHKL VADTFIPIPWYLQGYNYTDLSV GLKDGDYENKEAVKAYNLAWY VGRIRGNAPMIKLMDLEDDRVL YFASIPQIENFIRDNKLDPKRFN YKTE	202	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
187	122667	122413	750	MEFKFEGTKEELNKEVHNLLKK VNYVYQVNIFENELRNLIDVKE KDYLFSLSVDYNWLMEEKQKD GYNDLASAIYEEYIETYLN	84	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10MM

188	123008	123316	751	MDVKEIANTIMELWQMDGYRC TEPPLYESTLNHTRTYTALIVSI KGNYDTVQMFRKTPIMSMRGQ AQPASMLVNVIDDVIIIVYENVV YGVQNKEIKFIEEI	102	ORF145 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241031.1	5e-52 (99/102)		No se han detectado dominios putativos conservados
189	123520	123807	752	MTNKNYLYEEAHTVQGNEITAF RIPNDANGNPRYVVHFMDLNIK LADYDNINKLYGFNKYRAKWF GGGVVFQSYNIEDTLNFALDKV KEIEAVKN	95	ORF159 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241032.1	1e-38 (76/88)		No se han detectado dominios putativos conservados
190	123857	124048	753	MKFKIEKNNSDIKTLWNLAKNG YMSYQTVHNIFKNESDEFIIFNS KQTYNKFMELRYNRSAIQ	63	ORF221 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241033.1	6e-28 (62/63)		No se han detectado dominios putativos conservados
191	124566	124724	754	MLKFKWKNKTIKSTQKTDNILLL IIGGLVATITPKLVNWFLLLQDNI NIFLR	52	ORF253 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238667.1	0.012 (21/38)		No se han detectado dominios putativos conservados
192	124794	124925	755	MKKITTTLNLIGMKNNERFTEEL KNYRQDVTFLKANKIVKYSK	43	ORF297 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241036.1	1e-15 (43/43)		No se han detectado dominios putativos conservados
193	125091	125414	756	MKFIKTIENLLTKAENKGQAILN GRYYDGYRNGELEEKYAIEIEG NKLVMRHWGTQTIEIDLGMKEI VSYYGESNSDRDSLNTLVYCL GIAPNFRYLPSKDLFYEN	107	ORF135 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241037.1	2e-50 (97/107)		No se han detectado dominios putativos conservados
194	125514	125915	757	MFKLQNKVEIIVPKYTNSGKEIS SPAIKEAVNNATKICGGCTITEI KGQWWSDDEQRIMEDDNLNL EWYYDKGMQDMNDQQGLLQA LSKIARQLIVFYEQEAISKINGT LYIIDYEDLDLLSYDLYELMFKN	133	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
195	126409	126630	758	MNRLEIVKDTAMEYILMMDNSV MDGVMTQEEYNEAVSFEKVYD YTLSEANQECKFLGGKVLTFLV HEAIEEYA	73	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
196	126711	126848	759	MRYEIVTLVNGELFMFATFKKA EAENKYQEWCDLYGQENVSM EKN	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
197	126919	127083	760	MTKTIKQLESQLERLERKSDEQ LANGYYEAFERTCAQIRELDLQ IELKKNSETV	54	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
198	127321	127557	761	MKLLNRDNEIVISIATLESVKQA LIWEYIDHDNNILDSEIYDQEAV VVTSKTLQSIKFADTMEDLQEYI	78	gp ORF194 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89187.1	1e-30 (66/78)		No se han detectado dominios putativos conservados

Fig. 10NN

				ADINWKLV						
199	127649	128122	762	MTNTIKGFLQTEEASTVKDVAT HGVQSGAIGRLIYTSDVVKFFD RHYSDIEAVVLDFLEGFTGQRY YDLLDYDLMRELEEHANVEFE DEDEYNNIQFDLAENIASDEIEG FEDMDEAEQADAVIEAMDDVE LEILDTDKVQFVNLAVEIVAQQ MQEA	157	ORF092 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241038.1	3e-63 (120/154)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
200	128202	128366	763	MTIKEIINQLQAVENKELELFVC DKEGNNISIKDITLFDSEAEHTE NNPLGINY	54	Proteína hipotética EFP_gp130 [Fago phiEF24C de Enterococcus]	YP_001504239.1	0,001 (23/55)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
201	128378	128647	764	LNIREVHNVVKSAKSKLLQEQN NINNVMIDDYITEELHRRTQRS GTIQMNNNTASYSNGSYGSLE EIREAYDLSSLSTNEIKELLETF V	89	ORF166 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241041.1	7e-33 (70/89)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
202	128732	128953	765	MRDLQERKRELKTLLFNLAIEK NRATDETLRSVLEEAHQEVGN QLRKVRKEIEILVEEKEREFWN DFDFNGLD	73	gp ORF003 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88994.1	2e-28 (64/73)		**No se han detectado dominios putativos conservados**
203	131537	129258	766	MPHLKAYDKEGNILAIGYNVYT EQGSVIIPNLKPHTKYPQGEFY VSWEGDNYESEKTVVPEFTTL ESSYKEITFYAKDILTVKPKTAY DIAVDNGFTGTEEEWVKSIKGE PGEPGKPGEPGPGKPGEPGKTG EPGKDFTFDRFTEEQLDSLRVF VNPSDSNLQEVNKTMEDSLIVY PDNGEDIRLYPSTVDKTYFSNIT IRNSIPENTMNPDGSFTLNSNG WLFYTVKAVEKLAPGKTFSAKII TDDVPDPKASFEYSIQDSDGSY IQTITQLNKINDTTFAINNINPEN SSKISLRIDTRQVTSPVNIKQFL LFDGSSTKKIQTVNNEEFIKGLI KEIDNMKISMKKETSYKIPVFTP VDYLIKDHPLVNNIFTDGLGKFS TSLNMENFKLRGGKSYYVDGE NGNDTNDGLSQSTPFKTFKKA QGIINNGDTLYVSDGDYFRVGG TLLPPISNKSINIIGLGSNVNLFM ADEPTWTKTSGRDSTYEFTRS AVRRVVDFNNDREFTNVTSLD KVDTTLFSWYSDGTKVYVNNG	759	ORF002 [Fago 37 de Staphylococcus]	YP_240100.1	4e-105 (251/690)		**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 1000

				SIEPNKKVVPLLSSQHLIVSSVP TDFYIENLNLYGGARPARFELN QDNSVYINNCVLSYASQVNGN GLEIVGGKEVIVNNSVANNNYM DGFNYHIGADSSKPLVIEINCTA LENGFEKGTAGTKSNNGSTTH DGLKAIRVNGIYARNDGGNVAD VNEGTESWNLGCTAFESYQGK DFQTSSGSHMWLDSCIAYGST NSINSSDPNSKIYTRLGSYQNK LILGEEIKY	85	gp ORF004 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88995.1	8e-31(65/76)			No se han detectado dominios putativos conservados
204	131859	131602	767	MKLYQVEHDNCEPYEDNFHFR EDNVYTNKEKLIKRIKEEGYRE ETNYRGEQEFIKGDPRGFDGM DMITIHELNIVDCDINIKKGN							
205	132119	131874	768	MEFFIDRTSTINKKPIEGAYIKKL ELVDQKGNPFTLERWCVEINSL EELTEISKHEGEVIINTRGDSPF SPYLEIYDYYRE	81	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
206	132269	132119	769	MERFKVKRIITTEEVRYIDAETE EDAWYSVEYEDEGTDTAHFNA EYGEWSYEKEEN	56	gp ORF005 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88996.1	1e-19 (49/56)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
207	132773	132291	770	MNKTFFKAIGKNTLEYSKQGLG FLVALLIMLILSVFLAFIIGIPAGII YGLYALDINNYFITMLVTVEWFII LYGIVRTQDNKKPFVKLKLKDY LLTILYLTTITATSVLESVLLFKVL PFTGDTRAVITLLSFLLFLAVNR GICKIVIKSYKEYKEEN	160	ORF087 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241049.1	4e-65 (129/160)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
208	133017	132766	771	MIFKKHKEEEVKKDINFIRIHDV SGTSTIIKQKDTKTNLNSFIGGL VFNGVKFLESNKGDTSIWFKD NIIHIDTVYYKEVADE	83	**No se encontró una similitud significativa.**					**No se han detectado dominios putativos conservados**
209	133262	133017	772	MAYEYKNKIQDIITDNENYWCID NEKELEELQEVYQKAEAFDEIV NEFHYQLQNLESWNTLDQKDC QTLKQILEENIKEEE	81	ORF103 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241047.1	3e-17 (46/51)			**No se han detectado dominios putativos conservados**
210	133682	133266	773	MNIKYIDLVLENCDVVRLEPKD VKRFHVDGITEGIDYYGTSHISR TRRCTYFGILIDNPKEISQVGFA YPDNTNAYEMITAYSDITAIDIIY DDDTNEYTYVDFNEYNDYYNIN QKNEYYNNMLEVTITESNSIEE EG	138	Proteína hipotética KgORF2 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024433.1	2e-61 (121/141)			**No se han detectado dominios putativos conservados**

Fig. 10PP

211	134191	133697	774	MKETKEYIMFWGKEDIYSNFYP ITFKHKGRTFNNSEQAFMWRK AQYFKDWQIAGEILNAKHPNHA KSLGRKVRNFNEEQWNKVRY DIMVEVVKDKFMTTHLKQKILD TDLRKDFVEASPYDKIWGVGIK ANDPKILDESNWKGQNLLGKV MEDVRVHCVYNRFK	164	Proteína hipotética KgORF4 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024435.1	1e-84 (146/162)		Proteína de Ribofla conservada hipotética de fusión, ribA/ ribD fusionada	TIGR02 464	2.80e-55
212	134602	134204	775	MKKRYFKGLKLNDFEKEVFGL KKNKKYKKMNKELGRNEPKYW NYDMSFFIQLYADLNAFVESSN HVDMEYHTFTDIEGKERTQIDM IKHILSLIQFYHESMDSFDVDNE DEIEQVQNKILDNFKIVLPSLWN	132	Proteína hipotética KgORF5 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024436.1	2e-55 (114/132)		No se han detectado dominios putativos conservados		
213	135306	134599	776	MAIYVVPDIHGEYQKLLTMDKI NNERKPKETIVFLGDYVDRGKR SKDVVNYIFDLMSNDDNVVTLL GNHDDEFYNVMENVDRLSIYDI EWLSRYCIETLNSYGVSTVTLK YSSVEENLRSNYDFIKSELKKL KESDDYRKFKILMVNCRKYYKE DKYIFSHSGGVSWKPVEEQTID QLIWSRDFQPRKDGFTYVCGH TPTDSGEVEINGDMLMCDVGA VFRDIDLPFIKLEGNS	235	Proteína fosfatasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024437.1	1e-130 (227/232)	fosfatasa	Proteína fosfatasa putativa	PHA022 39	6.31e-126
214	135957	135406	777	MVNVLPSVYDAEKGEWVTLLA KPIAEEVFKIMKADYLEHKGNIG FFISKYKDGDSSIEQHNVVVFY NEKDYDTMELTESELTDALNEY IDYTLDGKYKPFSLNNFINYLED YGYRLPVNFEVDVTIILSDGQK FTYPRTSSITNNASIVDALKSED QYIEVKYIYNDHAIDDKKLAHGN DTLK	183	Proteína hipotética KgORF7 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024438.1	6e-99 (180/183)		No se han detectado dominios putativos conservados		
215	136293	135976	778	VERTLNLYDSKGKLLKSSEKIT GASAKIIIEKLTPNTVYSQGSFKI SWTINGKESILTDVPEFTTKSN EDKQEIVFNTLNIDSNSFVVSET EPSDKSKLWFKPIN	105	ORF138 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241056.1	1e-51 (104/105)		No se han detectado dominios putativos conservados		
216	136999	136928	779	GGACUCUUAGCUUAAAGGUA AAGCCAACCGCUCAUAACG					ARNt1-Met			
1b	>137359	137279	780	KYLLKHSKEADIRSTSKIMDSID KLT	26	Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024439.1	2e-14 (25/26)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 10QQ

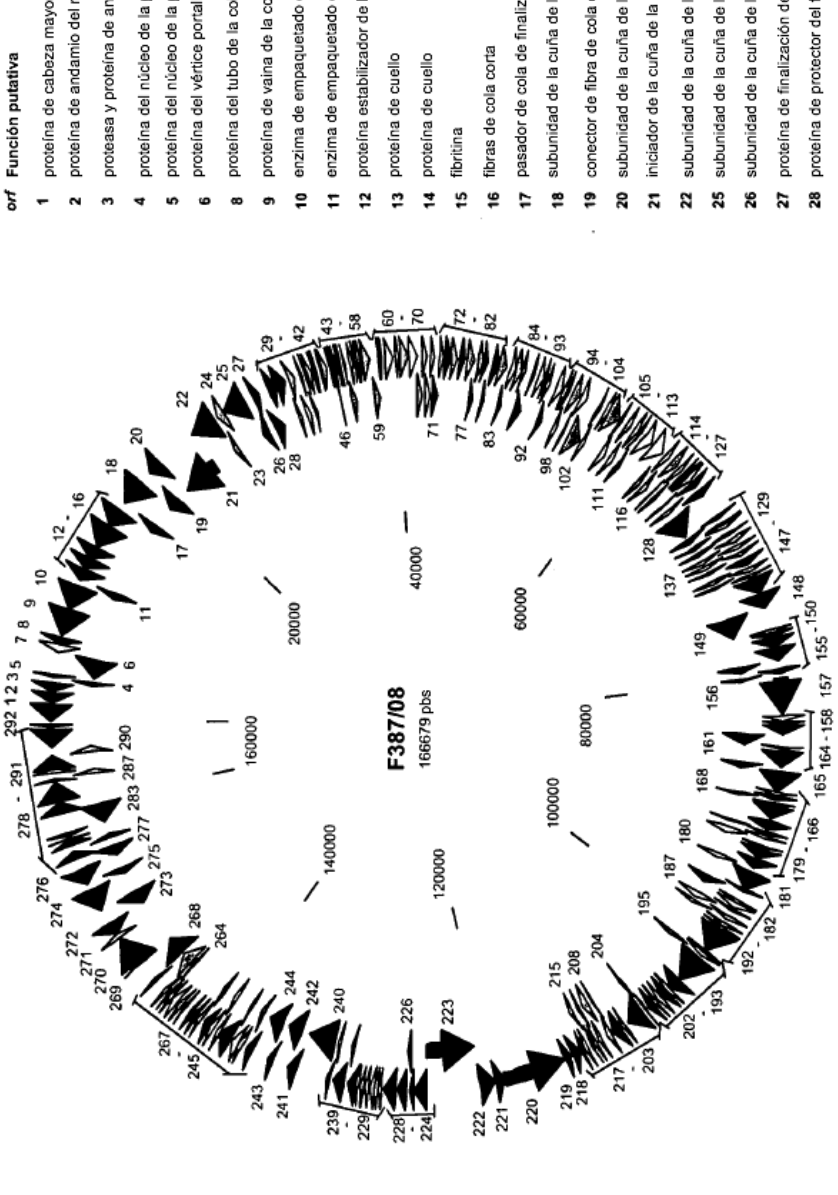

F387/08
166679 pbs
orf Función putativa
1 proteína de cabeza mayor
2 proteína de andamio del núcleo de la procabeza
3 proteasa y proteína de andamio del núcleo de la procabeza
4 proteína del núcleo de la procabeza
5 proteína del núcleo de la procabeza
6 proteína del vértice portal de la procabeza
8 proteína del tubo de la cola
9 proteína de vaina de la cola
10 enzima de empaquetado de ADN terminasa, subunidad grande
11 enzima de empaquetado de ADN terminasa, subunidad pequeña
12 proteína estabilizador de la vaina de la cola y de finalización
13 proteína de cuello
14 proteína de cuello
15 fibritina
16 fibras de cola corta
17 pasador de cola de finalización de cuña de la placa base
18 subunidad de la cuña de la placa base y pasador de cola
19 conector de fibra de cola de cuña de la placa base
20 subunidad de la cuña de la placa base
21 iniciador de la cuña de la placa base
22 subunidad de la cuña de la placa base
25 subunidad de la cuña de la placa base y lisozima
26 subunidad de la cuña de la placa base
27 proteína de finalización de cabeza
28 proteína de protector del final de ADN

Fig. 11A

orf	Función putativa
29	proteína de finalización de cola y estabilizadora de la vaina
30	desoxinucelósido monofosfato quinasa
38	ARNt 1-Tyr
39	ARNt 2-Lys
40	ARNt 3-Asn
41	ARNt 4-Asp
43	ARNt 5-Met
44	ARNt 6-Gln
46	ARNt 7-His
47	ARNt 8-Ser
48	ARNt 9-Ile
49	ARNt 10-Trp
50	ARNt 11-Gly
51	ARNt 12-Pro
56	ARNt 13-Met
60	ARNt 14-Leu
61	ARNt 15-Arg
62	ARNt 16-Thr
71	hidrolasa nudix
73	lisozima
75	proteína de cabeza interna
79	cofactor del radical glicilo autónomo
81	ARN endonucleasa RegB específica de sitio
83	modificador ARNt-valil sintetasa
87	timidina quinasa
90	regulador de la inhibición de lisis putativa
92	regulador de la inhibición de lisis putativa
120	tiorredoxina
125	inhibidor de proteasa
127	endonucleasa VII de empaque de EndoVII y de recombinación
128	subunidad grande de NTP reductasa anaeróbica
130	subunidad pequeña de NTP reductasa anaeróbica
133	glutarredoxina
142	factor sigma
147	alfa-glucosil-transferasa
148	subunidad de endonucleasa de recombinación
149	subunidad de endonucleasa de recombinación
151	ARN polimerasa de unión
152	pinza deslizante de ADN polimerasa
153	subunidad de cargador de pinza
154	subunidad de cargador de pinza
155	proteína represora de traducción
157	ADN polimerasa
159	inmunidad a la superinfección de proteína de membrana
160	timidilato sintasa y pirimida hidroximetilasa
161	beta-glucosil-HMC-alfa-glucosil transferasa
163	proteína recombinasa similar a RecA
164	chaperona de ensamble del vértice de cabeza
165	ADN primasa-helicasa ATPasa
167	precursor de proteína de destello
170	subunidad de ADN primasa
172	dCTPasa pirofosfatasa
174	proteína de cápside externa pequeña
178	ADP ribosilasa
179	factor Srd anti-sigma
181	ADN helicasa
183	exonucleasa A
186	modificador cef de ARNt supresores
192	subunidad de ADN topoisomerasas
196	protector rIIA de la lisis temprana inducida por profago
197	protector rIIB de la lisis temprana inducida por profago
199	endonucleasa IV
202	proteína de disrupción nuclear
205	subunidad mediana de topoisomerasa II
207	promotor medio activador
217	AsiA anti-sigma 70
218	holina
219	catalizador de montaje de fibra de cola larga distal
220	proteína de la cola en forma de L
221	conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga
222	conector de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga
223	subunidad proximal de fibra de cola larga
224	RNasaH ribonucleasa
225	proteína de unión de ADNdc
226	proteína accesoria de transcripción del promotor tardío
227	cargador de ADN helicasa
228	proteína de unión de ADNmc
235	dihidrofolato reductasa
237	timidilato sintasa
240	subunidad grande de NDP reductasa aeróbica
241	endonucleasa II buscadora
242	subunidad pequeña de NDP reductasa aeróbica
243	ARN ligasa A
244	inhibidor de la transcripción del huésped
245	polinucleótido 5'-quinasa y 3'-fosfatasa
250	dCMP desaminasa
254	

Fig. 11B

orf	Función putativa
257	chaperona de ensamble de cabeza con GroEL
258	proteína accesoria de inhibición de lisis
268	ADN ligasa
270	ARN polimerasa ADP ribosilasa
272	iniciador de tubo de cola de placa base
273	caperuza de tubo de cola de placa base
274	subunidad del centro de placa base, determinador de longitud de cola
275	subunidad del centro distal de placa base
276	subunidad del centro de placa base
277	catalizador de montaje de centro de placa base
278	subunidad del centro de placa base
279	subunidad de la cuña de placa base
280	proteína de recombinación, reparación y unión a ADNmc
282	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa
283	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa
284	proteína de cápside menor
285	proteína de cápside externa
286	subunidad de ADN primasa-helicasa
289	ARN ligasa
291	precursor de la subunidad del vértice de cabeza
292	precursor de la subunidad de cabeza mayor

Fig. 11C

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1	1321	2	782	MKKNKLIEKWQPLLENEALPEIV GASKKALIAKIFENQEADINQAP EYRDEKIAEAFGSFLSEAEIGGD HGYDAQNIAAGQTSGAVTQIGP AVMGMVRRAIPNLIAFDICGVQ PMSNPTGQVFALRAVYGKDPL AAGAKEAFHPMYAPDAMFSGQ GATEKFEAVKAGAALTVGDIVV HDFAQTGRAHLQVVEDFTVDA GATDAAKLDAAVTAALEAGKVV EIAEGMATSVAELQEAFNGSKD NPWNEMGFRIDKQTIEAKSRQL KAQYSIELAQDLRAVHGMDADA ELSSILATEIMLEINREVVDWINY SAQVGKSGMTQTVGSKAGVFD FQDPIDIRGARWAGESFKALLF QIDKESAEIARQTGRGEGNFIIA SRNVVNVLAAVDTNVSPAAQG LGRGYNTDTTKAVFAGVLGGR YRVYIDQYARQDYFTIGYKGAN	440	Proteína gp23 de cabeza mayor [Fago IME80 de Enterobacteria]	YP_00373431 4.1	0,0 (379/400)	Proteína de cabeza mayor	Proteína de cabeza mayor	PHA025 41	0,0
2	2154	1342	783	MLKELLMTEAKTIDASVALDSIF ESVQLSPEAKANFSTVFEATVK KHAVALAESHIEKIAEKAEEKVE EEKEKAKEEAREELKEAASKYF DHIAAEWMAENQLAVDRGIKAD LFESMFVGMKELFVEHNVVIPE ESVDVVAEMEEELAEQKAETA RLFEEVSKRDEYINYAQREYAI QEATRELTDTQKEKVVSLTEGM DYSDAFSTKLKAIVEMVQGSVE QSVTESADINTIDKEADGLNFTT EAVEETPATKTPSVMDAYVAQA ARLS	270	Proteína gp22 de andamio de núcleo de procabeza [Fago IME80 de Enterobacteria]	YP_00373431 3.1	1e-89 (187/272)	Proteína de andamio de núcleo de procabeza	Proteína de núcleo de procabeza	PHA025 57	5,11e -58
3	2837	2187	784	MENLNEQLLIEHWGQPGDVIDG KPMLESIIVEGENESGLKPGLYI EGVFMQAEVVNRNKRLYPKRIL ETAVSRYIKEQVATRQALGELN HPPRANVDPMQAAIIIEDMWWK GNDVYGRARIIEGDHGPGDKLA ANIRAGWIPGVSSRGLGSLKDS GKGYNIVQEGFRLTVGVDAVW GPSAPDAWVQPKQISENTSAQ VANSADDAFMALAEKLKAL	216	Proteína de andamio de núcleo de procabeza y proteasa [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861875.1	4e-95 (175/212)	Proteína de andamio de núcleo de procabeza y proteasa	Peptidasa_U9	pfam03 420	2,86e -88

Fig. 12A

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
4	3262	2837	785	MLILPENHELVIDTVEALLPEAQ ARFDKLSAALSKDDINKIVENLV VSEPDLAIALGSINESLQLNEFIV KHVDSKGTITRTKDRKTRERNA FQTTGLSKAKRRQIARKAVKSK RANPSAQTRGLRKRKKALKRR QALGLS	141	Proteína gp68 de núcleo de procabeza [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285412 7.1	8e-48 (105/141)	Proteína de núcleo de procabeza	Proteína de núcleo de procabeza	PHA025 86	2,69e -42
5	3486	3262	786	MENYISAIESRDLVAAKKAFGAI MAERTSGLIEERKKFIAASVMIE GEEPDEDEDEDDEDEDKSDKD EDDEEDE	74	Proteína gp67 de núcleo de procabeza [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285412 6.1	2e-05 (29/50)	Proteína de núcleo de procabeza	Proteína de núcleo de procabeza	PHA026 08	2e-07
6	5054	3486	787	MAFHILDLFAPWEKRDEAEYKQ QINNDLESITAPKFDDGAREVE SNENEIQYNSFNQMMFGSNEP GMKTTADLINTYRSLMNNYEVD NAVEEIVSDAVVYEDGHPVVSL DLDSTDFSQAIKDRILEEFNTVL TCLNFERKGADHFRRWYVYDSR IFFHKIVNTKKMKDGIQELRRLD PRNLQFIREIVTADDAGTKIVKG YKEYFIYDTGKESYYADGRLYS AGTKIKIPRDAIVYAHSGLVDCS GQNIIGYLHRAVKPANQLKLLED ALVIYRITRAPDRRVFYIDTGNM PSRKAAAHMQHIMNTMKNRVV YDASTGKIKNQQHNMSMTEDY WLQRRDGKAVTEVDTLPGMSG MSDMDDVRYFRTALYMALRVP LSRMPDANNQGGVQFDAGTAI TRDELDFAKFIRRLQHKFEEIML DPLRTNLILKKVLSKDEWEDEIN NIKIVFHKDSYFTELKDAEVMER RINMLTMAEPFIGKYISHKTAMK DFLQMSDEEIEQEAKQIELESK EARFQDQENEEDF	522	Proteína gp20 del vértice portal de cabeza [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292251 3.1	0,0 (404/502)	Proteína del vértice portal de cabeza	Proteína del vértice portal	PHA025 31	0,0
7	5672	5085	788	MFCTYLTIYTGNKLPRRYIGSTS VSRIIDENYHGSVKSKKYKDLW KSEQHDNPHLFKTRILNTYETR EEASKAELELQIKYDVVKSSSYI NMALAQPNGFFGMSTKGRKMS EESKEKQRHQRLGIKRPDHSIK LSGRKRPDHSKAMSGERNPMF GKEHPNKGKKINQPRMTCPVC	195	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12B

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GVESTRSAIMRYHKACLSSI								
8	6203	5712	789	MELTDITRAFESGDFARPNLFE VEIPYLGRNFSFKCKAAPMPAG IVEKVPVGYMNRKINVAGDRTY DDWTVTIYNDDKHEVRKAIIAW QAQAHAQGNDISGMTPADYKK VATVRQFSRDGKTITNEHTITGL WPTNVGEVQMDWDSNNEIETF ETTFAIDWWE	163	Proteína gp19 de tubo de cola [Fago KPP95 de Klebsiella]	ASS46617.1	2e-92 (162/163)	Proteína de tubo de cola	Proteína de tubo de cola	PHA02551	5,59e-72
9	8304	6331	790	MPLVSPGIELKETSVQSTVVLN ATGRAAIVGKFQWGPAYQVTQI TNEVELVDMFGGPNNQTADYF MSAMNFLQYGNDLRTVRVVNR EAAKNASPLVDNIEWTITTAGS NYEVGDKITVKYADQTVDDTGS VTEVDSDGKIKSVFIPTSKIIAYA KSINQYPDLGSSWTTTITSQSS GVSAVITLGKIISESTVLLTEHET AHEEMTKTEFQTALAQYKMPGI VAAYPGELGNQLEIEIVSKAAFD KGEQLTIYPSGGQRASTAKAVF GYGPQTDTQYAIIVRRDGAVVE SAVLSTSRQDKDIYGNNIFMDD YFSKGSSRYVFATAQGWPEGF SGVIRLGGGVSANESVTAGDLI QGWDLFGDREALRVNLLIAGAC AGETDEIASTVQKHVSSIADER QDCLALISPPRSTIVNIPLTRAVD NLIDWRQGDGTYDSANMNINTT YAAIDGNYKYQYDKYNDVNRW VPLAADIAGLCARTDDIAQPWM SPAGYRRGQILNCIKLAIEPRQA HRDRMYQAGINPVTGQGTGEG FILFGDKTATTVPTPFDRINVRR LFNMLKNNIGDSSKWQLFELND NFTRSSFRMETSQYLAGIKALG GVYDFRVVCDTTNNTPAVIDRN	657	Proteína gp18 de tubo de cola [Fago KPP95 de Klebsiella]	ASS46616.1	0,0 (645/657)	Proteína de la vaina de la cola	Proteína de la vaina de la cola	PHA02539	0,0

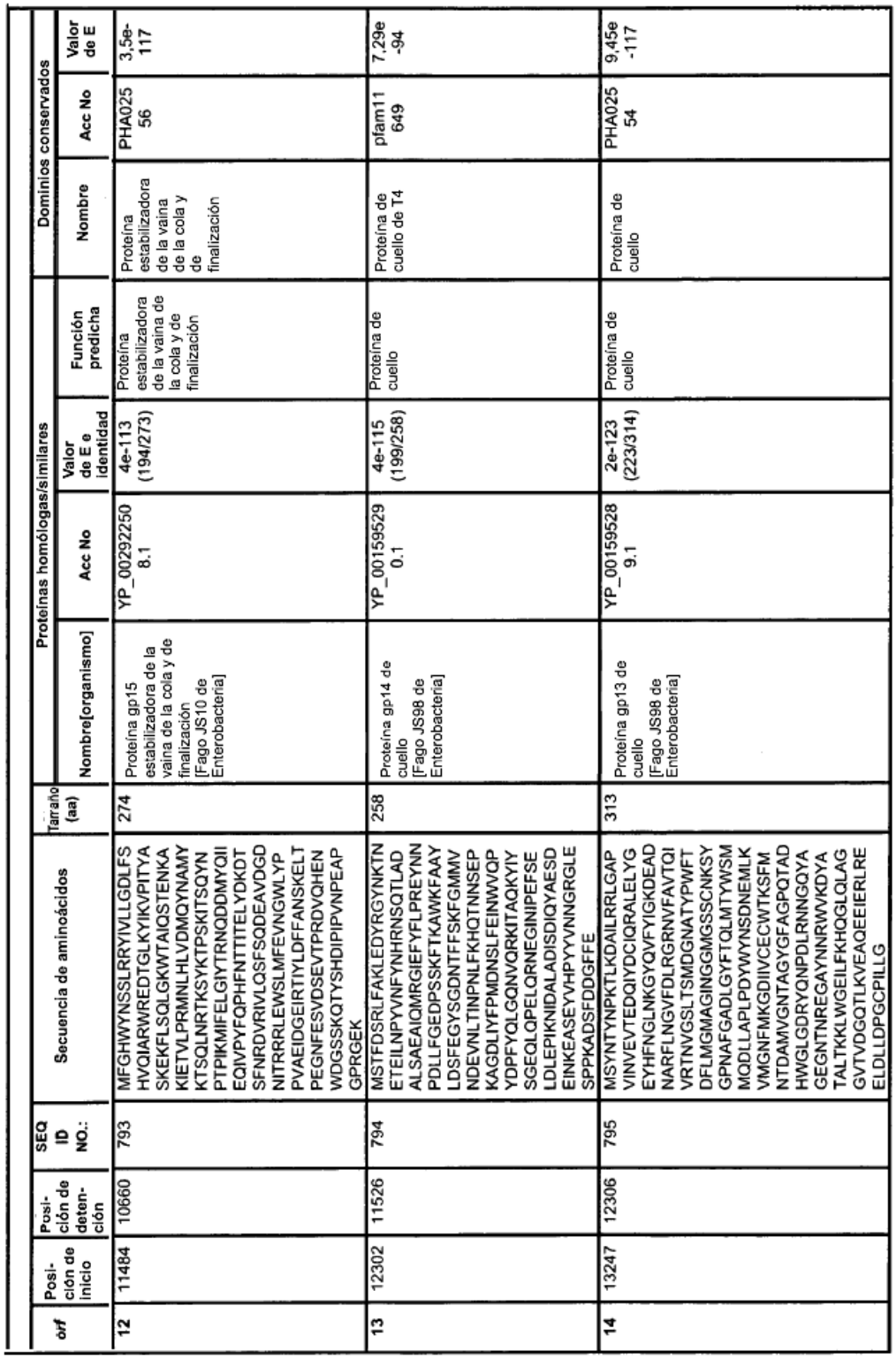
Fig. 12C

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				EFVASFYIKPARSINYITLNFVAT ATGADFDELIGPQ								

Fig. 12D

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
10	10176	8338	791	MEQTQPFNVLSDAHPLNDGKL TVIRHPSEMETKIENGVRFFKS QWDDKWYPEKFEDYLKLHGIV KIRLQGEDPAHFQTFKDKNNKR TRYMGLPNLKRANIKMQLTREI VAEWKKCRDDIVYFAETYCAIT HIDYGTIKVQLRDYQRDMLEIM AAKRMTCCNLSRQLGKTTVVAI FLAHFVCFNKDKAVGILAHKGS MSAEVLDRTKQAIELLPDFLQP GIVEWNKGSIELDNGSSIGAYA SSPDAVRGNSFAMIYIDECAFIP NFIDAWLAIQPVISSGRRSKIIITT TPSGLNHFYDIWTAAVEGKSGF TPYTAIWNSVKERLYNDEDMFD DGWQWSLQTISASSLEQFKQE HCAEFHGTSGTLISGMKLANMD WIEVTPDSHGFYKFKEAEADHK YIATLDSAEGRGQDYHALNIIDV TTSEWEQVGVLHSNTISHLILPD IVIKYLMEYNEAPIYIELNSTGVS VAKSLYMDLEYENVICDSIVDLG MKQTKRSKAVGCSALKDLIEKD KLIIHHRATVQEFRTFSEKGVS WAAEDGYHDDLIMSLVIFAWLT TQQKFADFVDKDEMRLASEVF KRELEDMNDDYAPVVFVDAVN SAEYAPQEHGLSFV	612	Enzima gp17 de empaquetado de ADN terminasa, subunidad grande [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049776.1	0,0 (506/608)	Enzima de empaquetado de ADN terminasa, subunidad grande	Proteína grande terminasa	PHA02533	0,0
11	10663	10154	792	MSELQLDMAKLLDIEGIPGIEGQ EIPVYEKLELVEVKSNPNDRKP DLEDDYSVVRKNMHFQQQML MDAAKIFLETAKNADSPRHMEV FATLMGQMTTTNKEILKLHKEM KDITSEQVGTGKGANPQQGMN IQNATVFVGSTADMMDEFGDA YEAQEAREKIVNGTDSTV	169	Enzima gp16 de empaquetado de ADN terminasa, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049775.1	0,0 (130/160)	Enzima de empaquetado de ADN terminasa, subunidad pequeña	Proteína pequeña terminasa	PHA02585	2,22e-59

Fig. 12E

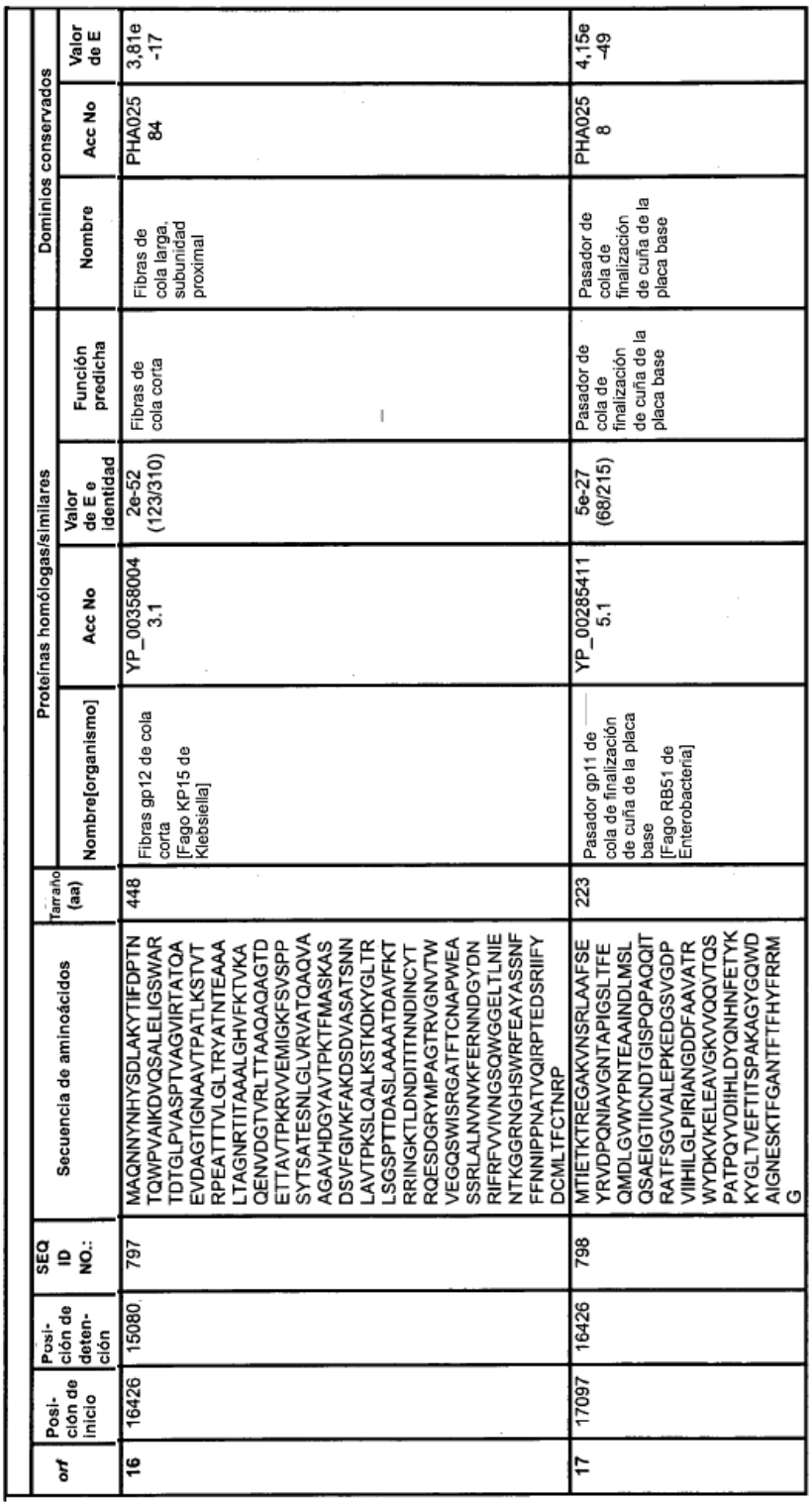


orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
12	11484	10660	793	MFGHWYNSSLRRYIVLLGDLFS HVQIARWREDTGLKYIKVPITYA SKEKFLSQLGKWTAIQSTENKA KIETVLPRMNLHLVDMQYNAMY KTSQLNRTKSYKTPSKITSQYN PTPIKMIFELGIYTRNQDDMYQII EQIVPYFQPHFNTTITELYDKDT SFNRDVRIVLQSFSQDEAVDGD NITRRRLEWSLMFEVNGWLYP PVAEIDGEIRTIYLDFFANSKELT PEGNFESVDSEVTPRDVQHEN WDGSSKQTYSHDIPIPVNPEAP GPRGEK	274	Proteína gp15 estabilizadora de la vaina de la cola y de finalización [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292250 8.1	4e-113 (194/273)	Proteína estabilizadora de la vaina de la cola y de finalización	Proteína estabilizadora de la vaina de la cola y de finalización	PHA025 56	3,5e-117
13	12302	11526	794	MSTFDSRLFAKLEDYRGYNKTN ETEILNPYVNFYNHRNSQTLAD ALSAEAIQMRGIEFYFLPREYNN PDLLFGEDPSSKFTKAWKFAAY LDSFEGYSGDNTFFSKFGMMV NDEVNLTINPNLFKHQTNNSEP KAGDLIYFPMDNSLFEINWVQP YDPFYQLGQNVQRKITAQKYIY SGEQLQPELQRNEGINIPEFSE LDLEPIKNIDALADISDIQYAESD EINKEASEYVHPYYVNNGRGLE SPPKADSFDDGFFE	258	Proteína gp14 de cuello [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159529 0.1	4e-115 (199/258)	Proteína de cuello	Proteína de cuello de T4	pfam11 649	7.29e-94
14	13247	12306	795	MSYNTYNPKTLKDAILRRLGAP VINVEVTEDQIYDCIQRALELYG EYHFNGLNKGYQVFYIGKDEAD NARFLNGVFDLRGRNVFAVTQI VRTNVGSLTSMDGNATYPWFT DFLMGMAGINGGMGSSCNKSY GPNAFGADLGYFTQLMTYWSM MQDLLAPLPDYWYNSDNEMLK VMGNFMKGDIIVCECWTKSFM NTDAMVGNTAGYGFAGPQTAD HWGLGDRYQNPDLRNNGQYA GEGNTNREGAYNNRWVKDYA TALTKKLWGEILFKHQGLQLAG GVTVDGQTLKVEAQEEIERLRE ELDLLDPGCPILLG	313	Proteína gp13 de cuello [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159528 9.1	2e-123 (223/314)	Proteína de cuello	Proteína de cuello	PHA025 54	9,45e-117

Fig. 12F

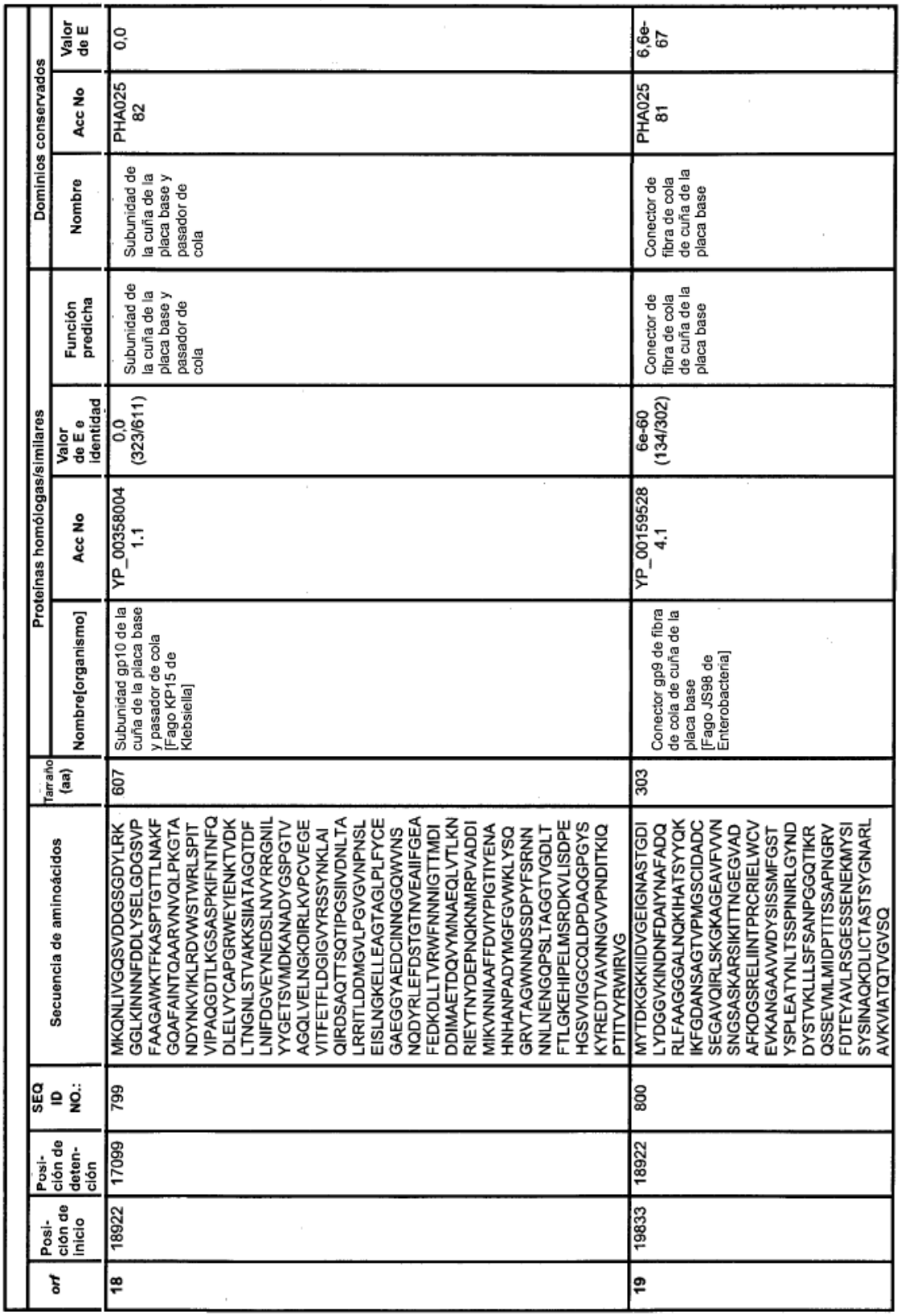
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
15	15071	13305	796	MTKLVDSLPFVDGIPDDFQQRI NWIKNTEPLNGASTRYGNDGE LNRASVQIQKNVVQVHNDLNNV GTAVENIQVDVDQIKKSLEITGS SDAIEQVYINKKNIEKHDGQILKL EEDTEKLRTDLDFLEEDVGVYD SSKDDYYRTVRDNIVWVKREIG AYPGQDINGQPKQDSPGSGMK YRIINNASAIVKHDERIQALEDAY NDSDVGSLTIEVNDLRKEVGPK SGATSASIYARLVNNADAISAAN NEIFAINQAIDFTNPVKIGARTTR LENDYRIVDATLNFAQTGLVPR VNNIDARLGSSDKPDTIEGKISS LSTDQGYISDVVGRDTSSGLQG QVAWINQQVGIVPSEQPIPPGSI LARMTNVEGMQNSQQSAIQDI QVELGNNNEGLKGSVFTLQTQ MNGDFSSENPVQRDGVYATVV ELQDKFVTAVTDVEQAGAYLRK QGEWFKKPSSIGEFSKEDFTVD LSSDALVNPNSLVAAPFNAGIRI VDDIVVDDDGVFCVETDTVIEA SDSDKGVKIVILVNNIEVFSYGL GVKAVTGEQLIKTKKLIEFSSGD AIKIVYRAASEESQVLVKIKSLDI TIHPAV	588	Fibritina [Fago KPP95 de Klebsiella]	ABH10666.1	3e-124 (221/225)	Fibritina	wac, fibritina	PHA026 07	3,25e -111

Fig. 12G



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
16	16426	15080	797	MAQNNYNHYSDLAKYTIFDPTN TQWPVAIKDVQSALELIGSWAR TDTGLPVASPTVAGVIRTATQA EVDAGTIGNAAVTPATLKSTVT RPEATTTVLGLTRYATNTEAAA LTAGNRTITAAALGHVFKTVKA QENVDGTVRLTTAAQAQAGTD ETTAVTPKRVVEMIGKFSVSPP SYTSATESNLGLVRVATQAQVA AGAVHDGYAVTPKTFMASKAS DSVFGIVKFAKDSDVASATSNN LAVTPKSLQALKSTKDKYGLTR LSGSPTTDASLAAAATDAVFKT RRINGKTLDNDITTNNDINCYT RQESDGRYMPAGTRVGNVTW VEGQSWISRGATFTCNAPWEA SSRLALNVNVKFERNNDGYDN RIFRFVVVNGSQWGGELTLNIE NTKGGRNGHSWRFEAYASSNF FFNNIPPNATVQIRPTEDSRIIFY DCMLTFCTNRP	448	Fibras gp12 de cola corta [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_003580043.1	2e-52 (123/310)	Fibras de cola corta	Fibras de cola larga, subunidad proximal	PHA02584	3,81e-17
17	17097	16426	798	MTIETKTREGAKVNSRLAAFSE YRVDPQNIAVGNTAPIGSLTFE QMDLGVWYPNTEAAINDLMSL QSAEIGTIICNDTGISPQPAQQIT RATFSGVVALEPKEDGSVGDP VIIHILGLPIRIANGDDFAAVATR WYDKVKELEAVGKVVQQVTQS PATPQYVDIIHLDYQNHNFETYK KYGLTVEFTITSPAKAGYGQWD AIGNESKTFGANTFTFHYFRRM G	223	Pasador gp11 de cola de finalización de cuña de la placa base [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854115.1	5e-27 (68/215)	Pasador de cola de finalización de cuña de la placa base	Pasador de cola de finalización de cuña de la placa base	PHA02584	4,15e-49

Fig. 12H



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
18	18922	17099	799	MKQNLIVGQSVDDGSGDYLRK GGLKINNNFDDLYSELGDGSVP FAAGAWKTFKASPTGTTLNAKF GQAFAINTQAARVNVQLPKGTA NDYNKVIKLRDVWSTWRLSPIT VIPAQGDTLKGSASPKIFNTNFQ DLELVYCAPGRWEYIENKTVDK LTNGNLSTVAKKSIIATAGQTDF LNIFDGVEYNEDSLNVYRRGNIL YYGETSVMDKANADYGSPGTV AGQLVELNGKDIRLKVPCVEGE VITFETFLDGIGVYRSSYNKLAI QIRDSAQTTSQTIPGSIIVDNLTA LRRITLDDMGVLPGVGVNPNSL EISLNGKELLEAGTAGLPLFYCE GAEGGYAEDCINNGGQWVNS NQDYRLEFDSTGTNVEAIIFGEA FEDKDLLTVRWFNNNIGTTMDI DDIMAETDQVYMNAEQLVTLKN RIEYTNYDEPNQKNMRPVADDI MIKVNNIAAFFDVIYPIGTIYENA HNHANPADYMGFGVWKLYSQ GRVTAGWNNDSSDPYFSRNN NNLNENGQPSLTAGGTVGDLT FTLGKEHIPELMSRDKVLISDPE HGSVVIGGCQLDPDAQGPGYS KYREDTVAVNNGVVPNDITKIQ PTITVYRWIRVG	607	Subunidad gp10 de la cuña de la placa base y pasador de cola [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358004 1.1	0,0 (323/611)	Subunidad de la cuña de la placa base y pasador de cola	Subunidad de la cuña de la placa base y pasador de cola	PHA025 82	0,0
19	19833	18922	800	MYTDKGKKIIDVGEIGNASTGDI LYDGGVKINDNFDAIYNAFADQ RLFAAGGGALNQKIHATSYYQK IKFGDANSAGTVPMGSCIDADC SEGAVQIRLSKGKAGEAVFVVN SNGSASKARSIKITTNGEGVAD AFKDGSRELIINTPRCRIELWCV EVKANGAAVWDYSISSMFGST YSPLEATYNLTSSPINIRLGYND DYSTVKLLLSFSANPGGQTIKR QSSEVMLMIDPTITSSAPNGRV FDTEYAVLRSGESSENEKMYSI SYSINAQKDLICTASTSYGNARL AVKVIATQTVGVSQ	303	Conector gp9 de fibra de cola de cuña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159528 4.1	6e-60 (134/302)	Conector de fibra de cola de cuña de la placa base	Conector de fibra de cola de cuña de la placa base	PHA025 81	6,6e-67

Fig. 12I

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
20	20924	19899	801	MSNSTRASSTRSTIYRAIITSKF RTEKMYTFYKSIGPGTDQNTLY VSFGKSTPWSDNESEPGFAPP YPADNGDGVVDVWTNMMGAV KIESSMLDCVVPRRDWGDTRY PNPRTFLIGDIVVANSAPYNRTD AGFGWMVYRCIDVPKDGMCSI GNLTSKEECIKLGGKWTPSTIS GSAPRGRGDANGTVDLGDGYL WEYLYEIPADVSINRCTNEYIVV PWPEEIEESPARWGFQNNLTW QQNDFNLIYRMKCNTIRFKAYL DAVYFPEFSLPGNTGFRQLSIIT NPLEVKPMPNSPNVKAEKGWY SASGLERQSGEMIYMENRQPII RSMDQTEELNLIFEF	341	Subunidad gp8 de la cuña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595283.1	9e-146 (238/330)	Subunidad de la cuña de la placa base	Subunidad de la cuña de la placa base	pha02580	1,08e-164
21	24015	20917	802	MTIAPFVTSLRIHKLSANQVNIR WDDVGANFYYFVELAETRNRA GEIIPADNLSWSSLGYTADNDW FEQNRIEPLTYYKMRVQTTSAG FEPSEWVETEEFQTFEENAYTF EHMQEFSLVKEFIKQKFSLNNM SYVNFNTSAMMASLMTESFQF SPEYSHLSAIENFVVGESGYHEI QGPIEAVCVDKNRTMLGEIDGIL YLFERFQHMVKVSNDKGQNW QYVQLFNDRVGNPVSRVVIYQS STTSYVLGYDKIFYGRKSSDVR WSSNEVKFSDNEVTFAKLGDQ LKLGFEVELFGTYASLPADVTK YAEAFTCNDDHLYVVAKDTVRR VKLKDAPIDTDPLSPTFGEKVFE KEASHITGNPKSVCFKMDSVG GKIFALITGEVKTLGLDPTDPRN VVDSATKGVYVYQEDTNTWKR VFGNTDEEKRRIEHLWTSMSTD GKEIFFSSANFKTTEYTQDIELE TKYPELISTAVKNVNPIQYHSDK HYHMMSFRADEFSRWETFVPG PMRFYAEPWFVWMAREGNRC WISTADHAVVIYNDILYQKRVDA AAQGTTERVLSEVWDKGDATF YCPPVSFNGFLQYASGIMFHEP	1032	Iniciador gp7 de la cuña de la placa base [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_003734295.1	0,0 (667/1029)	Iniciador de la cuña de la placa base	Iniciador de la cuña de la placa base	PHA02579	0,0

Fig. 12J

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				DGKLIGYYAFDYRVRDQVTLN WKPTDVMFKAFLQNQTREEDW TPEHTPGLRDPDLRPYLTKMM PDSYLLQDSNFEQFCKYYLQFL SDGNGTHYNSLVNLVKNKYPR EENAWEYLWSEVYKRNIYLSKD ARDAVVRFFEARKNDFYATKGI EDSYKFLFKLLYNEDVEIDIESK NTTEYDIIVESTNISDDLVGRTIY TASGRSNVTYIEREYRDGRLLW RITIHNLSGRFIEGQEIKSERTDF EGIIVQGVRGKDMLSNNIDYINR SRSYYVMKIKSQLPTSRFRDDV LRFVHPVGFGFIGITLLTMFINS GLNMKHVETIINKLKNYKWDAG LPSVYPDRVAIIASDDTIERDPIT NEPRYSSRAQAGEPFPLPANY NQENNNSIIAGQNPGQRRKPLS PTFDQSAVTFANYRDLVNQRLK DDAGNPRDPENPTQVKIDE							

Fig. 12K

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
22	25970	24012	803	MAIKEPLNYQLTRTANAIPDAFT GATFDEIKNQLINWLSGQKEFQ DFDFAGSRLNVLLDLLAYNTLYI QQFSNTALYESFIGTANLRSSV VQAAQQNGYLPSSKSAATASIM LEVTHMNPSSTLRVVIPRGTKF LAYSKSDKANPYNFVVTENVVA IRDNDQKYWPIVNLAQGRIIRTQ LSYDPKKPIVIRDQSIDRKQVKL WVDGAEWTNWTDRSMVHASS ISTIYYMRETVDGNTEFFFGEG VAEASVAGGVLESNFIGGLKPT KGAQVVIEYIRTDGEAANGATE FSYADTLQYIVVNRIIENWSDSP DYVGADGGGEPEDIERIRELAQ IKRESQMRCVSKTDYESFVSSR FGSIVQAVQCFTDQDKPGYAFI AIKPKSGLQLTAVQREDIQDYLK PFCLAPITPSVMSPDYLFIRHNI KASYALNKLQESEQWLQSKIID SINRYYVDEVEMFNKNFSKSKL LTYIDDTDHSIIGSSVDIQMVREI VNYFTLPSAGIKYYNTITPRTLR SGDLVFTVTPTAEPYSVNIVGT DPDKNGKGNMVIGPFKPGDIKE NTHIQPYTENDFDRTTIGERTR WYKIGEVDYYGDNIYWSLGAIG ADPLQFEDQSIELYSTPTQDIVF ARDGTLIVFENDLRPQYTTIKLE PITQ	652	Subunidad gp6 de la cuña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159528 1.1	0,0 (443/650)	Subunidad de la cuña de la placa base	Subunidad de la cuña de la placa base	PHA025 53	0,0
23	26263	25997 0	804	MAGLSFNKCLTAGHSAYPPTEV NATQSKVFTGGIAVLVDGDSITP HTKTVDPHDTHGGVVQPRTSK VFVTGKKAVQMADPISCGDTVA QSSSKVFIH	97	Proteína gp5.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159528 0.1	9e-39 (76/76)		No se han detectado dominios putativos conservados		
24	26767	26264	805	MADILPINTTLREVIEGEYVEQY FTAQLSTNETLKSINIIDYQPVSD ISVSETHYKGNYNSVFTFGNDV LKYREGDELKSASAWEDLPNP KTADLYLWKAPRTLEKTFTYTV EIIYTVTEESSGGSSGGSSAPIIT EHKKQKIYSQTVKGNWSRWGD QLRAYVYAGN	167	Proteína hipotética EME08_gp142 [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373429 2.1	2e-40 (86/177)		Proteína hipotética	PHA026 06	4,54e -48

Fig. 12L

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
25	28500	26770	806	MIEMNDSLKWFTGVVEDRQDP LKQGRVRVRVYGLHPFEKVQG AITGLPTEDLPWMSVIQPTNSA GISGVGSSITGMVEGTSVFGLW LDEFKTAGLVIGTYSAHRKTKP NYTEGFSDPTGQYPRQVGSDT NPLVQGDETGYSAIPNIIQDRNL DIGINPDDADLSDIPEDPNPAITI TDMLNRDEGLRLKVYWDTEGY PTVGIGHLIMAQKVRDMSVINKT LSNQVGRTVTGNPGIITMDEAV ALFKKDRDKMLSDIKTNSRVGP VYAKVNKSRQMALENMSFQMG VGGLAKFGKMLDAMLIGDWKT AYTEARNSVWFNQTKGRASRV SMIILTGNMESYGVPAPKPEGK NLSAAYVEPKSGGNPEDPWTP EDSRILFKEPESSYNGQYPYVH TMETESGHIQEFDDTPGYERYR IVHPTGSYEEVAPDGRRTRKTV ADLYDMTQGDGNILISGDKKVN VGGNETYYNMYNRRQQIDGDN TLYVRGNETKTIEGNGTIFVKGN IKIVVEGNADIQVNGDATTKVDG NHDVTVGGNLTWQVAGTVNW NVGGAWTETMASMSSIAQGQY TVDGSRIDVG	576	Subunidad de la cuña de la placa base y lisozima [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803092.1	0,0 (391/576)	Subunidad de la cuña de la placa base y lisozima	Lisozima similar al bacteriófago T4	cd00735	4,39e-65
26	29135	28497	807	MLFSFFSPIDYSAKTVKGAKAK AIPTADIFRNYRKYFDTVAENYL LQTYYISGAPRPEELAYILYGNS QLYWILLMCNNVYDPFRDWIKT QDACYQFAQQKYADVGGDQIL YHVDAYGNRYYNLEQYPENSG VWYDKGDFNHQYPQYTGALAG VDIYEDSIIENEKLRQIINIINPSDI EAFLSDIIREMEKAPDSEYESG RYKSQTTIGEVL	212	Subunidad gp53 de la cuña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159527 7.1	1e-66 (121/199)	Subunidad de la cuña de la placa base	Subunidad de la cuña de la placa base	PHA025 78	4,62e-75
27	29185	29634	808	MAYSGKFMPQNLHKYKGDFRK ITYRSTWEQYMMRWLDNHPDV VQWNSEEVVIPYFSNADGKKR RYFMDFWAKFSNGQQFFFEVK PKKETRPPVKPTKLTTSAKKRYI DEIYTWSVNVDKWKAAQATAS	149	Proteína gp4 de finalización de cabeza [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159527 6.1	2e-67 (122/149)	Proteína de finalización de cabeza	Proteína de finalización de cabeza	PHA025 52	1,15e-63

Fig. 12M

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KMGIEFRLITEDSLKKLGWKG								
28	29634	30461	809	MAIFEFITEAAESPKAKSRSENQ WVALGVEYSAARKKGMTSKSF AESKGINPATFSKAMARHASRI KTAIKVAEIEKKPANKMTKQERA LVMVNSFRSSIKDKIRNEGAAV NNKSAKWFAETIKKNIRGHSVT KPQPGKLYAYMYDAKHKDTLP FWDKFPLIVYLGLGKQGTTTLM YGLNLHYIPPKARQQFLEELLK QYANTPVISNKTRLKINWSQVK GFAGADKMIKAYIPGNIKGALIEI KPADWANVVMLPLQQFMSKGK RYSATSVWKS	275	Proteína gp2 de protector del final de ADN [Fago IME80 de Enterobacteria]	YP_00373428 8.1	1e-188 (200/277)	Proteína de protector del final de ADN	Proteína de protector del final de ADN	PHA025 77	7,34e -107
29	30461	31063	810	MSTGLFNQTNTTNFILEVPDGG LTQAFKANLQTAVVPGIHIPATD TVGSPQGMHRAKLPGSTFEFD AVPVRFLVDENLDSWVQMYKW MLSCQNYIDRDKSGWNNGGE GFPGAVLMHVLDNDKHDIVLTV RYIGGWVSDLSEIEYSLTEESD PAMVCVATLQYKYIEVEKDGIIIT GRPSVNDTRESQYQQKVMGM HPSMR	200	Proteína gp3 de finalización de cola y estabilizadora de la vaina [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159527 4.1	2e-61 (111/197)	Proteína de finalización de cola y estabilizadora de la vaina	Proteína de finalización de cola y estabilizadora de la vaina	PHA025 76	7,95e -65
30	31068	31811	811	LKLLFLIGKKRSGKDTTADYIMD NYNATKHQLAGPIKDALADAML TEWYRDTSREFPRITRSMIEGID YDREQDLNLSTKDVIRIMANAIE YVHHDLPLPGVVYDNKRKILDG DTMEVIRKVVINKPVEPWSIRRL MQTLGTDIVCDKLDRMYWVKR FTLVMADTFGDYDYFIVPDTRQ DHELDVARAMGATVIHVVRPEQ EGSKKDTHVTERGLPIREGDIVI TNDGSLEELYSKINTILGIQNDY	247	dNMP quinasa gp1 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285448 0.1	3e-69 (140/252)	Desoxinucle-ósido monofosfato quinasa	Desoxinucle-ósido monofosfato quinasa	PHA025 75	2,45e -65
31	31801	32034	812	MTTEQLQAQVDTLKVRVFDLSE TIQGLSALRAQYEEVLQKLIAVS GVEIGEDGQVKLDDLVAKIEAQ	77	**No significant similarity found.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		

Fig. 12N

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				FAEETTEESE								
32	32034	32489	813	MKFSDFSTGLYVAAKFSEKTLD AIEDLQRELKVPNPVPRHKIHTT ICYSRVHVPYVCASGSFEVATS GKLEVWDTQDGRTLVLKLDSE YLKFRHQYARALGATHDFPDYS PHITLSYNVGPAHFEGEVQVPV VLDREYQEPLKLNWSEDLK	151	Proteína gp57B hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049750.1	6e-67 (120/151)		Proteína hipotética	PHA025 74	4,25e -65
33	32486	32869	814	MKSYQEFLMETEALLESTLPDY MIVKSFNVKNGYVIKFPIASVKP GADMSNDAGISVKVNVQFINYN SAKKSYDAKMTFSGGEKVVKNI KLDYDESAESVKKRFGDKLVKS IMVHPTFKRDFTELYK	127	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
34	32935	33114	815	MKRCELIRNVASAICLTAVGTSI FGAIFMGAKEIMVVLVAAFLMG SISFIMDKISHEKD	59	Proteína ARNt.4 de membrana predicha hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159527 0.1	5e-07 (31/59)		No se han detectado dominios putativos conservados		
35	33101	33280	816	MKKIKQWFVKTYDLGREEVTKY DYVTLGVGLGALLAALHSSLLAI AVLLILAHYSWKRK	59	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
36	33280	33465	817	MYALLTWSNYYPAPGSDQIRG VYSTVEECYEALQGTYQDYFEI LNSRFETVAKGSTEAYKD	61	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
37	33482	33832	818	MNIRAAFNTFYQENYKLLSHEY YDAQGVPIPSDLVTPKHVKTDS LDNEIQPGDLVSYYCGGSLSAA SVGILLGFTPKGYRVVPFHTSPI PEHRVLLSHMDSPHRVFLVKSK SSPIV	116	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
38	33915	33998	819	GGGGAGUUAGACCGUAGGGG UAGCGGGACAGACUGUAAAU CUGUUGCUCAAAAGGCUCGA GUGGUUCGACUCCAUUACUC CCCA	84				tRNA1-Tyr			
39	34009	34082	820	GGGAUACUAGCUCAGUUGGU UAGAGCACCGGACUUUUAAU CCGGGUGUACGAAGUUCGAA UCUUCGGUGUCCCA	74				tRNA2-Lys			

Fig. 12O

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
40	34091	34172	821	GGGUCGUUGGCUGAGAGGG UAAGCGACGGACUGUUAAUC CGUGUCAGAAAUGACUAGGC AGGUUCGAUACCUGCACGGC CCG	82				ARNt3-Asn			
41	34429	34502	822	AGUGCUGUAGUCGAGAUGGU UAAGACACUCCCCUGUCACG GGAGAGAUCGCGGGUUCGAC ACCCGUCAGCACUG	74				ARNt4-Asp			
42	34586	34984	823	LTFDEWLSWWKATGKYHLRGR ASDNYCMCRKGDVGPYSLDNI YCATNAQNAKDAGANGRIISTG FTGHNHSDETKIKISENHAHKLN ADEISLRIDLYNSIDFTQRGALV KFANKLGISHTQARKFINKFIK	132	PHG31p119nc [Fago 31de Aeromonas]	YP_238848.1	2e-31 (67/134)		No se han detectado dominios putativos conservados		
43	35138	35211	824	UGCGGAGUAACUUCAGUUGG UAGAAUGUUGGGCUCAUAUC CCGACACGCGCAGGUUCGAG UCCUGCCUCCGCCU	74				ARNt5-Met			
44	35221	35292	825	UGAAUCAUAGCCAAGUUGGU AAGGCAGUAGGUUUUGAUCC UACGAUCCCUGGUUCGAGUC CAGGUGGUUCAG	72				ARNt6-Gln			
45	35367	35540	826	MMDGVNIDVVVVQLVEPEVVIL DVTDSNSVGHPNNEGMVEKYT ARKTLWLSLSELCL	57	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
46	35391	35463	827	GUGGUCGUAGUUCAGUUGGU AGAACCCGAGGUUGUGAUCC UCGAUGUCACGGAUUCGAAU UCCGUCGGCCACC	73				ARNt7-His			
47	35564	35645	828	GGAGAGUAGCGCUAGUGGUA GCAAACCGGACUUGAAAUCC GGGCCACCGGAAACGGUGAG GGUUCAACUCCUUUACUCUC CG	82				ARNt8-Ser			
48	35715	35787	829	GGGAGUAUAGCUCAUUUGGU AGAGCUCUCGACCGAUAAUC GAGCGGUGACUGGUUCGAGU CCAGUUACUCCCA	73				ARNt9-Ile			

Fig. 12P

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
49	35797	35868	830	AGGUUCUUAGUAUAAUGGCU AUUAUGCUGGGCUCCAAACC CAGUGAUGAGGGUUCGAUUC CUUCAGGGCCUG	72				ARNt10-Trp			
50	35877	35948	831	GCAUCCAUCGUAUAGCGGAU AUUAUGUCUGGCUUCCACCC AGAAGAUGGGAGUUCGAUUC UCCCUGGAUGCU	72				ARNt11-Gly			
51	35957	36030	832	CUCCGUAUAGCUCAGCCUGG UAGAGCGCUCCAUUUGGGAU GGAGAGGUCGAAUGUUCGAG UCAUUCUAUGGAGA	74				ARNt12-Pro			
52	36209	36361	833	MKYYGFKTSHFGKAYRTENIDR RRAYYESLHKAGRSRARQEGQ KQAKEIE	50	Proteína hipotética RB43ORF088w [Fago RB43 de Enterobacteria]	YP_239064.1	5e-13 (35/48)		No se han detectado dominios putativos conservados		
53	36358	36723	834	MNIFIGVANNVNAITVKLQWNR PTNFALGLCKSERDLMLHADFA YTFDERKGMWVWIKCRYEALIK YEYFSERDIQEVIAYHSGCKVS KLRQVIPFTNASNVEELITDFKRI YQAKYDERF	121	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
54	36707	36940	835	MMKDSKGRDVQVGDIVFYGER TYNKGGRGSMRCGRITDIASGL AKVDNDYVAMRSKSFVKVSPM FATMWENGTIFEI	77	Proteína hipotética hipotética Ea21-4_gp102 [Fago phiEa21-4 de Erwinia]	YP_002456125.1	7e-04 (25/72)		No se han detectado dominios putativos conservados		
55	36995	37219	836	MKRIALIVDQEAMFAATGKFHP VSKFVARSEKIVGLVETVAGDVI VSIKTSEISPVVKVAVENDFWEV ADFMCE	74	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
56	37298	37371	837	GGCCCUGUAGCUCAAUUGGU AGAGCGUUCCCCUCAUAAGG GAUUGGUUGCAUGUUCGAGU CUUUGCCAGGGUCA	74				ARNt13-Met			
57	37394	37594	838	MMRLVKVVVEESEYMGDSRMI EEFVTVEADSESEIVDKVYRHF DNMSDSYGTMYSIYRLDVIVHIN	66	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12Q

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
58	37605	38162	839	MHIRFGQVIPKGLAMAITTWEN DADRYSTQMVYGLEKEEINQVI HVLEWFSSNGRRGEYLGNNDY NHEAILEKLHTEQKYVTPEFSKK FFGVDVPAYDCTDEEFDAYLDN HYSCSNEVMYAIQAWLGNPIEY DYDFMRVFEKVEIFDIKEEIRIPD APVAFHVGITYKQKESPLKVDW LKYVKEK	185	Proteína hipotética EpJS98_gp138 [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159526 7.1	2e-20 (63/162)		No se han detectado dominios putativos conservados		
59	38162	38611	840	MDIGSGSSYPSCALSNFAPHKF IYDGVECASMEGFLQSLKFSSP EMQAHVCTLVGKSAKFKGKKK RWWPTQTLYWKGVPIHRASEA YQNLLTGAYDALSKNEGFRKAL AATRNATLTHSMGKNKISETILT EREFCNQLYRLRNAINNQ	149	Proteína hipotética KP-KP15p076 [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00357995 2.1	4e-57 (114/146)		Proteínas del fago 30_3	pfam08 010	4,60e -65
60	38757	38840	841	GCGUCGAUGUUGGAAUUGGU AGACAAAGGAGACUUAAAAUC UCCCGGGAUUAAACCCGUAC GAGUUCGAGUCUCGUUCGAC GCA	84				ARNt14-Leu			
61	38846	38918	842	GCCCUUAUAGUGUAAUGGAU AGCACACGAUCGUUCTAAGG UCGGUAGUCCGGGUUCGAGU CCUGGUGGGGGUA	73				ARNt15-Arg			
62	38923	38995	843	GCCGAUUUAGCUCAGUUGGU AGAGCGCUUCACUUGUAAUG AAGAUGCCGCGGGUUCGACU CCUGCAAUCGGCA	73				ARNt16-Thr			
63	39268	39852	844	MKFKDFLTEEELFEAAPGRMTK SKWRDALVLVPRGERHDFSKF AASVEKIYGIGISDPKDYAKVAA AFESLGGKVTTPARGASPAQA PAAKPAPVKAKPKNIPGLKISGD HGDIIGSGELFKAIDKALPLVRD NGPLYKAVQFYFDNLWKYRES QGAKPSARETQHIGEVKTLLAK LNHHLVELSRQTELSYNV	194	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
64	40040	40330	845	MSKFNFIQIERGYNNYGTPDRY RAIWIKGEHEHAVFNVAETREL KDLIKHVRKDWPAVEEYYVRVY HEEAPTETVQIKFAKTASALTKR IEAVINC	96	Proteína hipotética RB51ORF009 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285396 4.1	7e-08 (40/93)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12R

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
65	40378	40971	846	MSILKKLVEFIRSKFGTFVAQNT SVEDQYTMAANRIIDEITKLRTT HVKSVNEEKRLLKLADEKDQAG ASKEREIRRLMAEGMNVETHAK LGLLYRRTAKALRDKAAEYKEM RAQIEETVVKLDDQRLDLAVKL EYIRETRNASALGITSADDVIEIA ELAKVDVQDIMMKVETFSGTQP GIETTTADVQEYLESLK	197	Proteína hipotética EME08_gp126 [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373427 6.1	7e-68 (128/197)		No se han detectado dominios putativos conservados		
66	41042	41602	847	MATPQIKELIAAGFPTEITDILGK FAYPDTRPENWKTRYNGYNTT VLPRAIVLKDYSKLKNLISNISSI SDGVKLVDIFALRYGIYSFNDSP SNLKSARTNAGEYSTSGSTTYT IVIEIIHNKNSYRLGINLVKYVTS QDDYSNYLNYCVNELPSKVMS MFDSNNMVGKQLIIDEFIKYCRE RVQK	186	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
67	41599	41958	848	MSNLYLPSEPPVYNYVYKFDQI DYALVPGIGATVGAMCTFAAIDI MHLTDITPAVLFGILLAWWGTSL LIMGLIECSRWVKWSRNNYKRK AEWKEQCKNLTLEWNRKKSFE FIKEVRRK	119	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
68	41955	42251	849	MNEYKPDGFWNQDGLAPGFGI VTWLLYCAFVIVGGTFFGLNVS EFMIMLLFLGVFAFSLMWMLIIA LINCCTFLAYRMKYKKWKEKED FNTWIRSCRK	98	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
69	42248	42574	850	MIKTCYRGMIKSDEPGYFFLFLL IWFSLSAFVGFGTFWGFYFFSP VFGDALYYIGWMSGVGTWFAIL ARWLQFVSQRQRGVFDKPKVK KEKSKDDSRSETLSWIKEMK	108	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
70	42574	42810	851	MAVAVHVKFENGDTRLLCYSD NESLSGIEISLKEELLGINGPICD FSVEGSDNCNDDLESMVYTAM EDILEESWNECQ	78	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

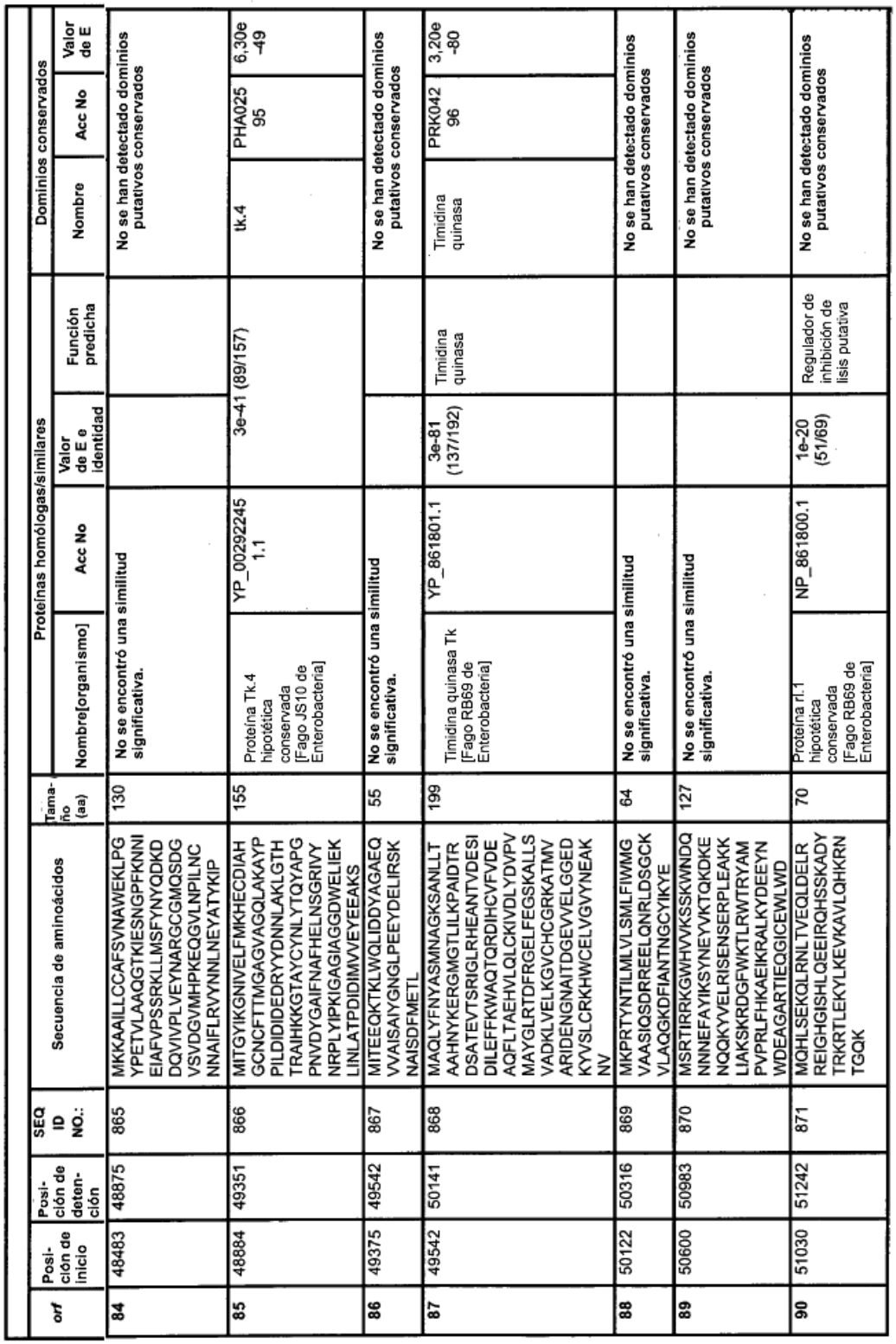
Fig. 12S

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
71	42801	43253	852	MPMKELSAGILFFTDDKRLLMG RMTNTYVQGRGSRWDIPKGHV EPGETPKEAAIRECKEETGFTE FDQDLLYDLGRHDYASNKDIHL FGYMLPVSPEMFRNCRCTAYH KDENGINFPEIDAFALIKPSQWK YVMGPSLYKIMTQMYSTAQ	150	Hidrolasa NudE nudix [Fago RB69 de Enterobacteria]	YP_861819.1	6e-47 (89/144)	Hidrolasa nudix	Hidrolasa nudix	cd02883	3,28e -15
72	43261	43569	853	MEEAVELGIPHIYKHELRFIHDG KWISIFHPRDKMSRILMKSRYVF SDSEYIKSAYYIAEQLYPGFSEL PEDDKRDYVWWKDKWTPYEK CSLELFIAKCRAK	102	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
73	43599	44093	854	MDIFGMLRIDEGYDSKIYKDSE GYWTIGIGHLLTKDPSKSLAISN LDKLVGRSTGGQITQAEAEVIFA KDVEKAIKGIVANATLSPVYNIL DDVRRAALINMVFQMGVSGVA GFPASMKLLLAKKWDAAAKELA NSRWYRQTPNRARRVIETMRT GTWAAYQGK	164	Cadena A, mutante E108v de lisozima T4	1QUG A	3e-57 (108/162)	Lisozima	Lisozima similar al bacteriófago T4	cd00735	5,01e -45
74	44094	44573	855	MKTYQEFLNESRLATVGVMTE SVGSNLLKFKKGQKMTATLED GTEIEMDVVGYNYVVDGKLYNK SHAKFDSFDDFVSSVEDESSRK AVASGDARSLMAHGHMRIKSK QNKPGEDNFALVGYQSGKTSN GYQRTVTMYMRNGKIAFVNDR GAIRYAKSIK	159	Proteína hipotética RB32ORF123c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803065.1	3e-60 (111/159)		No se han detectado dominios putativos conservados		
75	44766	45068	856	MKTYKEFITEARVSAGKLEAAIN KKAHSFHDLSDKDRKKLVSLYI DKERILALPGANEGKQAKPLNA VEKKIDNFASKFGMSMDDLQQ AAIEAAKVIKGK	100	Proteína IpII de cabeza interna [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373425 9.1	4e-47 (93/100)	Proteína de cabeza interna	No se han detectado dominios putativos conservados		
76	45272	45805	857	MKYLTPIYLTLMHAFKDAADRR LNNPNYSFYEPSCLMREYGTLR LDGGRQTGKTAALCQFATDWL LEDGSVIILSTRYTQSSELMEGI LREYNSSHLINKLPANEIAKSIVP MTIREFLSNDSSYKFRGRKLGR ALIIIEEPMKVPDMMKFYDMYQ EAIRWSMPNDTLPLFFVIGMQ	177	Proteína Vs.8 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292245 8.1	3e-40 (91/180)		Terminasa_6	pfam03 237	1,09e -03

Fig. 12T

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
77	54802	46113	858	MMTQTEIVDMITVMENTGFADMKQLITMVTAGNLLEYKRYKFLSGPFKGAEFISNAPNTKWMNRYPNFRIEFISGKLKGVISSSLITYDQRIQEKTMQWLKLL	103	Proteína Vs.7 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_002922457.1	2e-10 (29/54)		No se han detectado dominios putativos conservados		
78	46095	46439	859	MAEIVIRCPPHLVESFCEWFSNSGEQDFYEAHQNGTWNETTKQWEEATTYIGTRGYGVNEPIEIVEYDKETDEEVTYHEDKITYLEAAAKFHSDEWNKMSVITAYMRGWNKESN	114	Proteína Vs.5 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861809.1	2e-10 (36/77)		No se han detectado dominios putativos conservados		
79	46448	46810	860	MKAYQILEGELKGTIYIEDGDDARVIVSKVLKEDTITDAETFYGYKAREVEIEYQPTVKIEGGQHLNVNVLRRETLLDAVEHPEKYPQLTIRVSGYAVRFNSLTPEQQRDVIARTFTEAL	120	Cofactor del radical glicilo autónomo [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83131.1	2e-51 (100/120)	Cofactor del radical glicilo autónomo	Cofactor del radical glicilo autónomo GrcA	PRK11127	1,37e-40
80	46810	47091	861	MAIEDIKGYKPHTDEKIGKVNAIKDAEIRLGLIFKALEEEHVEKYMNLDVSTMSDKEFDLAHERITQIRNAIQHLKEASMWACRSVFQPEEKY	93	Proteína Vs.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595237.1	1e-35 (72/91)		No se han detectado dominios putativos conservados		
81	47155	47613	862	MSTNPEVFIRRTKLRRKFEEAFRSLNLSVRARAKAEGKEPFFTKYSDHLLDRAIQREIDEEYVFSVLSKIPNHLKEINEFLAMPWLPIDPKDIDENIEYKPMRLEITDGNLWLGFTMDIPRPGKGPSIKCRMAFVNDKRLKGKISTKVIHIN	152	ARN endonucleasa RegB específica de sitio [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595236.1	2e-43 (90/148)	ARN endonucleasa RegB específica de sitio	REGB_T4	pfam10715	1,91e-20
82	47621	48166	863	MKKALIGLMALCSTAFGSEPTFSNVQLDNLHYAYNFGEQYQKSGKEKSPHNRYDNNGLGYIMAAISWKESSAGANLKAGKGHHSYGVFQNYLPTVKARAKLEGKNLSDSEIRKMLKSRQNSAEWAYIELSYWLNIHNGNMRKALASYNAGWNVKRGNSYASDVLEKANFLKKHKMLHTKVE	181	Proteína Vs.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	YP_861805.1	5e-59 (115/180)		REGB_T4	pfam10715	1,00e-18
83	48166	48486	864	MVKYAALLGLVLAFSANAENSMTDSLRIAKTFCNTNSECVDILALELDSAFSDGVKDSRSPAQWTTLINRKAKSMKDLCVNAPNENICLMYRDQLMARYMSGLSSK	106	Modificador Vs ARNt-valil sintetasa [Fago Phi1 de Enterobacteria]	YP_001469436.1	4e-13 (34/80)	Modificador ARNt-valil sintetasa	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12U



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
84	48483	48875	865	MKKAAILLCCAFSVNAWEKLPG YPETVLAAQGTKIESNGPFKNNI EIAFVPSSRKLLMSFYNYQDKD DQVIVPLVEYNARGCGMQSDG VSVDGVMHPKEQGVLNPILNC NNAIFLRVYNNLNEYATYKIP	130	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
85	48884	49351	866	MITGYIKGNIVELFMKHECDIAH GCNCFTTMGAGVAGQLAKAYP PILDIDIDEDRYYDNNLAKLGTH TRAIHKKGTAYCYNLYTQYAPG PNVDYGAIFNAFHELNSGRIVY NRPLYIPKIGAGIAGGDWELIEK LINLATPDIDIMVVEYEEAKS	155	Proteína Tk.4 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292245 1.1	3e-41 (89/157)		tk.4	PHA025 95	6,30e -49
86	49375	49542	867	MITEEQKTKLWQLIDDYAGAEQ VVAISAIYGNGLPEEYDELIRSK NAISDFMETL	55	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
87	49542	50141	868	MAQLYFNYASMNAGKSANLLT AAHNYKERGMGTLILKPAIDTR DSATEVTSRIGLRHEANTVDESI DILEFFKWAQTQRDIHCVFVDE AQFLTAEHVLQLCKIVDLYDVPV MAYGLRTDFRGELFEGSKALLS VADKLVELKGVCHCGRKATMV ARIDENGNAITDGEVVELGGED KYVSLCRKHWCELVGVYNEAK NV	199	Timidina quinasa Tk [Fago RB69 de Enterobacteria]	YP_861801.1	3e-81 (137/192)	Timidina quinasa	Timidina quinasa	PRK042 96	3,20e -80
88	50122	50316	869	MKPRTYNTILMLVLSMLFIWMG VAASIQSDRREELQNRLDSGCK VLAQGKDFIANTNGCYIKYE	64	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
89	50600	50983	870	MSRTIRRKGWHVVKSSKWNDQ NNNEFAYIKSYNEYVKTQKDKE NQQKYVELRISENSERPLEAKK LIAKSKRDGFWKTLRWTRYAM PVPRLFHKAEIKRALKYDEEYN WDEAGARTIEQGICEWLWD	127	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
90	51030	51242	871	MQHLSEKQLRNLTVEQLDELR REIGHGISHLQEEIRQHSSKADY TRKRTLEKYLKEVKAVLQHKRN TGQK	70	Proteína rI.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861800.1	1e-20 (51/69)	Regulador de inhibición de lisis putativa	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12V

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
91	51254	51541	872	MAFNHICLALVLGCGISFPAASH DDISDYNSYVEGALQVYAKFKE PSKQESEQFYAFVQSKWKSES CSKDCDSLGRSAGEEYANRMR IQFDNEVQ	95	Proteína hipotética Acj133p120 [Fago 133 de Acinetobacter]	ADJ19435.1	4e-13 (36/82)		Proteína hipotética	PHA020 54	3,47e -06
92	51528	51914	873	MKFNDFVKDGKLTPQDEFIGLL MVSQAYFHSAHFDTKSYARHK AYEVFFNEIPDLIDAFGEQWLG FSGKSYTPALPSQKELPKDTIE MLDFILAKADGIYKSVPAALQSV LDDITGLCYKTKYLLSLQ	128	Proteína MobD.6 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049716.1	2e-43 (79/128)	Regulador de inhibición de lisis putativa	rI.-1 proteína hipotética	PHA026 04	6,38e -44
93	52019	52507	874	MIKLTTELQPGKIFYHVCGVNRT ETKPGEITRYIVASGTYDVELGL SGVYSRKSPFFQVICEYENYAG QTESYSTERSAHDMGIFKPGEK RSVHNLNRGFWTREEAEQFIKE LQENKFSDPDDQAYADRLTPS EDFRRQQEFMDSYLDSCDYDY YDFDDGEE	162	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
94	52599	52865	875	MNGWGPSDDGFATREATIADG IEWARLQKQLQEQRESEEFCV DCDEEIPVARRLLVKGCQRCVE CQGKWDTVMTSAYNRRGSKD SQLR	88	Proteína bacteriana hipotética conservada [Fago 133 de Acinetobacter]	ADJ19431.1	1e-24 (54/88)		Proteína hipotética	PRK110 19	4,8e-16
95	52868	53059	876	MESILDSTNLDNPYSDVHVKVV NSYFTKKLSRVVLKQGNDIIHLD TKQIDSLIQFLIEAKDGE	63	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
96	53049	53282	877	MASKLVWDGKPRKGDAVIEDE SPHVIDLYLTVFHTYEHNTIIEIE RDGDCVAIDKSDAIELVKYLTA MIPTMKQDNL	77	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
97	53282	53782	878	MNINKNSWHFKMNLWFKSGNI WKMPKTLCGYFWTTVLHILFSS AIAIFIGSVAWMFGWPLIAQTGIL AWIGVSLSAFWLNVVAVPVGAV FIATFVLAFVAIVFGFIFGLEKFK EYRKNKQFTKKLARVKAGLPAE SEPLVFIQYLKARKRKVCPMIDY VEGKTSEE	166	Proteína hipotética RB69ORF104c [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861794.1	2e-14 (55/163)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
98	53772	53996	879	VKNDQVYIVNGRKAVFRAKTER GIISTYPIAEFTFEDGEQIKIKYV PLSQTYRFIGGEIDLDIYYEGGV WKLKS	74	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		

Fig. 12W

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
99	53978	54400	880	MEIEIVTTKKKLSMSLLKQMKM ASSSEIKFAMFDRVHRVLGYVN AFKWNKMDIQVAIINTGNDWAL VPMYDTHVIKTARREPHPDGQ EYHFHDVVYYHTMQKIGNVHR NSKKSTDKEHVEACAKASNDLI KFAKGNHIYL	140	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
100	54397	55407	881	MKTIVKSYFGSHLYGTSTPESD VDFKEIFVPHPRDILMCQAMNH TNCNTNNSATKNTKDDVDHELF SLKYFFKLAADGETVALDMLHT PPELVVASDLPEVWKFIQDNRA RFYTTDMKAYLGYVRKQAGKY GVKGSRLADLHKVLDVIRDVPE WKYDDRPQQKGINERWKVQDI AEKLPLGEFLEWTTFVDHKSGE QKFYNVLGRKFQTTITIKEMKYS LEKLDAEYGERARKAEANEGV DWKALSHALRAGLQLQEIYMTG DLQFPLTHAKMVKMVKAGELPF KEVQELLESVVDEVEILAHTAEK NGMPKKVDMKFWDDFVEKVYL ENHNSYYK	336	Proteína NrdC.11 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292243 8.1	7e-132 (241/336)		Proteína NrdC.11 hipotética	PHA026 03	8,18e -142
101	55412	55600	882	MKVFLNYGRPHKGRRWYLEAV CRETGRRENAKFSARPTRKQIH QFMSWAGETLRFSLYWAEI	62	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
102	55597	55836	883	MILLWSVVVPIVVAIIYFIVGWSV CKHLIKNGTIEKVGEYWFYLIFW FPAFIVGAIIMFFRWAGKLPKRI AENAINKHA	79	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
103	55955	56170	884	MKTLEIVVNNIDKAFKAAEAHGV EFEPMMVGEAFSKLAIIRGETD NLIDFVDDFYLGSKVRPYYINEIL EK	71	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12X

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
104	56248	57225	885	MSTITIKKGIYFGKEISGTYELLG EWFPDSLSAEDSRQGDGKVFV ELNGKKRGVWVFKDDITIDGVA AKIEVVESVDEMKERIKKRFNV MGLMTNGLIHGNIRSLIISGAAGI GKTYSLDKALQHAHDTNAIDYK SVNGKISGIGLYCRLWESREAN SVLLIDDVDVFSDMDILNLLKAA LDSGEKRKVCWSTASSFLEDK GIPNEFEFEGTVVFITNVDIDRE LERGSKLAPHLQALVSRSVYLD LGVHTNEEIMVRVQDVIMTTSM LQNRGLRNSEVIEVLEFMKDNV NRLRNVSLRTALYIGDFVATDR KNWRTIAEVTMLK	325	Proteína hipotética T4Tp097 [Fago T4T de Enterobacteria]	ADJ39814.1	2e-138 (243/325)		No se han detectado dominios putativos conservados		
105	57268	57414	886	MATLISNDVKRVLFKGGMYIVD TPKGDTSSWTINEWINYIDENG AWVQ	48	Proteína hipotética [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83080.1	6e-07 (23/40)		No se han detectado dominios putativos conservados		
106	57411	57836	887	MSLAAIKDIECWLNDIKVYPPGH IFAGKPKGKAEKACEAICEKLYK FNFGDKKNVLAEVHSSYHELRV MVNVFRAPPFIELRKEYANKVF DTFLANVQDAVKHLDEMHKQH QDLNAYYKPWRKSYQELKNRIE LIRYEVLK	141	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
107	57833	58171	888	MKNWVMTESEAYAAYVSPDDR RSELFGYYGSYCVAEEAVKGQ SWWGSDGTVNRKPTELITFTD ENGESWTFPKSAAISVQEETPE AKRKRLEKIKESALAKLNPDER EALGL	112	Proteína hipotética Aeh1p086 [Fago Aeh1 de Aeromonas]	NP_943964.1	1e-07 (36/107)		No se han detectado dominios putativos conservados		
108	58168	58488	889	MSKEFSTTRMVDAFGYPCNGY REFIHPEVENQFKEVVRNILLNA FKTQGTNPRDLGIYLEEAIRDV QKSVSAKLHWAEENIAWSNKK RSDLNWPADREQIVNYAKG	106	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
109	58492	58782	890	MFNTIVSIHAYYEGQLNAARTK YKRGMEESVECLKDIQTFAQKT QNLILMDRKQVSLAEELKASKMI IEDNRKHQLKLLKRRQHQSPW FNSDFRSF	96	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

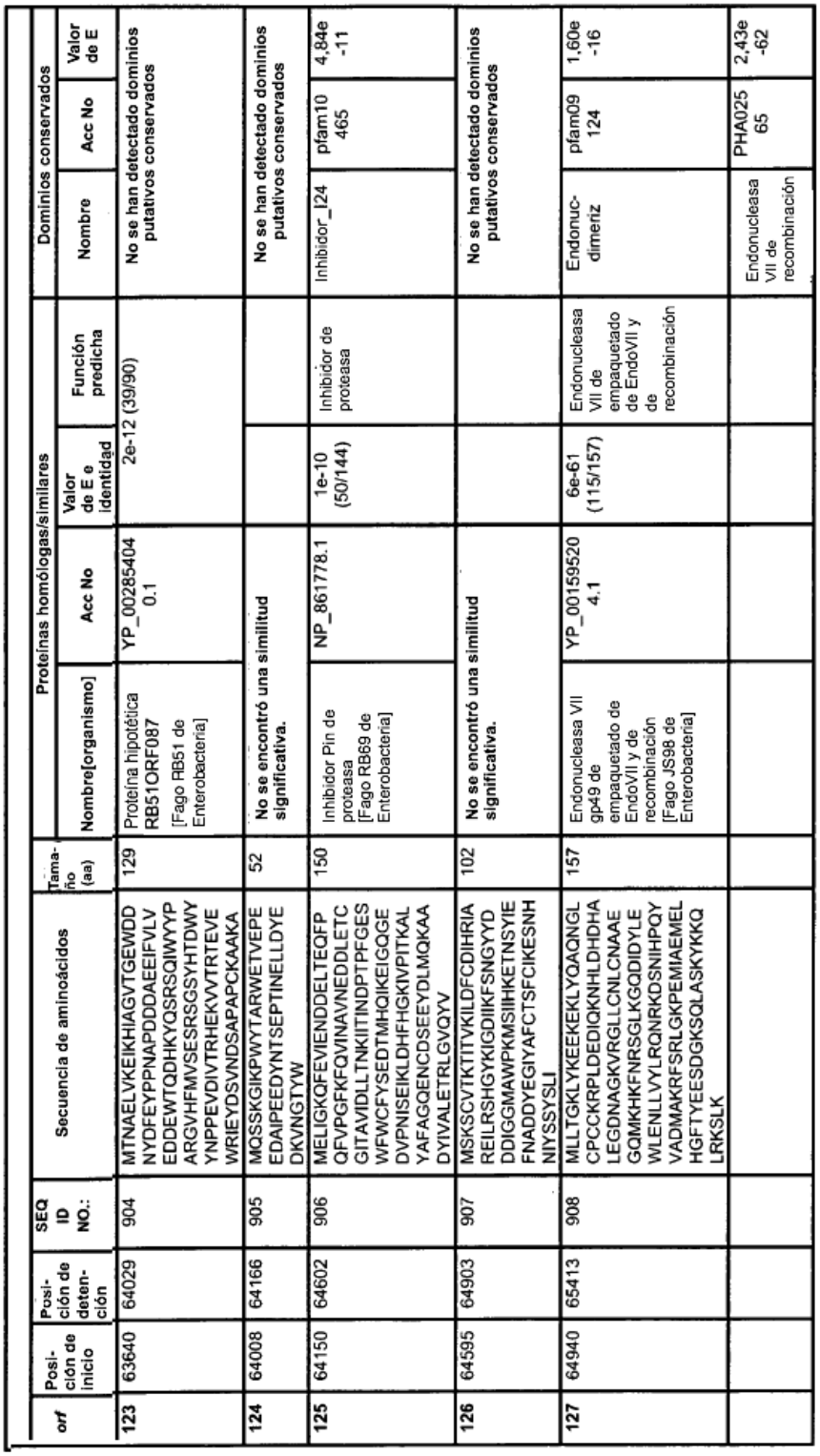
Fig. 12Y

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
110	58863	59027	891	MKAPTWNELQEMFNTEEAFGTI SEMVENLVDSPSEDNLLCLAQF IIETYIENQK	54	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
111	59024	59290	892	MTVYVDVLMNHGWKMRGHQV KNCHMFSDNLDELHAMAEAIG MKRSWFQDKRVPHYDLRDVR RKQAVALGAVEVSRRDAVLLW RKFFTK	88	Bcep22gp48 [Fago Bcep22 de Burkholderia]	NP_944277.1	4e-07 (31/79)		No se han detectado dominios putativos conservados		
112	59348	60136	893	MKTLTEIISALVEENRVARQAHR AKVEKRAEELNAGWAKTRFGR EYFDKVVAPTWGKDDRPHAPF DGYLWENELGEVEAYHAGSYL PYVTELDSLDKPEYTGDHGWW KIRLTQEEYKELREYGYPLEVRI PYKEWKLQDGTNVVMAEVRAH KSILEAIQEHSKEVFDNIFNELN KNKGDAPEGRVTVSGTVTSVK VYEDYYGVQCKMMVVLENGAT VYGSLPKSIPFEYRGKVQFTAT FELAKDDKTHAFYKRPSKVIML DE	262	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
113	60207	61181	894	MNKNELKMFVEAEFNKLKDKTL TKREKHVKVLSALHDLNPRAYD VAIAGNVARRVLNSMASHEANY AGFVVENIRRSRWLGAMSAEK QLKKFAIGNAKIYGQRYSFAAG AFKTEERHDRSAAQIFCSEFNA NLRRILNRSICLLKGDDRVKYQA SSTSSRNPKGVSFIRAEELDNV TVRIHINSHLSSGKYPARALLAQ VRTALDHMDVVKKSCCKQQGE NSSVLEVHLDPFKIFPKTLSTTP VIDEDVAHMYLNVVKPLPLTPV NHIEIAKNSITAEMESVKRFIDTK EAELAKHELTMADLVKSLNEYK ERYESLEYARSLL	324	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
114	61178	61438	895	VKNQLKEDMVVDDNDLEIEFEY PPVPEFKIDWDACLEMVDRRE AAAKQVVPCEKCGSIQVQLVD WTTDILKMKCRTCKHRFERKLK	86	Proteína NrdC.2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049700.1	2e-11 (34/78)		No putative conserved domains have been detected		

Fig. 12Z

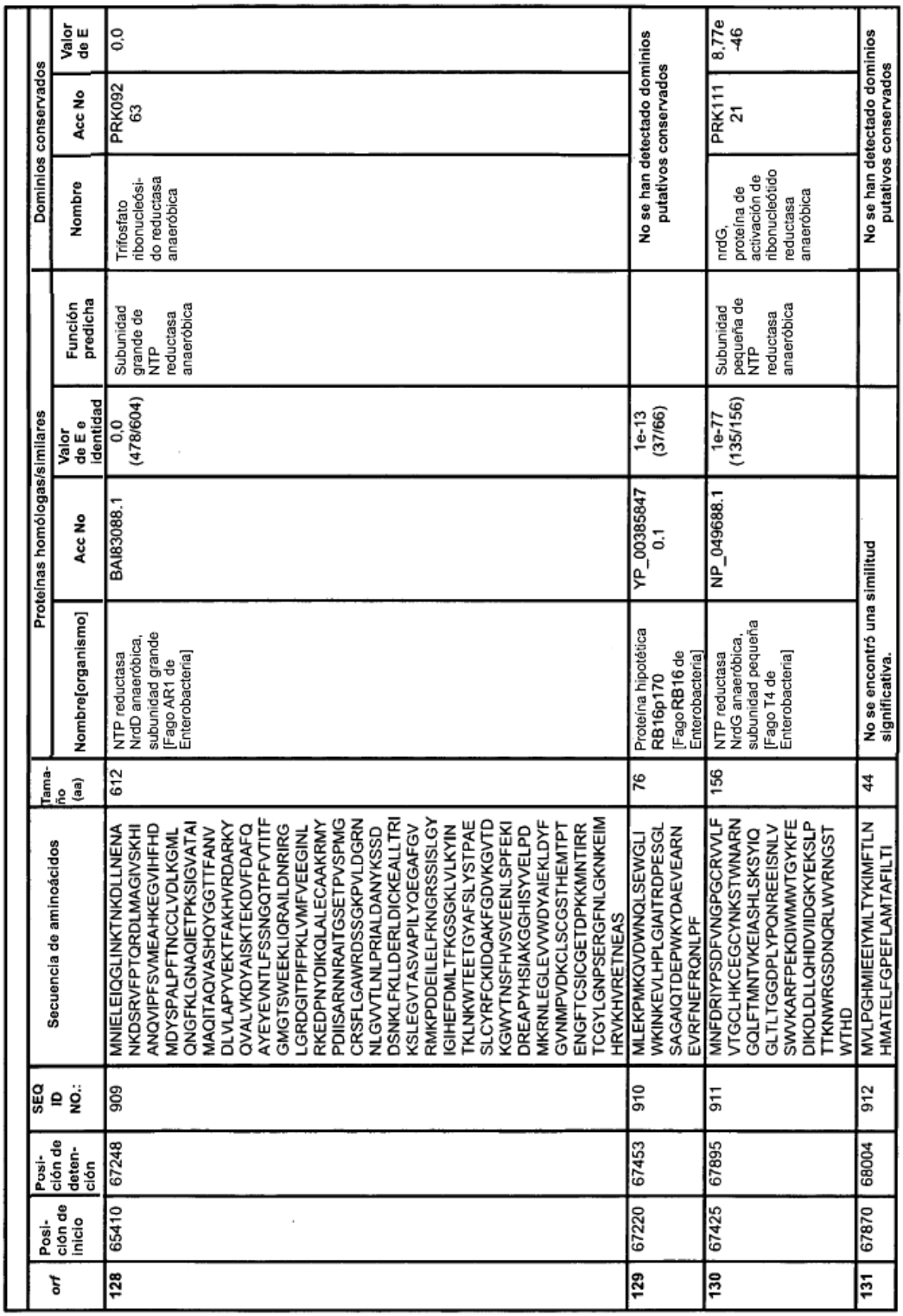
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
115	61435	61749	896	MITKTITGANTKFFVEYANNLIK DKNFDNIIADMILDAYESGIDPM QLKEYLRATMDFTVLNMMLRT DTEFNEMIARRNEGKFNLTDDE VLACAAHEAWKKVIK	104	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
116	61746	62081	897	MKTTGALWKEFYNDEAFWEGY YHDDTLILFDDVEVEEYEDPSP DAVVKIESGYVYKTDDDSFTSH DLSLETFFKRWKKKQTTRTMVV TVDKDDFAKVFETISNIPGVKKV K	111	Proteína hipotética phiSboM-AG3_gp129 [Fago phiSboM-AG3 de Shigella]	YP_003358616.1	7e-09 (41/115)		No se han detectado dominios putativos conservados		
117	62078	62590	898	MIDIKLDTYAVRQLFPEGTAARA QLQQSVINNIVKEMVLKDSQNK LKQAVQSEVNIAAVTIPDVRAEV KKQVQQMFHTRGWNDMSAKE EMSQMMRNAAQSCAKNAIDDM VRQTIDDAVKQAEGRIKMSIER ANLRIQEIIVNAMNKNFADQINA AIAAKLAEHFPVTANG	170	Proteína hipotética KP-KP15p225 [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_003580101.1	1e-05 (43/173)		No se han detectado dominios putativos conservados		
118	62583	62756	899	MDKIDFSKLNIPRMGIPDDIAKQ LASVQPMPDNCIKDIFDALDGK TLVITTKAENGS	57	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
119	62746	63036	900	MARKRYMEEAERVMLLMYSVY YNETGQIVDSSKLKGAMTRGR GFAQAAIDKEIISRLGIKYSSKM YLHPGWNQVQAQVFKEIEEDV HSFWLRQQHP	96	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
120	62999	63268	901	MFTVFGYDSNIHKCVFCDNAKR LLDVKKQEYAFINVMPEKGVFD EVVISDLLRRLGRESQVGLTMP QIFAPDGTHIGGFDELRKFKFN A	89	Tiorredoxina NrdC [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595211.1	2e-34 (68/85)	Tiorredoxina	GRX_GRXb_1_3similar	cd03418	1,52e-08
121	63261	63449	902	MHDYRGTLLREGDIVALYYGYG GLETGEIKQIKNHRAKVEVTYS NGVKVMSKWKYGECMVKL	62	Proteína hipotética RB32ORF082c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803024.1	9e-16 (42/62)		No se han detectado dominios putativos conservados		
122	63468	63638	903	MSYDIGDLKAPCTVTISAEEFIR LQAIEELLWEIECALPSGLESWI DDEDLQKLRG	56	Proteína hipotética RB32ORF081c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_002854418.1	6e-15 (42/56)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12AA



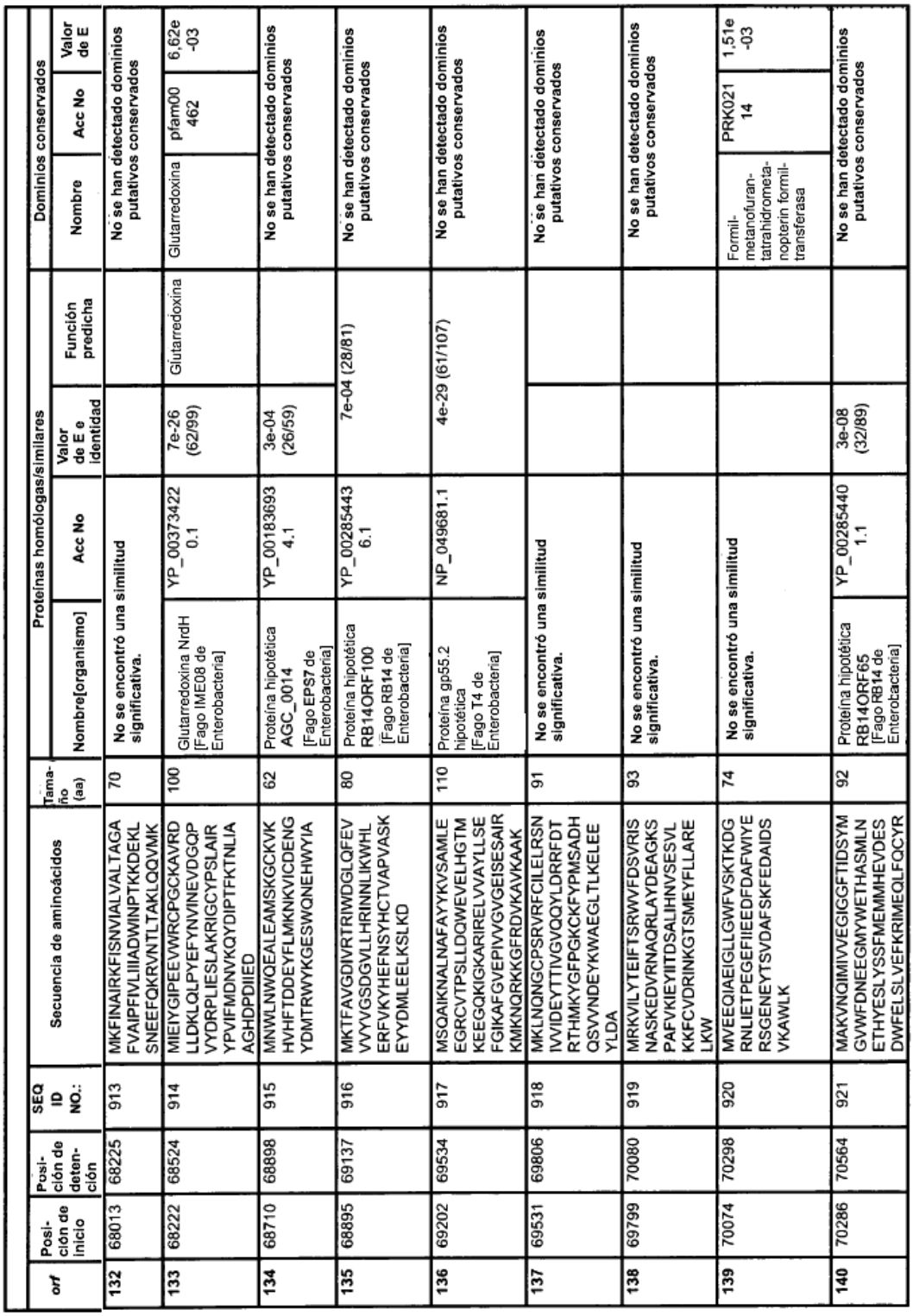
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
123	63640	64029	904	MTNAELVKEIKHIAGVTGEWDD NYDFEYPPNAPDDDAEEIFVLV EDDEWTQDHKYQSRSQIWYYP ARGVHFMVSESRSGSYHTDWY YNPPEVDIVTRHEKVVTRTEVE WRIEYDSVNDSAPAPCKAAKA	129	Proteína hipotética RB51ORF087 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285404 0.1	2e-12 (39/90)		No se han detectado dominios putativos conservados		
124	64008	64166	905	MQSSKGIKPWYTARWETVEPE EDAIPEEDYNTSEPTINELLDYE DKVNGTYW	52	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
125	64150	64602	906	MELIGKQFEVIENDDELTEQFP QFVPGFKFQVINAVNEDDLETC GITAVIDLLTNKIITINDPTPFGES WFWCFYSEDTMHQIKEIGQGE DVPNISEIKLDHFHGKIVPITKAL YAFAGQENCDSEEYDLMQKAA DYIVALETRLGVQYV	150	Inhibidor Pin de proteasa [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861778.1	1e-10 (50/144)	Inhibidor de proteasa	Inhibidor_I24	pfam10 465	4,84e -11
126	64595	64903	907	MSKSCVTKTITVKILDFCDIHRIA REILRSHGYKIGDIIKFSNGYYD DDIGGMAWPKMSIIHKETNSYIE FNADDYEGIYAFCTSFCIKESNH NIYSSYSLI	102	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
127	64940	65413	908	MLLTGKLYKEEKEKLYQAQNGL CPCCKRPLDEDIQKNHLDHDHA LEGDNAGKVRGLLCNLCNAAE GQMKHKFNRSGLKGQDIDYLE WLENLLVYLRQNRKDSNIHPQY VADMAKRFSRLGKPEMIAEMEL HGFTYEESDGKSQLASKYKKQ LRKSLK	157	Endonucleasa VII gp49 de empaquetado de EndoVII y de recombinación [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159520 4.1	6e-61 (115/157)	Endonucleasa VII de empaquetado de EndoVII y de recombinación	Endonuc-dimeriz	pfam09 124	1,60e -16
										Endonucleasa VII de recombinación	PHA025 65	2,43e -62

Fig. 12BB



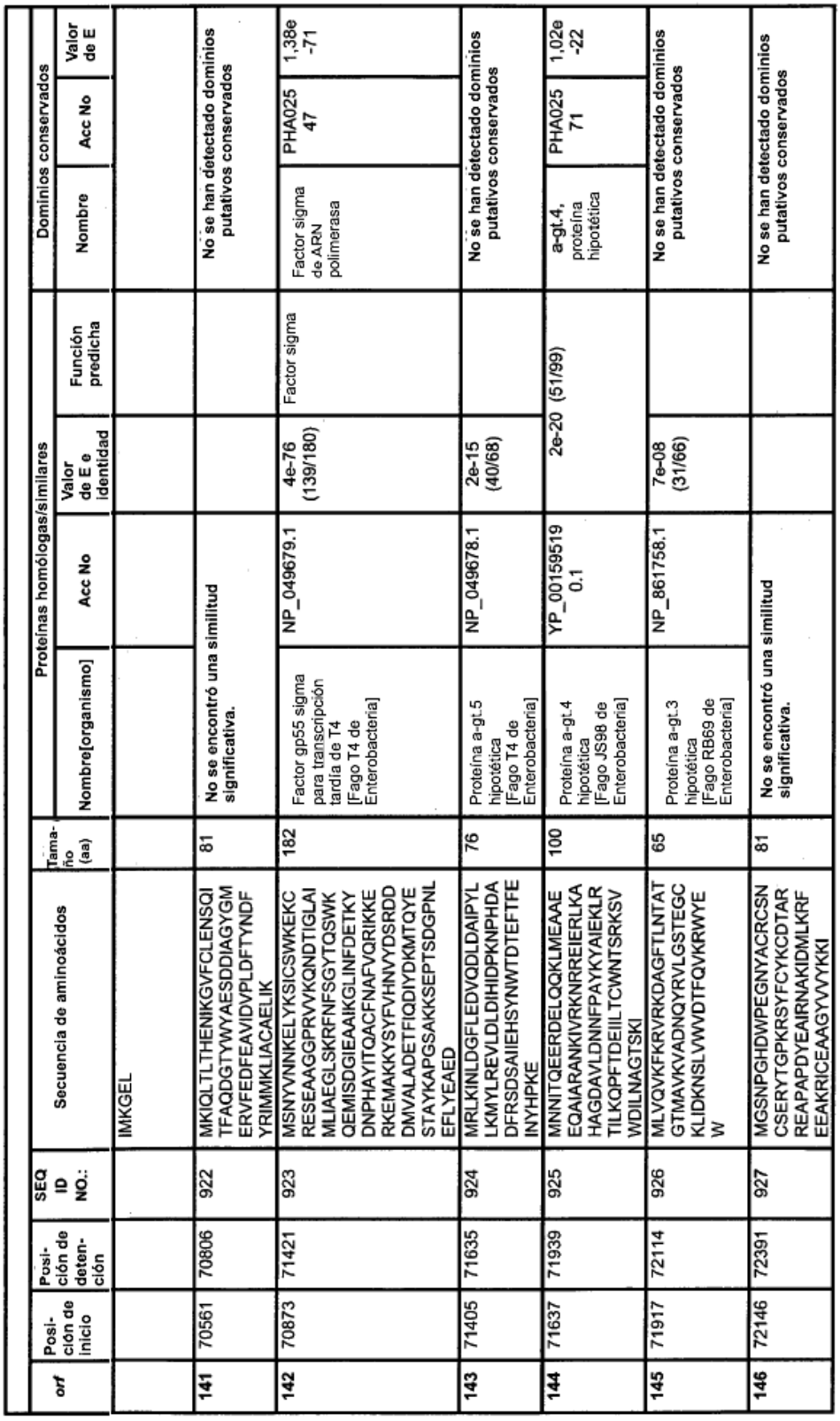
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función prédicha	Nombre	Acc No	Valor de E
128	65410	67248	909	MNIELEIQGLINKTNKDLLNENA NKDSRVFPTQRDLMAGIVSKHI ANQVIPFSVMEAHKEGVIHFHD MDYSPALPFTNCCLVDLKGML QNGFKLGNAQIETPKSIGVATAI MAQITAQVASHQYGGTTFANV DLVLAPYVEKTFAKHVRDARKY QVALVKDYAISKTEKDVFDAFQ AYEYEVNTLFSSNGQTPFVTITF GMGTSWEEKLIQRAILDNRIRG LGRDGITPIFPKLVMFVEEGINL RKEDPNYDIKQLALECAAKRMY PDIISARNNRAITGSETPVSPMG CRSFLGAWRDSSGKPVLDGRN NLGVVTLNLPRIALDANYKSSD DSNKLFKLLDERLDICKEALLTRI KSLEGVTASVAPILYQEGAFGV RMKPDDEILELFKNGRSSISLGY IGIHEFDMLTFKGSGKLVLKYIN TKLNKWTEETGYAFSLYSTPAE SLCYRFCKIDQAKFGDVKGVTD KGWYTNSFHVSVEENLSPFEKI DREAPYHSIAKGGHISYVELPD MKRNLEGLEVVWDYAIEKLDYF GVNMPVDKCLSCGSTHEMTPT ENGFTCSICGETDPKKMNTIRR TCGYLGNPSERGFNLGKNKEIM HRVKHVRETNEAS	612	NTP reductasa NrdD anaeróbica, subunidad grande [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83088.1	0.0 (478/604)	Subunidad grande de NTP reductasa anaeróbica	Trifosfato ribonucleósido reductasa anaeróbica	PRK09263	0,0
129	67220	67453	910	MLEKPMKQVDWNQLSEWGLI WKINKEVLHPLGIAITRDPESGL SAGAIQTDEPWKYDAEVEARN EVRFNEFRQNLPF	76	Proteína hipotética RB16p170 [Fago RB16 de Enterobacteria]	YP_00385847 0.1	1e-13 (37/66)		No se han detectado dominios putativos conservados		
130	67425	67895	911	MNFDRIYPSDFVNGPGCRVVLF VTGCLHKCEGCYNKSTWNARN GQLFTMNTVKEIASHLSKSYIQ GLTLTGGDPLYPQNREEISNLV SWVKARFPEKDIWMWTGYKFE DIKDLDLLQHIDVIIDGKYEKSLP TTKNWRGSDNQRLWVRNGST WTHD	156	NTP reductasa NrdG anaeróbica, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049688.1	1e-77 (135/156)	Subunidad pequeña de NTP reductasa anaeróbica	nrdG, proteína de activación de ribonucleótido reductasa anaeróbica	PRK11121	8,77e-46
131	67870	68004	912	MVLPGHMIEEIYMLTYKIMFTLN HMATELFGPEFLAMTAFILTI	44	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12CC



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
132	68013	68225	913	MKFINAIRKFISNVIALVALTAGA FVAIPFIVLIIIADWINPTKKDEKL SNEEFQKRVNTLTAKLQQVMK	70	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
133	68222	68524	914	MIEIYGIPEEVWRCPGCKAVRD LLDKLQLPYEFYNVINEVDGQP VYDRPLIESLAKRIGCYPSLAIR YPVIFMDNVKQYDIPTFKTNLIA AGHDPDIIED	100	Glutarredoxina NrdH [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373422 0.1	7e-26 (62/99)	Glutarredoxina	Glutarredoxina	pfam00 462	6,62e -03
134	68710	68898	915	MNWLNWQEALEAMSKGCKVK HVHFTDDEYFLMKNKVICDENG YDMTRWYKGESWQNEHWYIA	62	Proteína hipotética AGC_0014 [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_00183693 4.1	3e-04 (26/59)		No se han detectado dominios putativos conservados		
135	68895	69137	916	MKTFAVGDIVRTRIWDGLQFEV VVYVGSDGVLLHRINNLIKWHL ERFVKYHEFNSYHCTVAPVASK EYYDMLEELKSLKD	80	Proteína hipotética RB14ORF100 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285443 6.1	7e-04 (28/81)		No se han detectado dominios putativos conservados		
136	69202	69534	917	MSQAIKNALNAFAYYKVSAMLE EGRCVTPSLLDQWEVELHGTM KEEGQKIGKARIRELVVAYLLSE FGIKAFGVEPIVVGVGEISESAIR KMKNQRKKGFRDVKAVKAAK	110	Proteína gp55.2 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049681.1	4e-29 (61/107)		No se han detectado dominios putativos conservados		
137	69531	69806	918	MKLNQNGCPSRVRFCILELRSN IVVIDEYTTIVGVQQYLDRRFDT RTHMKYGFPGKCKFYPMSADH QSVVNDEYKWAEGLTLKELEE YLDA	91	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
138	69799	70080	919	MRKVILYTEIFTSRWVFDSVRIS NASKEDVRNAQRLAYDEAGKS PAFVKIEYIITDSALIHNVSESVL KKFCVDRINKGTSMEYFLLARE LKW	93	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
139	70074	70298	920	MVEEQIAEIGLLGWFVSKTKDG RNLIETPEGEFIIEEDFDAFWIYE RSGENEYTSVDAFSKFEDAIDS VKAWLK	74	No se encontró una similitud significativa.			Formil-metanofuran-tatrahidrometa-nopterin formil-transferasa	Formil-metanofuran-tatrahidrometa-nopterin formil-transferasa	PRK021 14	1,51e -03
140	70286	70564	921	MAKVNQIMIVVEGIGGFTIDSYM GVWFDNEEGMYWETHASMLN ETHYESLYSSFMEMMHEVDES DWFELSLVEFKRIMEQLFQCYR	92	Proteína hipotética RB14ORF65 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285440 1.1	3e-08 (32/89)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12DD

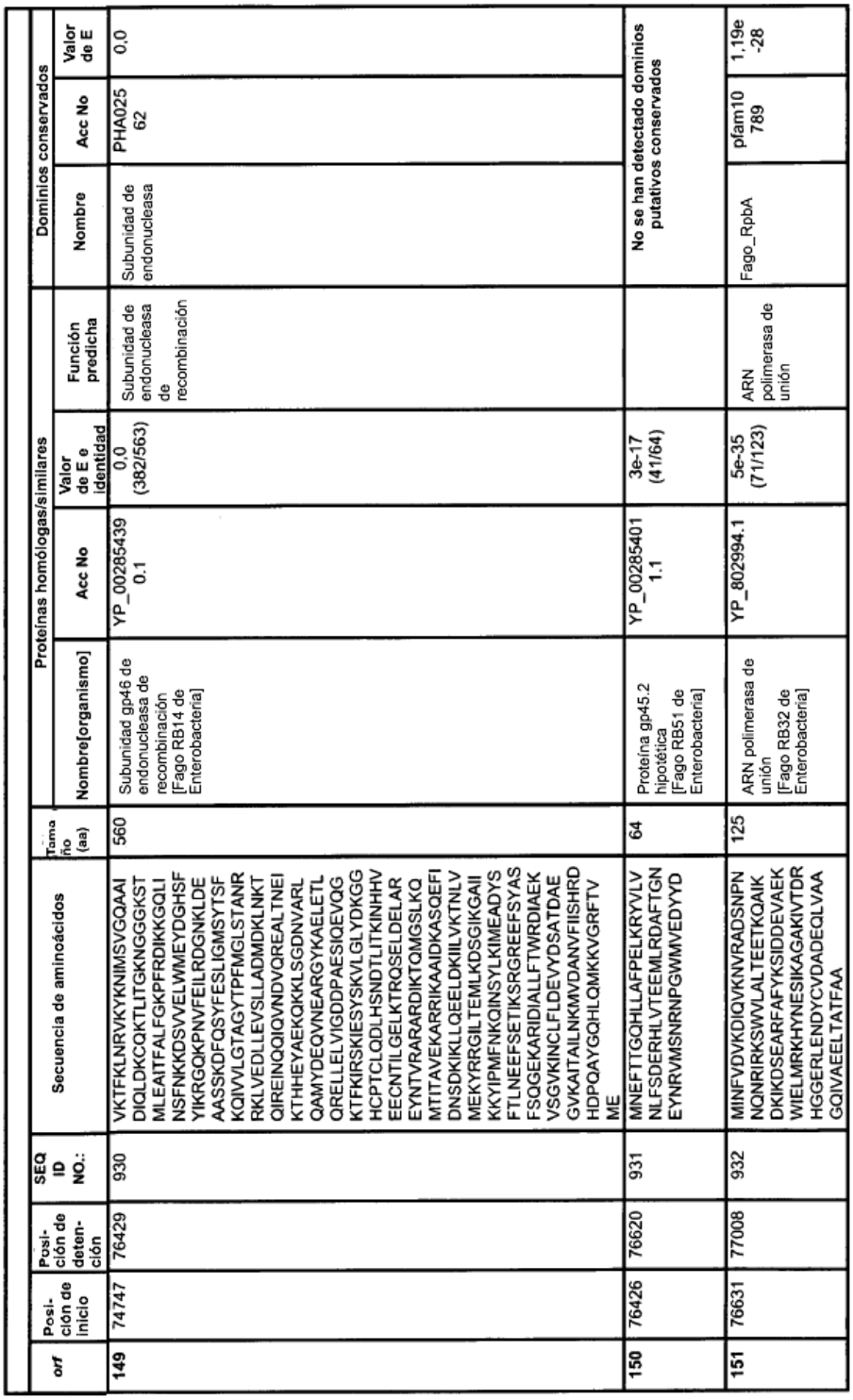


orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				IMKGEL								
141	70561	70806	922	MKIQLTLTHENIKGVFCLENSQI TFAQDGTYWYAESDDIAGYGM ERVFEDFEAVIDVPLDFTYNDF YRIMMKLIACAELIK	81	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
142	70873	71421	923	MSNYVNNKELYKSICSWKEKC RESEAAGGPRVVKQNDTIGLAI MLIAEGLSKRFNFSGYTQSWK QEMISDGIEAAIKGLINFDETKY DNPHAYITQACFNAFVQRIKKE RKEMAKKYSYFVHNVYDSRDD DMVALADETFIQDIYDKMTQYE STAYKAPGSAKKSEPTSDGPNL EFLYEAED	182	Factor gp55 sigma para transcripción tardía de T4 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049679.1	4e-76 (139/180)	Factor sigma	Factor sigma de ARN polimerasa	PHA025 47	1,38e -71
143	71405	71635	924	MRLKINLDGFLEDVQDLDAIPYL LKMYLREVLDLDIHIDPKNPHDA DFRSDSAIIEHSYNWTDTEFTFE INYHPKE	76	Proteína a-gt.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049678.1	2e-15 (40/68)		No se han detectado dominios putativos conservados		
144	71637	71939	925	MNNITQEERDELQQKLMEAAE EQAIARANKIVRKNRREIERLKA HAGDAVLDNNFPAYKYAIEKLR TILKQPFTDEILTCWNTSRKSV WDILNAGTSKI	100	Proteína a-gt.4 hipotética [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159519 0.1	2e-20 (51/99)		a-gt.4, proteína hipotética	PHA025 71	1,02e -22
145	71917	72114	926	MLVQVKFKRVRKDAGFTLNTAT GTMAVKVADNQYRVLGSTEGC KLIDKNSLVWVDTFQVKRWYE W	65	Proteína a-gt.3 hipotética [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861758.1	7e-08 (31/66)		No se han detectado dominios putativos conservados		
146	72146	72391	927	MGSNPGHDWPEGNYACRCSN CSERYTGPKRSYFCYKCDTAR REAPAPDYEAIRNAKIDMLKRF EEAKRICEAAGYVVYKKI	81	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12EE

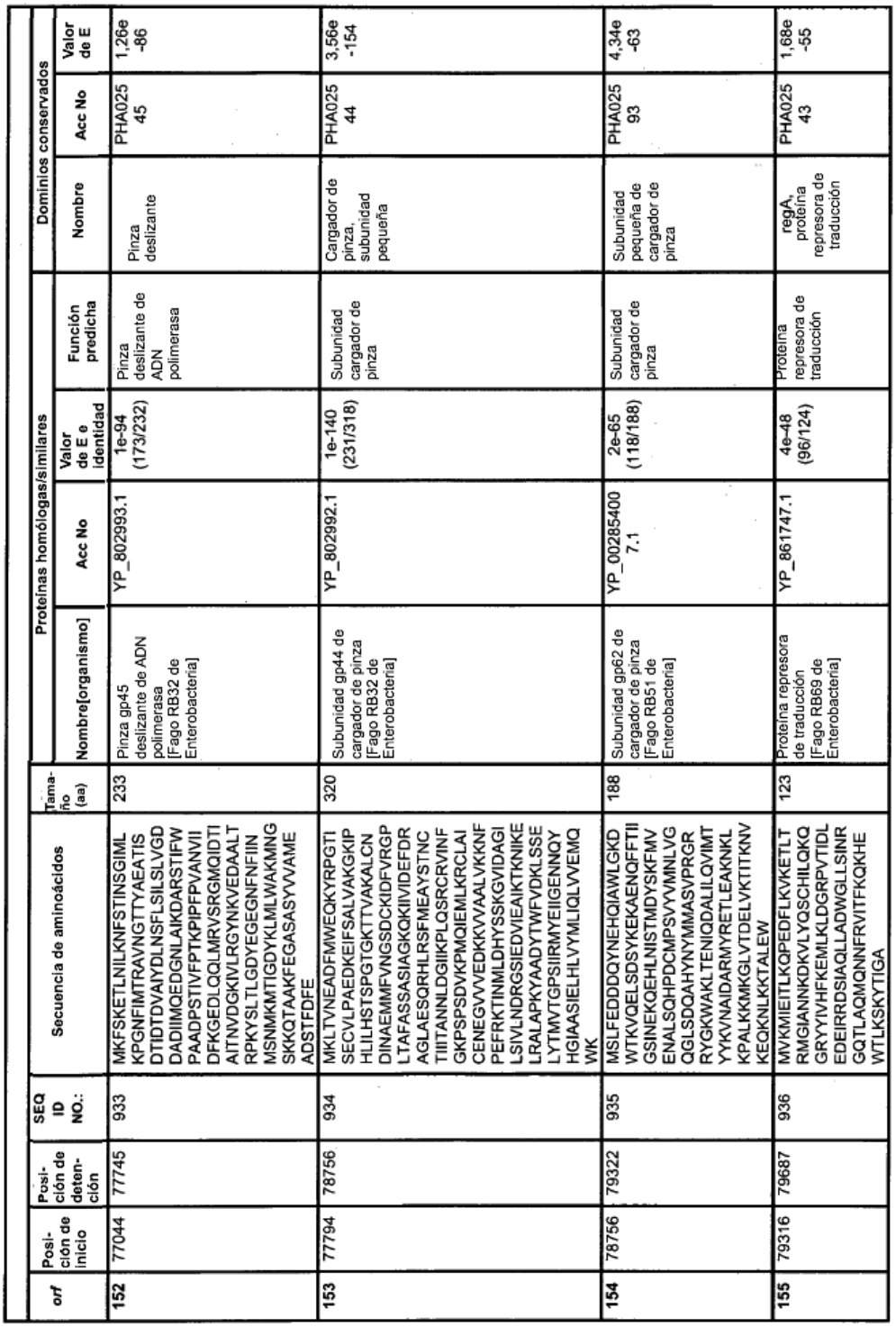
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
147	72461	73657	928	MKINILMARGLEGCGVTKFSLE HREWLVKHGHEVNIIYAKDKAF TRNRAHSYKDVTIPVSLADDYD KTLSLLNACDILIINSVPAVNAPE AAIDNYKKLIENIKPEVRVVVYQ HDHRALSLRRNAGLEETVKRA DVLFSHSSNGDFNTVLMEEYFP SGGLSFFDDSDSAPPVYNFQP AMNIKAIRDKYWKDFSAIDFDIH RWIGRTTTWKGYFLMFDFHES HLRPAGKTTILEGLERSPAFINIK ERYEIDYCRHYHQVKTGPGLNP QVLDRYVNSEMLERMSQSGFG YQLSRLPDKFLERSLEYTHLEL GACGTIPVFHKATGDALKFRVD GKPLTSHDSGILWLNDENKNEV FERMKHLSSDQKLYDKERNKA FEFLVEHQDSEHCFKEQFELMT K	398	Alfa-glucosil transferasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803002.1	6e-164 (273/401)	Alfa-glucosil transferasa	AGT.alfa-glucosil transferasa	pfam11440	1.80e-143
148	73728	74750	929	MKIIHSGDWHLGVRADDPWVQ DVQRHGIKQHIDYAKKHGIKTII QYGDIFDVRKAITHKTMEFAREI AESLEKEGINLITIVGNHDMHYK NTLTPNASTEVLGKYKHITVIEK PVTMDFDGTLIDLCPWMCEEN TSEIMKHIKESSAEYCIGHWELN GFYFYKGMKSHGLEPDFLKKY KQVWSGHFHTISSAANVKYIGT PWTLTAGDENDPRGFWVQDTE LSTFDFVPNEITWHRKLIYPVTG QVDFEEFRNLAVRIIITAVDEDL PKFESELEKVVHELRTVSKVDN SVESEDGEEVEVKSLLDLMEEY IQALEDLSADDIKALKVMSKQLY IEAQNQ	340	Subunidad gp47 de endonucleasa de recombinación [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803000.1	6e-144 (237/337)	Subunidad de endonucleasa de recombinación	Subunidad de endonucleasa	PHA02546	2.02e-136

Fig. 12FF



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
149	74747	76429	930	VKTFKLNRVKYKNIMSVGQAAI DIQLDKCQKTLITGKNGGGKST MLEAITFALFGKPFRDIKKGQLI NSFNKKDSVVELWMEYDGHSF YIKRGQKPNVFEILRDGNKLDE AASSKDFQSYFESLIGMSYTSF KQIVVLGTAGYTPFMGLSTANR RKLVEDLLEVSLLADMDKLNKT QIREINQQIQVNDVQREALTNEI KTHHEYAEKQKKLSGDNVARL QAMYDEQVNEARGYKAELETL QRELLELVIGDDPAESIQEVQG KTFKIRSKIESYSKVLGLYDKGG HCPTCLQDLHSNDTLITKINHHV EECNTILGELKTRQSELDELAR EYNTVRARARDIKTQMGSLKQ MTITAVEKARRIKAAIDKASQEFI DNSDKIKLLQEELDKIILVKTNLV MEKYRRGILTEMLKDSGIKGAII KKYIPMFNKQINSYLKIMEADYS FTLNEEFSETIKSRGREEFSYAS FSQGEKARIDIALLFTWRDIAEK VSGVKINCLFLDEVYDSATDAE GVKAITAILNKMVDANVFIISHRD HDPQAYGQHLQMKKVGRFTV ME	560	Subunidad gp46 de endonucleasa de recombinación [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_002854390.1	0,0 (382/563)	Subunidad de endonucleasa de recombinación	Subunidad de endonucleasa	PHA02562	0,0
150	76426	76620	931	MNEFTTGQHLLAFPELKRYVLV NLFSDERHLVTEEMLRDAFTGN EYNRVMSNRNPGWMVEDYYD	64	Proteína gp45.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_002854011.1	3e-17 (41/64)		No se han detectado dominios putativos conservados		
151	76631	77008	932	MINFVDVKDIQVKNVRADSNPN NQNRIRKSWVLALTEETKQAIK DKIKDSEARFAFYKSIDDEVAEK WIELMRKHYNESIKAGAKIVTDR HGGERLENDYCVDADEQLVAA GQIVAEELTATFAA	125	ARN polimerasa de unión [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802994.1	5e-35 (71/123)	ARN polimerasa de unión	Fago_RpbA	pfam10789	1,19e-28

Fig. 12GG

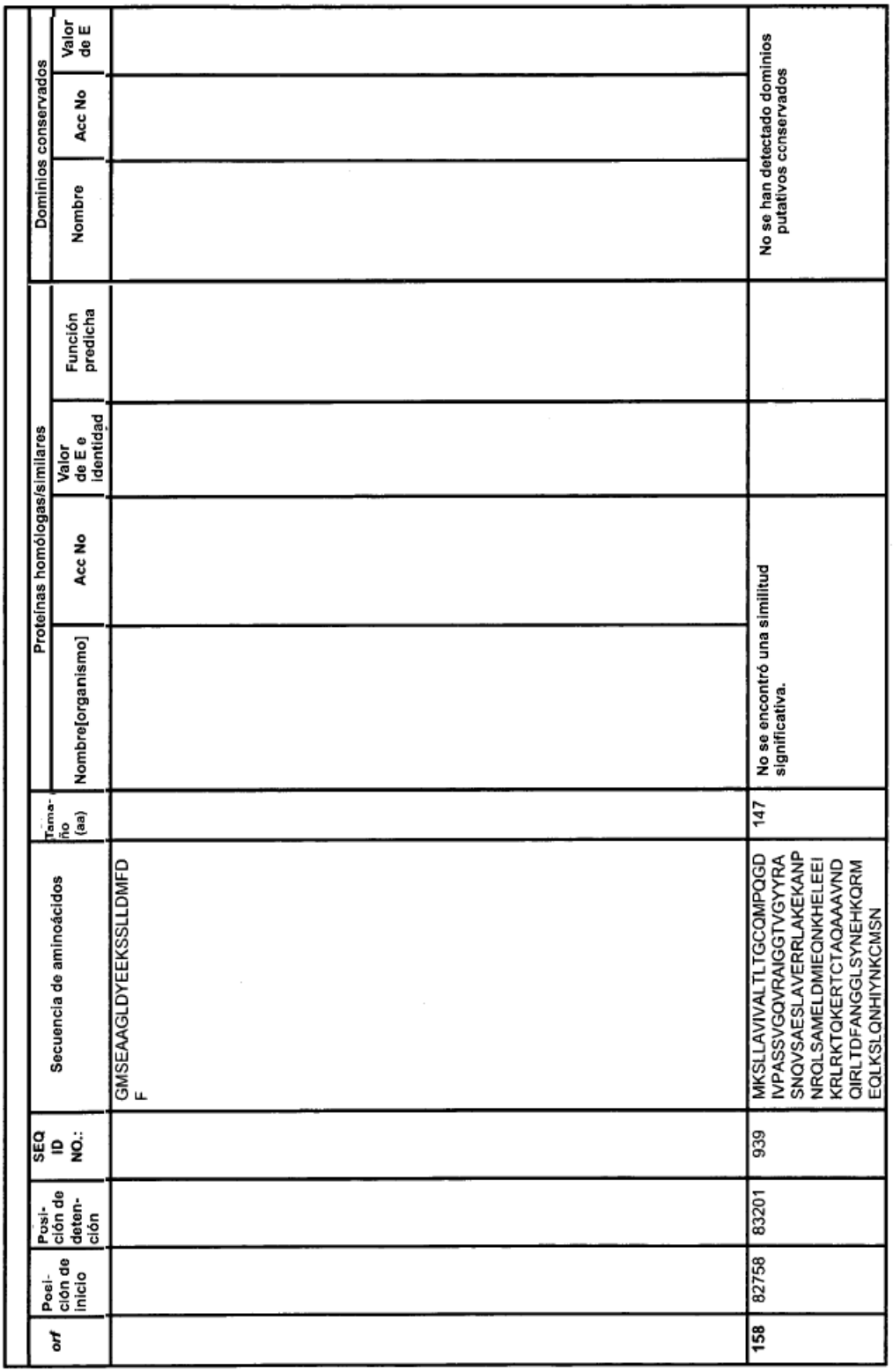


orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
152	77044	77745	933	MKFSKETLNILKNFSTINSGIML KPGNFIMTRAVNGTTYAEATIS DTIDTDVAIYDLNSFLSILSLVGD DADIIMQEDGNLAIKDARSTIFW PAADPSTIVFPTKPIPFPVANVII DFKGEDLQQLMRVSRGMQIDTI AITNVDGKIVLRGYNKVEDAALT RPKYSLTLGDYEGEGNFNFIIN MSNMKMTIGDYKLMLWAKMNG SKKQTAAKFEGASASYVVAME ADSTFDFE	233	Pinza gp45 deslizante de ADN polimerasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802993.1	1e-94 (173/232)	Pinza deslizante de ADN polimerasa	Pinza deslizante	PHA025 45	1,26e -86
153	77794	78756	934	MKLTVNEADFMWEQKYRPGTI SECVLPAEDKEIFSALVAKGKIP HLILHSTSPGTGKTTVAKALCN DINAEMMFVNGSDCKIDFVRGP LTAFASSASIAGKQKIIVIDEFDR AGLAESQRHLRSFMEAYSTNC TIIITANNLDGIIKPLQSRCRVINF GKPSPSDVKPMQIEMLKRCLAI CENEGVVVEDKKVVAALVKKNF PEFRKTINMLDHYSSKGVIDAGI LSIVLNDRGSIEDVIEAIKTKNIKE LRALAPKYAADYTWFVDKLSSE LYTMVTGPSIIRMYEIIGENNQY HGIAASIELHLVYMLIQLVVEMQ VVK	320	Subunidad gp44 de cargador de pinza [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802992.1	1e-140 (231/318)	Subunidad cargador de pinza	Cargador de pinza, subunidad pequeña	PHA025 44	3,56e -154
154	78756	79322	935	MSLFEDDDQYNEHQIAWLGKD WTKVQELSDSYKEKAENQFFTII GSINEKQEHLNISTMDYSKFMV ENALSQHPDCMPSVYVMNLVG QGLSDQAHYNYMMASVPRGR RYGKWAKLTENIQDALILQVIMT YYKVNAIDARMYRETLEAKNKL KPALKKMKGLVTDELVKTITKNV KEQKNLKKTALEW	188	Subunidad gp62 de cargador de pinza [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285400 7.1	2e-65 (118/188)	Subunidad cargador de pinza	Subunidad pequeña de cargador de pinza	PHA025 93	4,34e -63
155	79316	79687	936	MVKMIEITLKQPEDFLKVKETLT RMGIANNKDKVLYQSCHILQKQ GRYYIVHFKEMLKLDGRPVTIDL EDEIRRDSIAQLLADWGLLSINR GQTLAQMQNNFRVITFKQKHE WTLKSKYTIGA	123	Proteína represora de traducción [Fago RB69 de Enterobacteria]	YP_861747.1	4e-48 (96/124)	Proteína represora de traducción	regA, proteína represora de traducción	PHA025 43	1,68e -55

Fig. 12HH

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
156	79687	79887	937	MTDQEFYDKLKNIRITAPEWFS LPIDEQIQYQVKETLEKYPGRKV MMCFTYDKNRVPRIQKQVIEV	66	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
157	79980	82688	938	MKEFYISVESLGNDIVERYIDST GEERMRRVPYSPVMFSHCMEE TKYKDIYGKYCKKNTFPTMKDA RDWMRRMEDMGMEAMGMDD FKLAYISDTYGSEIVYNKKFIRIA NCDIEVTASQFPDPMKAEYEID AITHYDSVDDKFYVFDLLHSLY GSVSEWDKKLAARLDSEGGDE VPQHILDRVVYMPFNSEKEMML EYINLWEQKCPAIFTGWNIEGF DIPYIMNRVKQILGERAMKRFSP LNKVSSKIITNMYGDKEIYSIMG VTILDYMDLYKKFSFTNQPTYKL DFIAYYETKKGKLAYDGPINKLR ETNHQRYISYNIIDVESVQAIDA VRGFIDLAISMSYYAKMPYQGV MSPIKTWDAIIFNSLKEQDKVIP QSRSHVKQSYPGAYVKEPVPA AYRYIMSFDLTSLYPSIIRQVNIS PETIVGQFKLHPLGEYINKTAPR PSDEYSCSPNGWMYRKDVDG VIPVEIAKVFYQRKEWKNKMMG AKRNQELIKKVLNDKKFGTIDKF AEVNVYEDFSDDMKAELLTYTE ECLDKLMFECKHAEILGNTNQL NRKILINSLYGALGNIYFRYYDL RNASAITLFGQMAIQWIERKVN EYLNKVCGTEGHSFVVAGDTD SIYVCVDKVIEKVGLERFKETND LVEFLNQFGKKKMEPWIDQSY REMCEYMNNKEHLMFMDREAI SCPPLGSNGIGGFWKAKKRYA LNVYDMEGTRYAEPHLKIMGM ETQQSSTPTAVQNALEESIRRM LQEGEESLQQYYKQFESEYRE LDYKVIAEVKTANNIGKYDDGA GYPDKGTPYHVKGALAYNRAT AGFEGITPIMEGEKVMVIPLREG NPYGEKCMAWPSGTELPQEIR QEVLVWLDHSVLFQKSFVKPLT	902	ADN polimerasa gp43 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049662.1	0,0 (675/900)	ADN polimerasa	ADN polimerasa	PHA02528	0,0

Fig. 12II



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GMSEAAGLDYEEKSSLLDMFD F								
158	82758	83201	939	MKSLLAVIVALTLTGCQMPQGD IVPASSVGQVRAIGGTVGYYRA SNQVSAESLAVERRLAKEKANP NRQLSAMELDMIEQNKHELEEI KRLRKTQKERTCTAQAAAVNID QIRLTDFANGGLSYNEHKQRM EQLKSLQNHIYNKCMSN	147	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12JJ

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
159	83212	83418	940	MEAVFGLIILFFIYFLPTFVACSR KHKSRGGIFITNLVFGWSIIGWLI ALIWSASNAQQNTIIIQQVK	68	Inmunidad a la superinfección de proteína de membrana [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802986.1	9e-08 (31/61)	Inmunidad a la superinfección de proteína de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
160	83427	84161	941	MIVTPMTVQDIRQEFADALLNK EFVIDKTGVKTIEIVGASFIADEN LIFGAVNDGYIARELEWYKSQS LFVKDIPGETPAIWKAIASKHGEI NSNYGWAVWSTQNYSQFANC AKELINNPDSRRGIMIYTRPQM QYDFERDGMSDFMCTNNVQYL IRDNRVHAVVNMRSNDVVFGY RNDYAWQLYVLEQLTKLLNAS GKNYSVGDIIWNVGSLHVYSRH FYLVDNYAHTGETHIAKKDYKG EWK	244	dCMP hidroximetilasa gp42 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285399 9.1	2e-103 (177/246)	Timidilato sintasa y pirimida hidroximetilasa	Timidilato_sint.	pfam00 303	1,55e -21
161	84158	84994	942	MIQFVIPSYKRAGAVTALTMFPE GYVPHLVVRESEKEAYETWHG HAAKIVTVPDDVDGIAGTRRLIT EMYAGQRIWMLDDDTTIHLTEI RERDDRRVPLGVGEAMSQEVF DDMVKYVETAMDCGYYHGHA RLPIFKITSSWGHYRENSFGFT NTFYDLTKLTAEDIGYGIIDLNED AYAFLKLINMGHPHLALFKYLVK SGKVQSPGGCSTQRDTARQN RALEQLHAAFPNQARWKSKDG ERRGLFGDDEPLKSIRMCINTR VKSQAFHEFGKVEPYL	278	Beta-glucosil-HMC-alfa-glucosil transferasa [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83052.1	4e-106 (180/277)	Beta-glucosil-HMC-alfa-glucosil transferasa	No se han detectado dominios putativos conservados		
162	84991	85242	943	VRAKALQGPLMNIYDKSDVAGN IFKAEEFRCFVCKSDEFVHEGT TGSDGMHCWWHGMCVGCKIH YEIDMETVVYNTKKKWNFC	83	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12KK

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
163	85325	86500	944	MSDLKSRLIKASTSKMTAELTK SKFFNEKDVVRTKIPMLNIAISG ALDGGMQSGLTIFAGPSKHFKS NMSLTMVSAYLNKYPDAVCLFY DSEFGITPAYLKSMGVDPDRVI HTPVQSVEQLKIDMVNQLEAIE RGEKVIVFIDSIGNMASKKETED ALNEKSVADMTRAKSLKSLFRI VTPYFSIKNIPCVAVNHTIETIEM FSKTVMTGGTGPMYSADTVFII GKRQIKDGSELEGYQFVLNAEK SRTVKEKSKFFIDVKFDGGIDPY SGLLDMALDIGFVVKPKNGWYA REFLDVETGEMIREEKSWRAK DTSSTEFWGPLFKHEPFRDAIK ARYQLGAIDSNAAVDEAVAEMI NSKVSTKVDGVKLPESGSVSAA EVEDELENFMNED	391	Proteína recombinasa similar a RecA [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802982.1	0.0 (342/387)	Proteína recombinasa similar a RecA	recA	cd00983	4,14e -13
164	86490	86840	945	MKTEFDLESELEKFEQESPSEE GDFERQERVFKKSHEIIQEAMK TVIQEIVIKLNGQSHLVYVHKLNI SPSGEVTIEFSTPSEAHKDELY PHVEACVKQQIQSALKTKKKSL WKIF	116	Chaperona gp40 de ensamble del vértice de cabeza [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373418 7.1	1e-13 (47/108)	Chaperona de ensamble del vértice de cabeza	Chap. de cabeza de fago	pfam11 113	2,81e -12
165	86850	88289	946	VVETILANLIYNQAFFTKVWPYM DKEYFEQGPAQTVFNIIKKHVN EYTAIPSKTALCVALDNSSITET EHEGAKKLIDKLSDAPEDLNWL VKETEKYVQEKAMYNATSRIIEI QTNAQLEPNKRDKRLPDIGAIP DIMREALSVSFDSYIGHDWMED YEARWLSYQNKARKVPFKLSIL NKITKGGAETGTLNVLMAGVNV GKSLGLCSLAADYLQMGHNVL YISMEMAEEVCAKRIDANLLDV SLDDIDDGCVSYAEYKGKMEK WRSSSTLGRLIIKQYPTGGANA NTFRALLNELKLKKNFKPTVIIID YLGICASCRIRQYTENSYTLVKA IAEELRALAVESETVLWTAAQV GRSAWDASDMDMSDIAESAGL PATADFMLAVIETPELAQMKQQ LIKQIKSRYGDKNINNKFSMGVH	479	Helicasa 41 [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861732.2	0,0 (386/484)	ADN primasa-helicasa ATPasa	Helicasa	PHA025 42	0,0

Fig. 12LL

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KANQRWVEIEQQNDPTKPNPS NTVREGAGAQNRVAESNRQER VSRSKLDALAEELKF								
166	88300	88533	947	MIFVFSVIRDQSGRSFVVTASD SVHRGVIAYNKADLSSYDYGEV KAYNDEGIWVNSAIYLPTKNLTS DEVLEKLFKR	77	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
167	88594	88887	948	MKKIVLALIFAVSSCSAVPALAN YDKDLCEWSMTADEKDVAEQI RADVGHIIDNTDPSKMKEVQAEI SNDGAAIKLNYALYCDANFDNF TIASWILG	96	Precursor de proteína de destello [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83046.1	6e-21 (47/96)	Precursor de proteína de destello	No se han detectado dominios putativos conservados		
168	88884	89102	949	MITYVLVMAIMTGAGGVSTEKL SFTGMNESSLAQKCEDAGKQF TGIKADSGFGSPSVYTTYKCIRI DGGNNK	72	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
169	89115	89282	950	MKTFKEFVKLNEEMVAGDAGG NPQNIASGTTSGAVVNKGPETL PKKKRDKSKPET	55	Proteína gp61.1 hipotética [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595156.1	6e-13 (38/48)		Gp23	pfam07068	3,47e-05

Fig. 12MM

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
170	89322	90344	951	MSWVDNEFAIRAISHLPKFRHV TTSSTFKLNCRCPICGDSQKDI NKARFWIFDAGQGLRCHCFNC EYNKWLSQYLKDNEPDLYREY LLEKRKEQVFDKPKTVEPSEKI NAKLPVIEKLNFCERLDRLPKEH PIVKYVTARCIPSTSWKRLWFT NQWPSLVNSVNPGTYKNETNE PRLVIPIFNKKGEIESFQGRALR KNAPQKYITIKAHEHATKIYGLD TIDESKLVFVMEGPIDSLFIDNAI AITGGSLDLAQVPCHDNRAWIM DHEPRHPDTIKRMKRLVDAGEK VVFWDKSPWKSKDINDMIMKE GATASEITDYINQNISQGLMAKL RLDKYAKI	340	Subunidad gp61 de ADN primasa [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595155.1	2e-143 (243/344)	Subunidad de ADN primasa	DNA primase	PHA02540	9.49e-155
171	90554	90363	952	MSEVKRECKDKGGFGRYLYVG IATAALAAWNYVVVPLASTHGL VLPPMPLEKVVSFIMTGGLL	63	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
172	90621	91142	953	MPHFNECSQLIAGADKAEARYA GIVRKVGGDPLQVMLDMQKSL QVRLANDKPGTNMHPDELAQA GDIVQWLRNQKDYIDDEFRELL TSLGGMSNGEKAASAVWKPW KSDHVKMQETYIKDLSDKDQLE IKFEMIDILHFVLNMFMALGLDS EEIFKLYYLKNAENFARQDSGY	173	dcTPasa gp56 [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_001595154.1	1e-73 (136/173)	dCTPasa pirofosfatasa	dCTP pirofosfatasa	PHA02602	1.24e-79
173	91142	91279	954	MAKRISKRRLKIIRKQKERALVL ALREEITREIDKEILKALTAAI	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
174	91310	91546	955	MAYVNIKTFDHTTADGEVKGTE VSVAFKVYSDSHRIANAQYQIF PSEKAAYSTVVDDAATWATTN AKMFEAVPSDAEV	78	Proteína Soc de cápside externa pequeña [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861717.1	2e-19 (48/73)	Proteína de cápside externa pequeña	No se han detectado dominios putativos conservados		
175	91625	91816	956	MICYTKPWYQSSLKKSHFDCW YRGVRAAALLLKAAPALIKAND KWFEDNNMTEGALCGKRKNL	63	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
176	91794	92318	957	VANAKIYNAKIYKVSLQRAVQS RSDANGVLRLDQDRIFTVALYS TFDKDFKDLVNKFEAFGWCPS EDYGIIKTAHVFDVDTVPGSPVA ILRALHLKGYTNVCHETSLYEYE NDIISRGKKIIIDSTDSLIEFTKLV WLYMGADFIKLTPSPLLQKAAD	174	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12NN

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función prédicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GYNSSSCLYRNNEWFM								
177	92318	92506	958	MDLFEMMEEPQEEVQVHPVIS KDIKDEYRIIIQKYGIKAPEALLD ELASIWSDPPPWSPWAK	62	Proteína ModA.2 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049637.1	7e-12 (36/62)		No se han detectado dominios putativos conservados		
178	92578	93267	959	MAISLNPSISVKLSKVIPIEKPIRS IDVLNFARESKGLPLYDLSVWE ALANRFDCKEQSILWQCMNNKI GEEFHKKLDSIVRRHQIDNSDIL YRGLSCRESKAFYDALIKGEKF GFGKVASFTTDETIAREFAGKW HYSTFVVIEVNNCHQSFDYHTN MKSLLITAPDSEFMRPNDVIDNI AQRRSADIEMIDKEQERMLPM GTKFKVVGHNKVEKSGLLMDY FSVTIA	229	ADP ribosilasa ModB [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861709.1	5e-19 (59/178)	ADP ribosilasa	No se han detectado dominios putativos conservados		
179	93345	94103	960	MMKFTAETAKIYTRLITTLGSAQ RRNKEFNLTPEYLFNIMQQTHC AYSGEKFGTVKGNHPDSMTLE RWNNDLGYVMGNVIPVKQKYN TLRGNNTIEGLERKANEIAARIV RSSDSVKPTSDKEASRLEKIRE YEKTITSIKTNLHNRENHLSQFV QKEKNGTATSADLELINALRTRI SGGKSELAKVERKLSAILASVP NRPSDAEIRVQSIRLIVSSLRRL EECSMLDKLKLKKGLPLTASFF QLLRGKM	252	Factor Srd anti-sigma putativo [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861707.1	3e-34 (96/246)	Factor Srd anti-sigma	ARNt-seril sintetasa	PRK05431	1,55e-04
180	94103	94417	961	MQHYGYVVAYKDKDGFDHPVT TDMYDGERCVVFTNEESANKA RIRTMSVLTDKLAKGNFTGKSK TKGMLWWKTTELVYEPLSDVE REKLKAKIKNLHVVRVKVA	104	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12OO

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
181	94414	95745	962	MITFDQLKESQKAIFNKVIEMVK QGAKGQHITINGPAGTGKTTLT KFIIDALISQGISGIALAAPTHGA KKVLSKLSGMQASTIHSLLKINP TTYEENVLFEQKKVPDMASIRV LICDEASMYDRKLFKILMATIPA WCIVIAIGDKAQIRPVEPGSNEP ALSPFFTHKDFLQLHLTEVMRS NAPIIEVATEIRNGGWIRDCVVD GHGVRGFTKGTALKDFMLNYF NLVKTPEDLFENRMLAFTNKSV DKLNEIIRRRIYETERPFVVGEIV VMQEPLTKELKFEGKKFSEILFN NGQFVRILDAIETTSFLGARGVP GEYLVRHWVLDIETYGDDEEYA REKICVISSEEEMNKFQFFLAKT ADTYKNWNKGGKAPWSEFWD AKRKFHKVKALPASTFHKAQGI SIDRSFIYTPCIHMADASLAQQL LYVGTTRGRYDVFYV	443	ADN helicasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_002854352.1	0,0 (323/442)	ADN helicasa	DUF889, helicasa PIF1	pfam05970	5,03e-08
										recD	TIGR01447	4,61e-15
182	95752	96006	963	MFELKLEDLQTMIVGLQESKFE APDNVKRAINIKIDIVLNELRDIA DNANAITWFTGYDPKVYLSEYI GCQLREIKFMLEAQNG	84	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
183	95999	96688	964	MAKDFIIDFETFGNVSSSSVIDL ALITFDSDPEVLESFDELVKRGH RIKFDLKSQKGHRLFGKSTLEW WKKQSAEARANLASTPDDLSVI AGIKEAQQYLIDNGIHPWDSFG WCRGQSFDFPIFVDCLRDVQR AQGISEEEIDTFKEEPCKFWNQ RDIRTAIESLLLTRGLTTTPLPKG TLNGFIAHDSIHDCAKDILMLKY AQRYALGLSEAPSPEDTDPLSL PKGRG	229	Exonucleasa A [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802954.1	8e-89 (154/225)	Exonucleasa A	dexA, exonucleasa	PHA02570	4,05e-86
184	96688	96855	965	MEEFEFDENFEEWFNREILPKI SPTMVLVAKALMAKGWDAGYM FGVDVGCEISHR	55	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12PP

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
185	96916	97359	966	MMKNLVVGENVKVIGGKHIGKE GVIVGIFNRSNKMSSYLLQLEN EDKAVYSLQKFVVALESRDLLD SMFNESYLRKWVHVNSLDNVIT QSVSSTNSATNLSLHKNVLVTD EWEEDGKTLVNVVFQGNYAVL PKADVEPTESQRQGLV	147	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
186	97424	97639	967	MKTENTVKITAEAFEDILFNPDLI VVQKEKTFGKEEHWTWLYVFA NHGDIVPVRTFARVITVDGPEY MEIV	71	Modificador cef de ARNt supresores [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292235 6.1	3e-07 (32/64)	Modificador cef de ARNt supresores	No se han detectado dominios putativos conservados		
187	97639	98004	968	MNFKEGVQYKFVNDEAEEEFS SRYEVNEDFVYELYENGGSFTV TKVDRQNNRVSGIMWANGTEC DEVGGEDLVIFDSEFKYFTEVG TSANVIPTDLVMNLSIHNRGQAI AAIAALQSAYQC	121	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
188	97998	98333	969	MLNLAPIFEASKLSYPIPNRSIG NVMLQLSSETGEMCDWINRPW RQKEEFEGECADVINCVVDAL WLHFRNRHKNDTHVSDDEISM MVTRALNEQIMVKTQKWKDAV NANV	111	Proteína hipotética 44RRORF011c [Fago 44RR2.8t de Aeromonas]	NP_932366.1	3e-10 (37/102)		No se han detectado dominios putativos conservados		
189	98320	98496	970	MPMYDYKCEVCGKKIEIMRKIS HRDYTVNCFNPKCEGQMKRVV SAPAVHYDGLKSGDY	58	No se encontró una similitud significativa.				CxxC_CxxC_SSSS	TIGR02605	5,16e-07
190	98582	98830	971	MKKILITALAFMMIGCTDADNAT RVLENAGFTEVDITGYKFFSCS EDDFQHTGFKAVGPTGKTVKG TVCSGIFLKNSTIRFE	82	Proteína hipotética T4Tp006 [Fago T4T de Enterobacteria]	ADJ39724.1	8e-26 (52/81)		No se han detectado dominios putativos conservados		
191	98913	99110	972	MKYIILTLIALVISIGVLVSLADST ESSNEVQKSSIGIGVNGQVGVK ISDNLCVNPSTGAAEVCF	65	No se encontró una similitud significativa.						

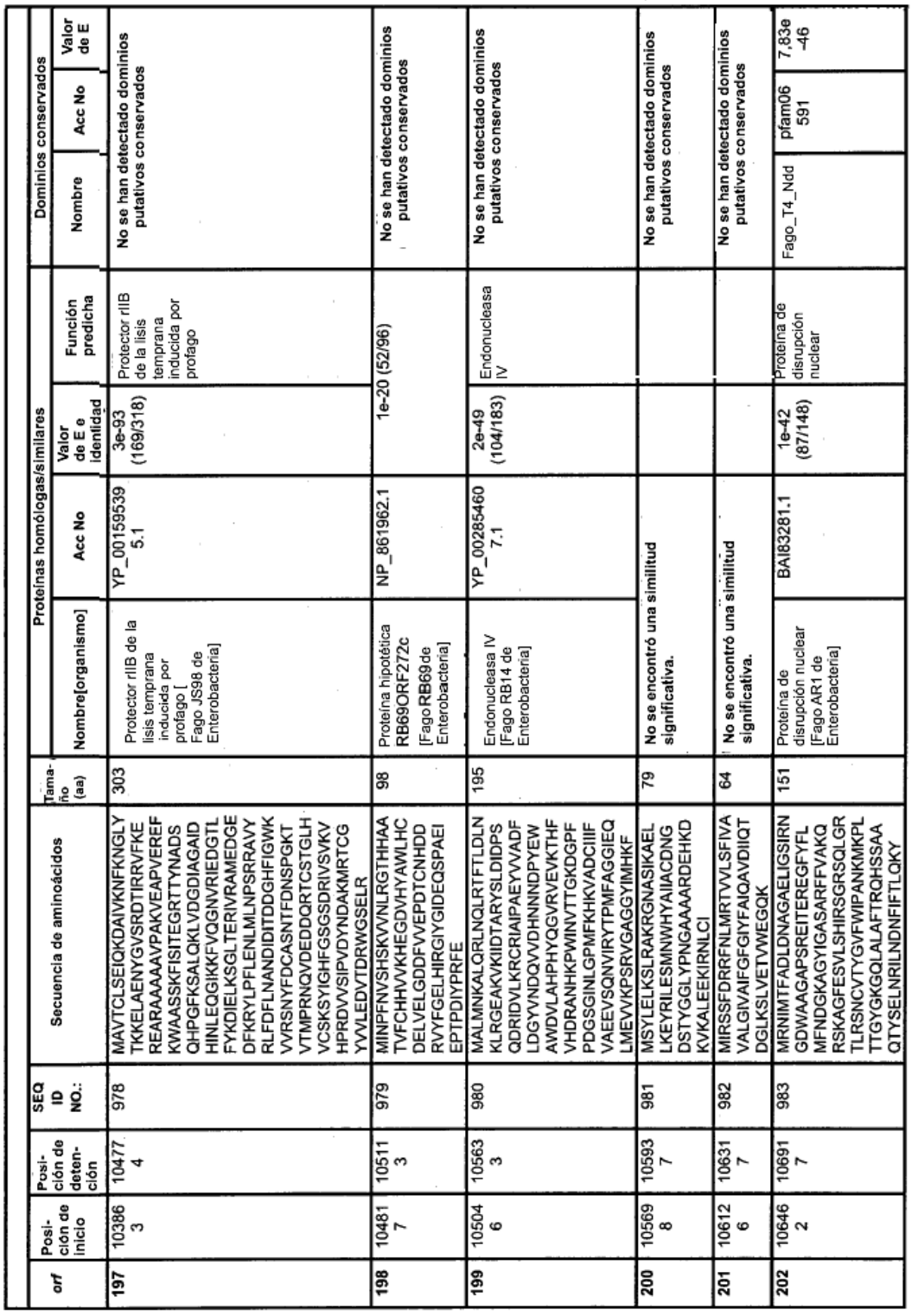
Fig. 12QQ

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
192	99151	100989	973	MIKNEIKILSDREHIIKRSGMYIG SSACEAHDRFLFGKFQSVKYVP GIIKLIDEIIDNSVDEAIRTNFKHA NKISVDIKGNKIIVTDNGRGLPQ APVVTPEGETIPGPVAAWTRPR AGGNFGDDAERKTGGMNGVG SALTNIFSVSFTGATCDGKNEII VRCSNGSENISWEEHPAKDKE FIKDKTGTVVSFIPDFSHFESTG LTDVDQSIIHDRLMTLAVVYPDI EFKFMGKRVQGKFKAYAQMYD ENAVVQDSDTCAIAIGRSDDGF RQLSYVNNIHTKNGGTHVDLVL DELSNELIPALKRKYKLEVNKAR IKECLTVIMFIRDMSNMRFDSQT KERLTSPWGEIRSHIDIDYKKLA NAIMKSEDIHMPIIEAMLARKLA AEKAAETKAAKKAQKAKVAKHI KANKYGKDADTTLFLTEGDSAI GYLLTTRDRELHGGYPLRGKF MNTWGMSAADAMKNKEVFDIC AITGLTIGEPAENTNYRNIAIMTD ADVDGVGSIFPSLLAFFSNWPE LFEQGRIRFVKTPVIILTKGKEQ RWFYSLGEYEDHKDDFKGWKL RYIKGLGSLEEDEYERVIQDPV YDVVSLPENWKELFELIMGNDA APRKTWMSE	612	Subunidad gp60plus39 de ADN topoisomerasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285395 8.1	0,0 (441/612)	Subunidad de ADN topoisomerasa	Subunidad grande de ADN topoisomerasa II	PHA025 69	0,0
193	101030	101182	974	MQRYWITLVSGDYGYMFAEKK PLPGTWVTIWVENSDGSKHEV YGRVSRVH	50	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
194	101223	101471	975	MKSTIISILRTEALKYSVDPSNEY QELLIKRLLNSIADRLESNQSVPI NHSLFAMKVIRFLRPDIKIADMV KVIKSSGAVKC	82	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
195	101465	101674	976	MLKKSYVPNKELFDDAIYREYRI IQRFFDIQAAEEFKDRFKQISDKI FTTNTATAEELLEVAEIIKRHN	69	Proteína hipotética conservada [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83010.1	7e-16 (45/65)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12RR

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
196	101685	103862	977	MKIKCDDEVIIGSSDAEDSTFTIK ASGKAFDILSNKLYKYKVRAVV RELSTNCDDAHKLNGNENRPF YIKAPTRLDPRFVIRDYGPGLNH NDMMTMYKTFFESTKNNSNDFI GALGLGSKSPLSYTSTFNVVSY HNGKATGYTVMKNRGEPTIRP MFVDDMKEDEETGLEITVPVKV EDIDTWHYEIAYILRTFGAVPPK VDSLRREIEYFPVDKTDWFSVN SSYESYGLYAVYGKIVYPISGV DVKADWLLNRYGKVYVHFPLG ELDITPSREELSLDEETIANIQKR VNALEEEVITADIKAFEAYESDR EFLREFNKLSSKERSILQSRGITI GNRDIKQVVAKYNLDKIRSYYV DNEVSVYVSCDEPARRKVSSS SWHRHNQVNISDICGVDRTKAF VLIDDKAGKRIATVRALCKSGLV PIWAHITVIKDNEDELHVIDELKK IMDTDEVVVFRVSELEAQRKAL PDYDTGPKEKRPKSPNVSLHWI DKDGYWEEDRQTLLSSEITELE GYAIGRNRDEIHTFPDNVWWW NMSITDMRSLAEACGIKKFYAIR PSAMKAAAKADGLLSFDRFIIDQ YIKCIDKVDYDQYMPSNATGNR ICGNIAHYDKLNFLSSKFTASGM KNPFLTKLNKIAKVCRTSKIKDE NDENNDLALCNKIYNKLSSDAE TIFYKKIEQFKDDYPVIASVLDT WRTDSKLVDDIVKIMELLDGAS TQNSENKGE	725	Protector rllA de la lisis temprana inducida por profago [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373415 1.1	5e-99 (250/754)	Protector rllA de la lisis temprana inducida por profago	Proteína de familia HSP90	PRK14083	1,11e-03

Fig. 12SS

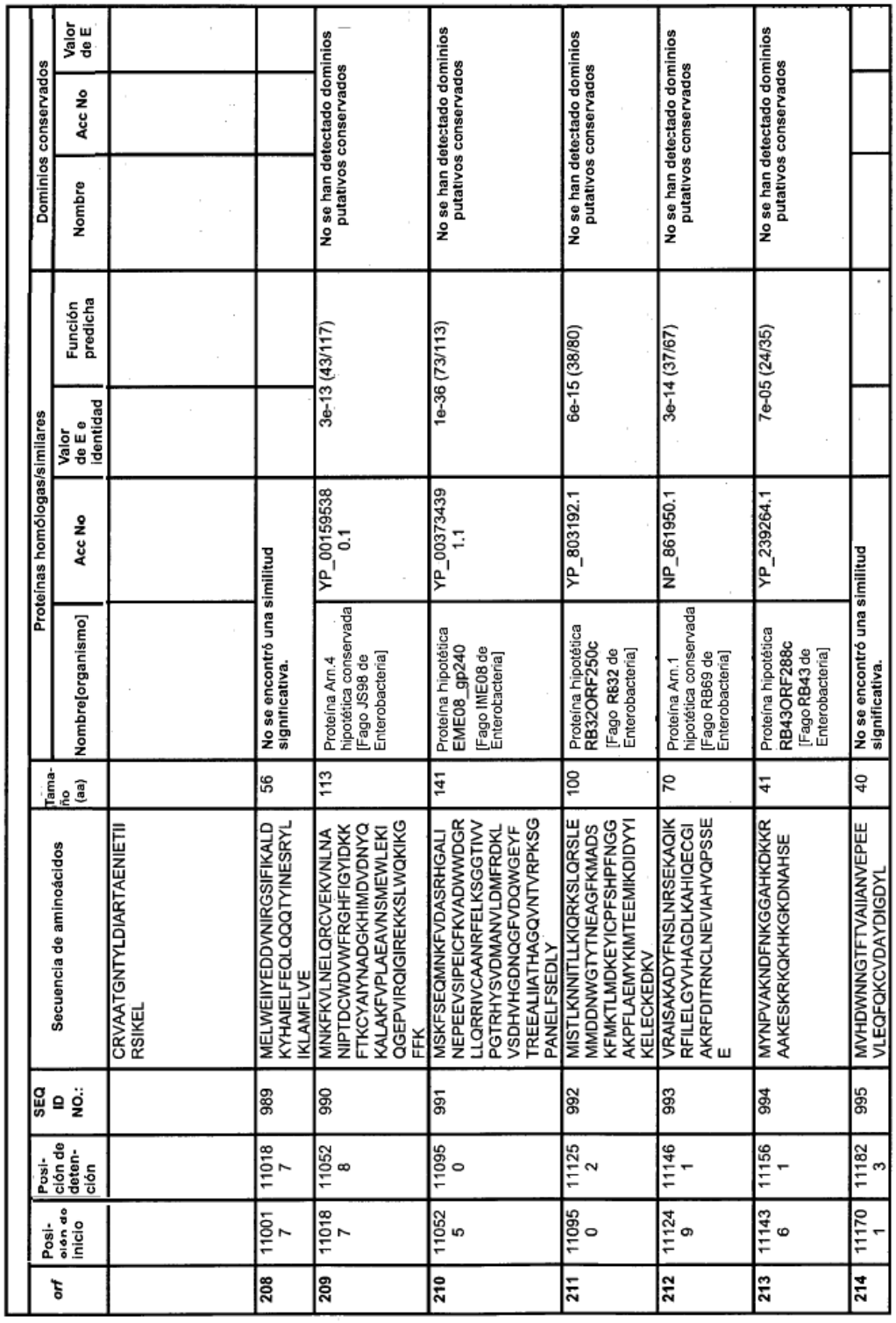


orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
197	103863	104774	978	MAVTCLSEIQKDAIVKNFKNGLY TKKELAENYGVSRDTIRRVFKE REARAAAAVPAKVEAPVEREF KWAASSKFISITEGRTTYNADS QHPGFKSALQKLVDGDIAGAID HINLEQGIKKFVQGNVRIEDGTL FYKDIELKSGLTERIVRAMEDGE DFKRYLPFLENLMLNPSRRAVY RLFDFLNANDIDITDDGHFIGWK VVRSNYFDCASNTFDNSPGKT VTMPRNQVDEDDQRTCSTGLH VCSKSYIGHFGSGSDRIVSVKV HPRDVVSIPVDYNDAKMRTCG YVVLEDVTDRWGSELR	303	Protector rIIB de la lisis temprana inducida por profago [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159539 5.1	3e-93 (169/318)	Protector rIIB de la lisis temprana inducida por profago	No se han detectado dominios putativos conservados		
198	104817	105113	979	MINPFNVSHSKVVNLRGTHHAA TVFCHHVVKHEGDVHYAWLHC DELVELGDDFVVEPDTCNHDD RVYFGELHIRGIYGIDEQSPAEI EPTPDIYPRFE	98	Proteína hipotética RB69ORF272c [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861962.1	1e-20 (52/96)		No se han detectado dominios putativos conservados		
199	105046	105633	980	MALMNKALQRLNQLRTFTLDLN KLRGEAKVKIIDTARYSLDIDPS QDRIDVLKRCRIAIPAEYVVADF LDGYVNDQVVDHNNNDPYEW AWDVLAHPHYQGVRVEVKTHF VHDRANHKPWINVTTGKDGPF PDGSGINLGPMFKHKVADCIIIF VAEEVSQNVIRYTPMFAGGIEQ LMEVVKPSRVGAGGYIMHKF	195	Endonucleasa IV [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285460 7.1	2e-49 (104/183)	Endonucleasa IV	No se han detectado dominios putativos conservados		
200	105698	105937	981	MSYLELKSLRAKRGNASIKAEL LKEYRILESMNWHYAIIACDNG DSTYGGLYPNGAAAARDEHKD KVKALEEKIRNLCI	79	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
201	106126	106317	982	MIRSSFDRRFNLMRTVVLSFIVA VALGIVAIFGFGIYFAIQAVDIIQT DGLKSLVETVWEGQK	64	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
202	106462	106917	983	MRNIMTFADLDNAGAELIGSIRN GDWAAGAPSREITEREGFYFL MFNDGKAGYIGASARFFVAKQ RSKAGFESVLSHIRSGRSQLGR TLRSNCVTYGVFWIPANKMKPL TTGYGKGQLALAFTRQHSSAA QTYSELNRILNDNFIFTLQKY	151	Proteína de disrupción nuclear [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83281.1	1e-42 (87/148)	Proteína de disrupción nuclear	Fago_T4_Ndd	pfam06591	7,83e-46

Fig. 12TT

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
203	107087	107230	984	MIKGIAGGIWAALCVSTLTTGET SVISQALAQGTLSIILIIAAFSND	47	Proteína hipotética EpJS98_gp256 [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159538 5.1	5e-05 (24/47)		No se han detectado dominios putativos conservados		
204	107223	107363	985	MIKKILIGAALVAALLLILYYGMIY GMIYIVLFISDVIVQIGSLIW	46	Proteína hipotética RB32ORF257c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803199.1	5e-04 (29/47)		No se han detectado dominios putativos conservados		
205	107369	108757	986	MDIFDTLLKQAGSIDDLAKASNL RHRDLKSIIDNEAKEYAIYTVEN RAIPNLIDGFKPVQRFVIARALD LARGNKEKFHKLASVAGGVADL GYHHGETSAQDAGALMANTW NNNYPLLDGQGNFGSRLVQSA AASRYIFCRISDNFRKIYKDTEIA PVHKDKEHVPPAYYLPVIPTVLL NGVRGIATGYSTSILPHSFESVLL ECTKAALRGEMMEPEVQFPKF NGKIVQTEDGSVELHGVYKETS RNSIYISEIPYKFERASYVEKVL DPLEDAGYITYDDDCSKTGFGF KVKFRKDYALSEDPEQRHAKIM KDFKLIEKMSQYIVVIDENGKLN DKFKTSGELIRHFVEVRKTFTAK RIEHKIAETKQAFNLAQAKAQFI KEVIAGNVIQGKTRKQLTKEIE QNELFKDHSEKLVSMNIYHITD DEAKKLAQEAKRLAQEVKYWE KTTPEAEYLKDLEEL	462	Subunidad gp52 mediana de topoisomerasa II [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373439 6.1	2e-175 (304/462)	Subunidad mediana de topoisomerasa II	Subunidad mediana de ADN topoisomerasa II	PHA025 92	0,0
206	108985	109248	987	MITSLKSDIKNILYISTQADGTRL SHYVKGNIVVLDEFEVNREYPM RQVIQASNYEDGEEYQVVLCVY DDFWVLKLENGDKFLIFNV	87	No se encontró una similitud significativa.						
207	109373	110017	988	MSKVTYIIKASEDALNEKTAAILV QVAKKDFITSSELREILEETMNA SSVNSNIGVLIKKGLIEKSGDGLI ITGEAQDIISKAAVIYAEENKPEL LKKRNTRKARPLTEDMNEHKDL MMKLLGEMEDILPLKELTVYRS NYIAVLEKRTFGIRSLEVNNKGT FRIFGYKISEEHQKHFTDLGMS	214	Promotor medio activador [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803196.1	3e-76 (145/214)	Promotor medio activador	MotA_activ	pfam09114	3,76e-32

Fig. 12UU



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				CRVAATGNTYLDIARTAENIETII RSIKEL								
208	110017	110187	989	MELWEIIYEDDVNIRGSIFIKALD KYHAIELFEQLQQQTYINESRYL IKLAMFLVE	56	No se encontró una similitud significativa.						
209	110187	110528	990	MNKFKVLNELQRCVEKVNLNA NIPTDCWDVWFRGHFIGYIDKK FTKCYAIYNADGKHIMDVDNYQ KALAKFVPLAEAVNSMEWLEKI QGEPVIRQIGIREKKSLWQKIKG FFK	113	Proteína Arn.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159538 0.1	3e-13 (43/117)		No se han detectado dominios putativos conservados		
210	110525	110950	991	MSKFSEQMNKFVDASRHGALI NEPEEVSIPEICFKVADWWDGR LLQRRIVCAANRFELKSGGTIVV PGTRHYSVDMANVLDMFRDKL VSDHVHGDNQGFVDQWGEYF TREEALIIATHAGQVNTVRPKSG PANELFSEDLY	141	Proteína hipotética EME08_gp240 [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373439 1.1	1e-36 (73/113)		No se han detectado dominios putativos conservados		
211	110950	111252	992	MISTLKNNITLLKIQRKSLQRSLE MMDDNWGTYTNEAGFKMADS KFMKTLMDKEYICPFSHPFNGG AKPFLAEMYKIMTEEMIKDIDYYI KELECKEDKV	100	Proteína hipotética RB32ORF250c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_803192.1	6e-15 (38/80)		No se han detectado dominios putativos conservados		
212	111249	111461	993	VRAISAKADYFNSLNRSEKAQIK RFILELGYVHAGDLKAHIQECGI AKRFDITRNCLNEVIAHVQPSSE E	70	Proteína Arn.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861950.1	3e-14 (37/67)		No se han detectado dominios putativos conservados		
213	111436	111561	994	MYNPVAKNDFNKGGAHKDKKR AAKESKRKQKHKGKDNAHSE	41	Proteína hipotética RB43ORF288c [Fago RB43 de Enterobacteria]	YP_239264.1	7e-05 (24/35)		No se han detectado dominios putativos conservados		
214	111701	111823	995	MVHDWNNGTFTVAIIANVEPEE VLEQFQKCVDAYDIGDYL	40	No se encontró una similitud significativa.						

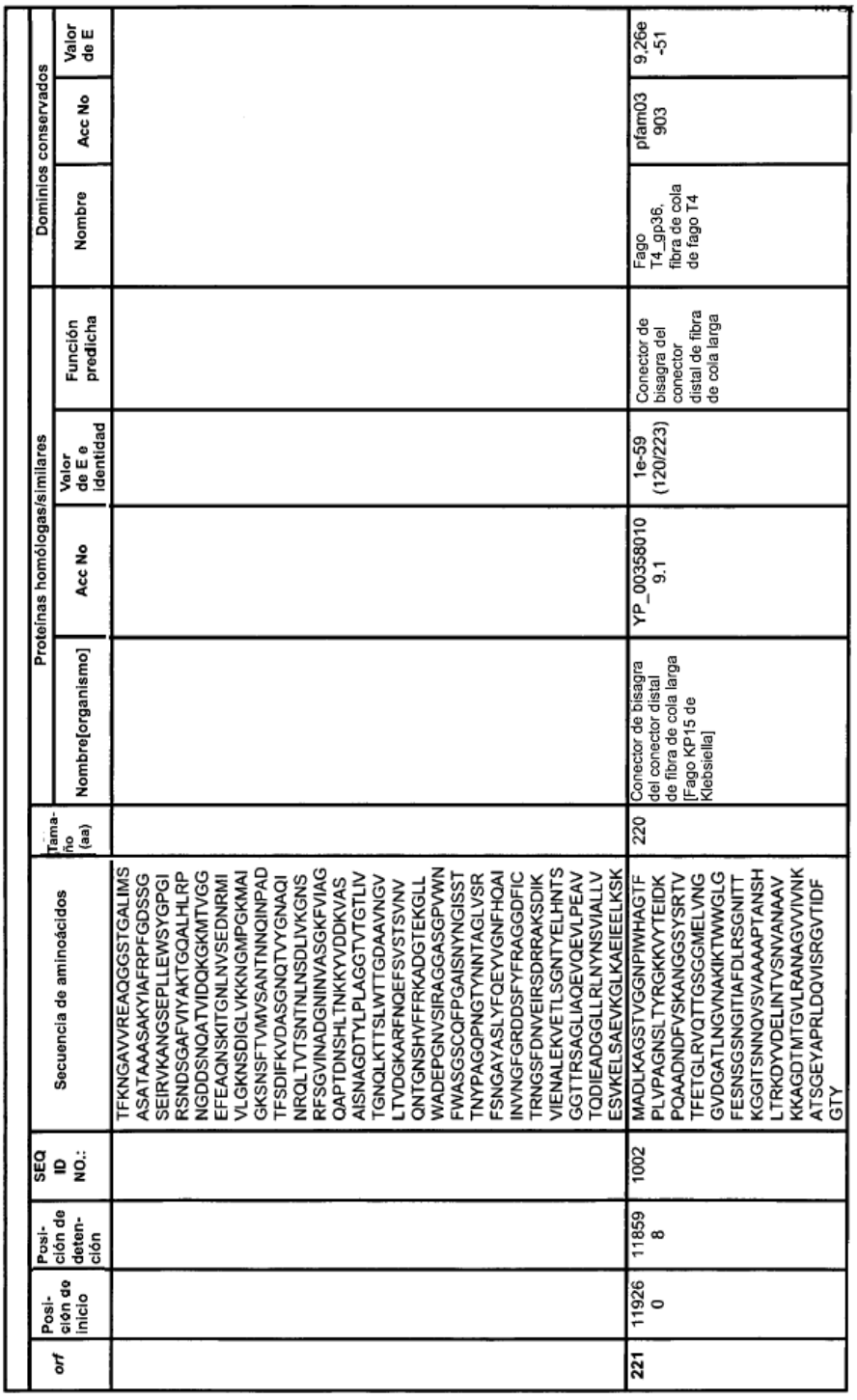
Fig. 12VV

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
215	111820	112146	996	MNTETLRREDEAKAYHKRVELL SAIKVEYTLQVRLKVLNSWAND LEVKHLEQAVMFTFTQEASKPF SLSADFHTYGIITIKAKDRGDIIS GVEYIESILGNRGEVVLA	108	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
216	112143	112409	997	MSHNLESVIESQRYLEALMNKI ALGSLIDLSFQEAMDVCHWMN RRVRPIGKEWYLTAKVKDGRY GLWMSSGAEYITTKEDLNSRW ELA	88	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
217	112477	112749	998	MTKFEIVQEIVTVASILTKFNAEH IMEKRDEFIAFLNEIGIKNEQGR QLNQSNFRKMVSELTDEEKRIL VEEYNEGFESIYRTMAMHSNK	90	Proteína AsiA anti-sigma 70 [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861947.1	2e-22 (53/85)	AsiA anti-sigma 70	AsiA, inhibidor de transcripción del factor A sigma	pfam09010	1,02e-19
218	113406	112750	999	MASKQSIPFFDMFLGLLELLFKD GATGRVLFSRVFVVILALLAFA GYKSDSLITAYVDSTYDKYDKL VQKDRDTRFDNTALEQLQIVHI SSGADFSAVFTFRPKNLNYFVD LIAYEGTLPSTVDSKNLGGYPID KTSAEYSTHLSGRYFWTDKEFV FLPTKRKPPEISYMFSCPYFNL DNVYAGTVEMYWYNSKPALSN ERLTSICGQAVRALGRAK	218	Mediador de lisis de holina t [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861946.1	4e-75 (132/217)	holina	Holina T de fago	pfam11031	8,03e-75
219	113974	113435	1000	MAVTGPWVGSSAKAETGEPW MAQAGAKLRLGTPFWMSNMIG RSVFNFSLTVQYRNWNNIYYR GSWQVGGWNWSPKPTTKNTV QGNFEGKEVTLFVSVSGQGGV NYWNGDPQGTTLGIRNGDAINL RVMMSDGTTFDFTPGKMDGDV RNYQIASNDEANKLKNWFSDR TDQYWQGLITRR	179	Catalizador gp38 de montaje de fibra de cola larga distal [Fago RB16 de Enterobacteria]	YP_00385856 0.1	8e-23 (73/183)	Catalizador de montaje de fibra de cola larga distal	GP38	pfam05268	8,30e-12

Fig. 12WW

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
220	118588	114011	1001	MADQNLKQIQFKRTSTENKAPG ADIVARGEIVLNTHGRTLAIYTK DEADNVVQLAGKGVPFLDTAG NLNVDGITTLKDNVTISPNKAIN FEATDLSGAIVRHIVGKCATND GWYIGAGGTSNSGILEIGTIDDG AETIQFVQRGSGNVEARKLVLL DGSGNTTLPGDLRLSTNKTVKI NNGSTLVLEMGVGSNDAYIKN QRGVGVLQLTNDSNLTFRNSQ VYYAMNGRGPGKSGTLLTNVE NNRQAWQYVISAATAGTPRWV KVATIKHPGDASSQLDLMITGGI DSGHGRHYVDFITLSGRNLTS WSTSNLDNWVEWRRIGSPNKG NVPEYYVVKNDAATDSEASFDF YAKVPRYGNGLYVTVLNTAEYN GQDSGKVIIYETGQDTGATTPS GSILVSMKQVFDSISKPDFSDTT GTLPVNRGGTGATNVGDARNN LGLRTAAVRDVGESSGNVMEV GAFGIGGNGKSLYDITSDVDLM TRLKALGGTTFRANVASGYTGA PYYSHGAGFFSRTGDTMSALNI DYATGNVRVFAINDSGLASGRV NSNVLYGTANKPSKADVGLGN LTNDTQVKKAGDTMTGDLTVP NLHASGTGTASVYVNAGSGNA HVWFRTGGNERGVIWATPNTA DLGQINIRAKTTGDVSAGDFSF RSDGRLDVPVAVKVGGAAMLT KDGNITSGSMFGGNLNNYLTSI KNDITTGDSKQVSKTGDTMTG NLTINANLKVENPNGSMVDLGS ENSDKYSRLTLARKVGSGAAVA MLKITPEGYVQFGYQDAVATPA PSKYIRVKPDGLDVEGDLVFNQ TYRGTEDAINITDKTNDLNNMVI KGSDLGTRQLYKCVSSGGGSN ISNKPTSDGNFVLEVLSLRKISD SDWTCKQTFTTKNGNVEGTYV RYCQNGTWSAWKEVVAGVQPI NLGGTGATSVAAARNNLGVGE GQSVKFGWLVVNGVGTSDPTI	152 5	Proteína de la cola en forma de L [Fago K15 de Klebsiella]	YP_00358011 0.1	6e-137 (386/1138)	Proteína de la cola en forma de L	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12XX



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TFKNGAVVREAQGGSTGALIMS ASATAAASAKYIAFRPFGDSSG SEIRVKANGSEPLLEWSYGPGI RSNDSGAFVIYAKTGQALHLRP NGDDSNQATVIDQKGKMTVGG EFEAQNSKITGNLNVSEDNRMI VLGKNSDIGLVKKNGMPGKMAI GKSNSFTVMVSANTNNQINPAD TFSDIFKVDASGNQTVYGNAQI NRQLTVTSNTNLNSDLIVKGNS RFSGVINADGNINVASGKFVIAG QAPTDNSHLTNKKYVDDKVAS AISNAGDTYLPLAGGTVTGTLIV TGNQLKTTSLWTTGDAAVNGV LTVDGKARFNQEFSVSTSVNV QNTGNSHVFFRKADGTEKGLL WADEPGNVSIRAGGASGPVWN FWASGSCQFPGAISNYNGISST TNYPAGQPNGTYNNTAGLVSR FSNGAYASLYFQEYVGNFHQAI INVNGFGRDDSFYFRAGGDFIC TRNGSFDNVEIRSDRRAKSDIK VIENALEKVETLSGNTYELHNTS GGTTRSAGLIAQEVQEVLPEAV TQDIEADGGLLRLNYNSVIALLV ESVKELSAEVKGLKAEIEELKSK	220	Conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_003580109.1	1e-59 (120/223)	Conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga	Fago T4_gp36, fibra de cola de fago T4	pfam03903	9,26e-51
221	119260	118598	1002	MADLKAGSTVGGNPIWHAGTF PLVPAGNSLTYRGKKVYTEIDK PQAADNDFVSKANGGSYSRTV TFETGLRVQTTGSGGMELVNG GVDGATLNGVNAKIKTWWGLG FESNSGSNGITIAFDLRSGNITT KGGITSNNQVSVAAAAPTANSH LTRKDYVDELINTVSNVANAAV KKAGDTMTGVLRANAGVVIVNK ATSGEYAPRLDQVISRGVTIDF GTY									

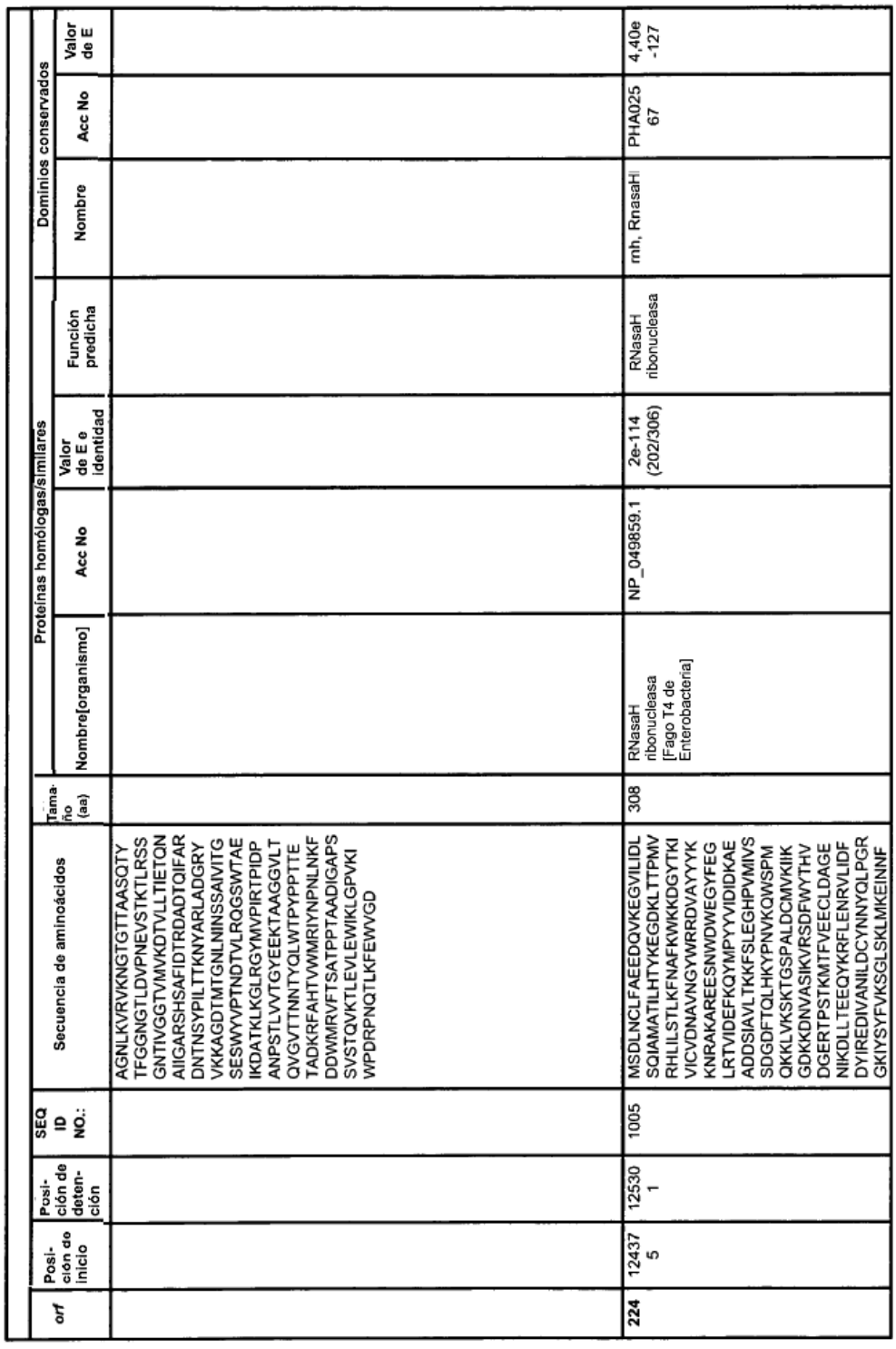
Fig. 12YY

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
222	120454	119318	1003	MADPILMAAFGEDFVETRILSEA NSVKYWLKAYATHSNAVPNKP ELNINGAFDMTSSLRRGINVVQ VNGDRFINFKTFDVTTDDNNAN NKAFVEYANGLTSGLYIIMTHER FQSSPLIDRWFKNKWSASWPG SDFSKSFPNSAYVGVLGAAKG RILIESFYGNDGKVKEDSRAKV DTVYDNVGDVGYTGCPYRSIE DTNEYSDSTGYEYKRYPVQNE SISKIADYGLSPGDSVFLVCDM YASKSLLDAGSTTRASLRWFKG TSLLSSNVSLEVPKNGADRWLR FERFTAVPTDADGFTIVVSRYP KTSVVGDSKIKNLVFVQTSHGE QLNSVIQEFGVNGIRMNKGVEG GTTMIMELPNSKVDPSGVIPVQ SFRETSD	378	Conector gp35 de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_003580108.1	9e-110 (203/371)	Conector de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12ZZ

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
223	124299	120454	1004	MSDLLKQHFRATNGLDAGGNK VINVALADRNVKTDGVSVEYVI QENTIQKYDPTRGYLTDFAVTY GRRIWIANKDIPKPAGEFNQAN WTSLRVDPNWIYTVRKGEFEIQ SGQFINVDSNAAGNATLLLPLA PDEGDTIVVRDIGGRPGYNGILI KAQDTGASIVFGESRLREVRLT RPYSQIIMLTFSNGAWRASLTDF GDTAKMVVPNGIVPTQVQSGD NVVRRYTSNSEIFITLPLFANSN DIINFTDLDGTSPINHMTVRTFD PTISIGTPGQTEIQVRTSGSGFL VYDAIDKIWRIFENDLRTRVRIIT SDVTLMPNEHISVFGADNSTVK TINITLPTDVAVGDTVKIAMNYM RKGQTVVIKASDGDTIASNLNLL QFPKRSEYPPDAAWVQSSSITF NGTTSYVPVLELAYIEDKASGK SYWIVTESDPTVERVDAKDNTT RARLGVIALATQAQANAESNPE KELAITPETLNGRRSTETQTGIA RIATSGEVNQATTASYLDNVIVT PKKLNERSATETRRGLAEIASN AKMDAGTDDFTIVTPKKLLYRT TSDSRLGVIQLVKTGGAPNTTA DRSSAGTGIFDHSDYKNAVTPK TLREYKATVNQSGIVWLASDSE VRNGTPASSNIPTVVTPESLHK KVATDGAIGLIQIATQTEVNAGG VTNKAVTPKTLNDRTATNDRTG IARFATPGAQGEFEAGTSSTVM VNPKLLFDKFANTSRIQVNTSS GLTITGNLWDHYTINIQEASTSQ RGTTTLATAAEVRTGTDAKKIVT AATLHAKTATEGAIGLAQYATQ AQVDAGTLSDRIVPPAYLKQTIQ VTESWQATDSVRGTVRLSTGD GTWKGNDTNGSTLPDNGYASK GVAVSPYELNLTLKHYLPRLGK AYDTGMLGGQTPDKYARRDIA QTISGAWTFSQDTVFNNNISVQ NILYANGGEVKISPTADTGNAH VRFQNRDGTERGIIYAETQTAS	1281	Subunidad gp34 proximal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_003580107.1	0,0 8596/1309)	Subunidad proximal de fibra de cola larga	Fibra de cola larga, subunidad proximal	PHA02584	0,0

Fig. 12AA



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				AGNLKVRVKNGTGTTAASQTY TFGGNGTLDVPNEVSTKTLRSS GNTIVGGTVMVKDTVLLTIETQN AIIGARSHSAFIDTRDADTQIFAR DNTNSYPILTTKNYARLADGRY VKKAGDTMTGNLNINSSAIVITG SESWYVPTNDTVLRQGSWTAE IKDATKLKGLRGYMVPIRTPIDP ANPSTLVVTGYEEKTAAGGVLT QVGVTTNNTYQLWTPYPPTTE TADKRFAHTVWMRIYNPNLNKF DDWMRVFTSATPPTAADIGAPS SVSTQVKTLEVLEWIKLGPVKI WPDRPNQTLKFEWVGD							
224	124375	125301	1005	MSDLNCLFAEEDQVKEGVILIDL SQIAMATILHTYKEGDKLTTPMV RHLILSTLKFNAFKWKKDGYTKI VICVDNAVNGYWRRDVAYYYK KNRAKAREESNWDWEGYFEG LRTVIDEFKQYMPYYVIDIDKAE ADDSIAVLTKKFSLEGHPVMIVS SDGDFTQLHKYPNVKQWSPM QKKLVKSKTGSPALDCMVKIIK GDKKDNVASIKVRSDFWYTHV DGERTPSTKMTFVEECLDAGE NIKDLLTEEQYKRFLENRVLIDF DYIREDIVANILDCYNNYQLPGR GKIYSYFVKSGLSKLMKEINNF	308	RNasaH ribonucleasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049859.1	2e-114 (202/306)	RNasaH ribonucleasa	rnh, RnasaHI	PHA02567	4,40e-127

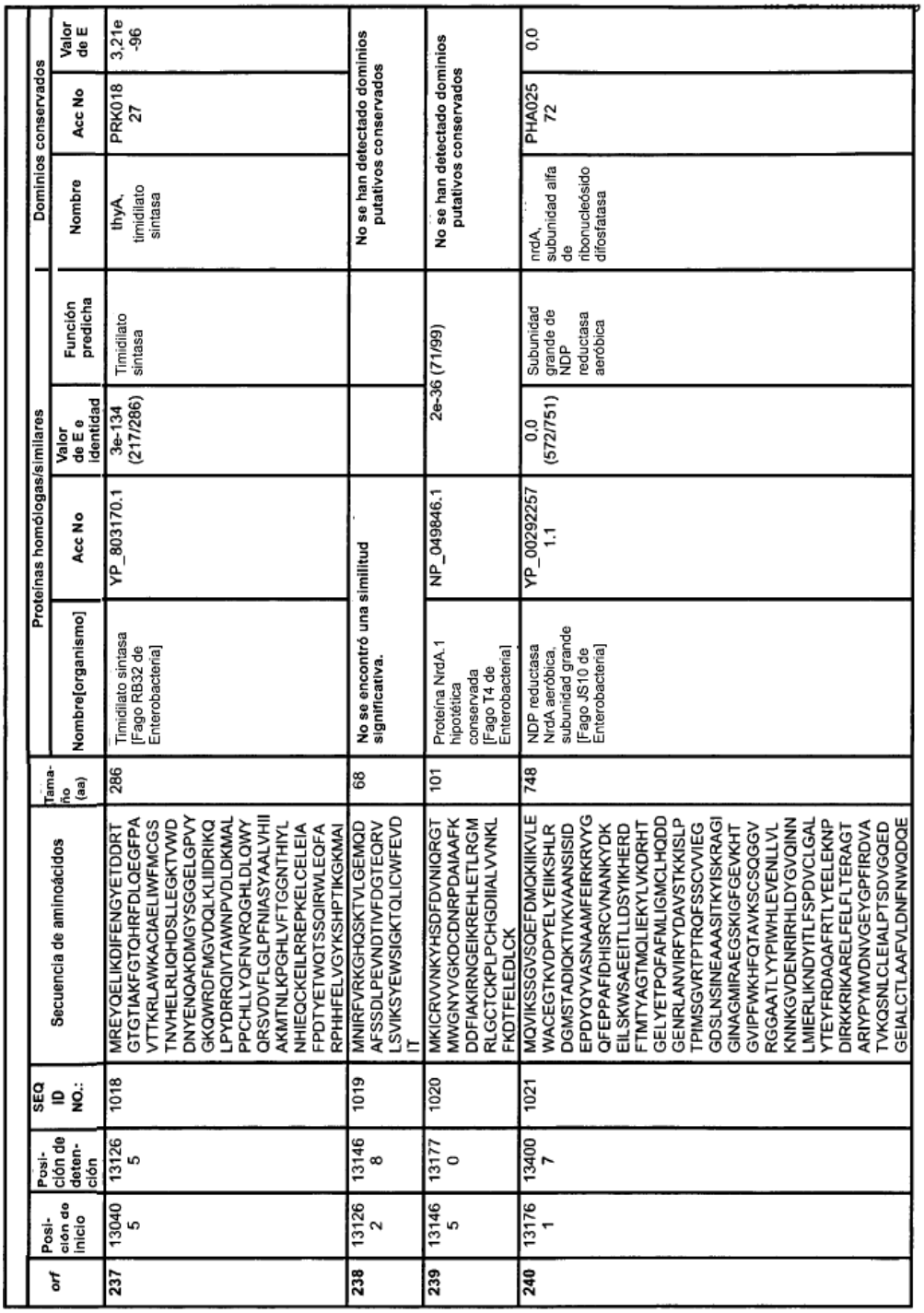
Fig. 12BBB

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
225	12531 2	12558 4	1006	MAKKEKEQVVFDEAVHGQALR DMIKEASGNKLKAESYLELNKDI KDRAKKELGVEGKLFNQLLALF HKGTRDRFETEKDEVVEAYDSI FA	90	Proteína DsbA de unión de ADNdc [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373438 0.1	1e-21 (54/86)	Proteína de unión de ADNdc	Proteína de unión de ADN de cadena doble	PHA025 99	1,94e -24
226	12556 5	12586 4	1007	MTLFSLKDEGDTSPSESINQLL DKQANGFAIESMVTELGMGYLE ATTQWLEENSIPEGNFSRYIPP AIIEKIMSEALEENMLRPSFSQT HKTNSLDFLL	99	Proteína gp33 accesoria de transcripción del promotor tardío [FagoRB69 de Enterobacteria]	NP_861938.1	5e-25 (54/84)	Proteína accesoria de transcripción del promotor tardío	No se han detectado dominios putativos conservados		
227	12586 1	12652 3	1008	MIRLRMPQNNNRYVNGKSVYL LYLMLKQHFAGRYDVVKYNWV MRVSDKAYQKRRDKYFFEKLA EKYTLKELTLIFMSNLVANQDA WIGDISDADALIFYREYIGKLKQI KTTFSEDVKNIYYFAKKVNVDKL HDIFEYNEKVGTSYVFKLLQSN VISFETFIMLDSFLDIINTHDTAT DNLVWSNYSTKLKAYKKLLNVD GAEAKKLFISIIKSCKEISI	220	Cargador gp59 de ADN helicasa gp41 [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159536 5.1	8e-95 (166/216)	Cargador de ADN helicasa	Helicasa N de T4	pfam08 993	2,06e -36
										Helicasa C de T4	pfam08 994	2,67e -28
228	12659 1	12750 8	1009	MFKRKNPAQLQQQLAGLKGGS SFSNEDKNEWKLKTDNAGNGQ AVIRFLPGKDENSLPFVKLINHG FKHAGKWYIENCTSTHGDFDS CPVCAHLSKNDSYNSNPAEYKL LKRKTSFWSNILVIKDPANPENE GKVFKFRFGQKIMDKINAMVEV DVDMGETPVDVTCVYEGANFV MKVKKVGGFQNYDECKFLGQS EIANINDEETQKFLTENMADLSE IVAPSQFKSFEVNEAKFKQIMG TAALGGAAAKAAAQADKIGDDL DSFDKDLSDFESKPTSSRSADD IMGDAGDSVGDDDLNDILNDL	305	Proteína gp32 de unión de ADN de cadena única [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159536 4.1	9e-104 (202/284)	Proteína de unión de ADNmc	Proteína de unión de ADN de cadena única	PHA025 50	5,68e -109
229	12763 4	12789 1	1010	MGKLNIDIVAEPYINKSGFCTDLI FEDGSRFYDTDHGIDFDLVIKE GPGGGWPNIDLRGSKEAVRAW LEANEWEDIDLMMEDWKE	85	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12CCC

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
230	12793	12815	1011	MAQVTVEIYDYEHFIETIEKYGLI EVSNKSAPWGGNEITVEGDTP TLWLWLEQEYFPGMDDECRED TLTTFSG	73	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
231	12815	12852	1012	MKLNTEYRIIPSLAAEWDLSSS GNRRMRLMIEEHGGSFFPTKM LDEDNSFITEVKFKDGTTADAE GFGDAYFEISDYEFKYFEPVYEI GSAIQPGPTRLDLIVTPENAEE MIDLIKKVFKK	121	Proteína Frd.2 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861934.1	3e-08 (45/130)		Proteína del bacteriófago FRD2	pfam03197	3,59e-11
232	12858	12885	1013	MKLQRQSIKLGSEYRGKWNFCI CDKNPEELERVEEVLCQMEAP FTMGGETVYWNDYCDNCPCY EDGYGSGFWIPVEDVEEFKKAF KLAKAKK	92	Proteína Frd.1 hipotética conservada [Fago RB16 de Enterobacteria]	YP_00385846 3.1	4e-25 (53/89)		No se han detectado dominios putativos conservados		
233	12893	12925	1014	MSKFSVTGYPRVNIRCQFDEIP GVTHIELVFDPHSRCNQVSGKI DSAYGEFLINDQVVVSAISGEQ AGSLYILKREVFEEISEAIKEGFK TLQSMIKASEYKSCGF	106	Proteína hipotética RB51ORF237 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285419 0.1	6e-06 (39/114)		No se han detectado dominios putativos conservados		
234	12934	12950	1015	MENFAVDDYDDLIWWDGREW VTICAMSNIDSAIKRLQELQQK WEDGNVERVEFY	54	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
235	12951	13011	1016	MIQIVYAFAPTKTVDGKNENAF GLGDGLPWKHISQDMKNFANR TRDTILICGAKTFMSFPEPLPGR KTIVVQDMSRALATAKNGFFAD AYVSELEFIGFLGGDIMAAHTSY NSTITFNRDLNYSIIGGAGIIQKA YPYADRVIQTIIRKSHRVNSDVT LPAEFVTAPTWPESGFITKENH WYHIDEVTNISEVVYERKL	199	Dihidrofolato reductasa Frd [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373437 2.1	4e-44 (91/197)	dihidrofolato reductasa	DHFR_1, dihidrofolato reductasa	pfam00186	2,29e-14
236	13009	13041	1017	MSANYDITQLSEDKVQKRWKR FPFKHGIHLLVFSYNGLSTYNG STTVYNRNGNIPIEIERDYKKMF IGMSHGNVTVNDDVVSIIGRFE KRGDQLFFTPLQEKFNA	105	Proteína hipotética RB32ORF229c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285456 7.1	1e-06 (36/116)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12DDD



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
237	130405	131265	1018	MREYQELIKDIFENGYETDDRT GTGTIAKFGTQHRFDLQEGFPA VTTKRLAWKACIAELIWFMCGS TNVHELRLIQHDSLLEGKTVWD DNYENQAKDMGYSGGELGPVY GKQWRDFMGVDQLKLIIDRIKQ LPYDRRQIVTAWNPVDLDKMAL PPCHLLYQFNVRQGHLDLQWY QRSVDVFLGLPFNIASYAALVHII AKMTNLKPGHLVFTGGNTHIYL NHIEQCKEILRREPKELCELEIA FPDTYETWQTSSQIRWLEQFA RPHHFELVGYKSHPTIKGKMAI	286	Timidilato sintasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803170.1	3e-134 (217/286)	Timidilato sintasa	thyA, timidilato sintasa	PRK01827	3,21e-96
238	131262	131468	1019	MNIRFVRKGHQSKTVLGEMQD AFSSDLPEVNDTIVFDGTEQRV LSVIKSYEWSIGKTQLICWFEVD IT	68	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
239	131465	131770	1020	MKICRVVNKYHSDFDVNIQRGT MWGNYVGKDCDNRPDAIAAFK DDFIAKIRNGEIKREHLETLRGM RLGCTCKPLPCHGDIIALVVNKL FKDTFELEDLCK	101	Proteína NrdA.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049846.1	2e-36 (71/99)		No se han detectado dominios putativos conservados		
240	131761	134007	1021	MQVIKSSGVSQEFDMQKIIKVLE WACEGTKVDPYELYEIIKSHLR DGMSTADIQKTIVKVAANSISID EPDYQYVASNAAMFEIRKRVYG QFEPPAFIDHISRCVNANKYDK EILSKWSAEEITLLDSYIKHERD FTMTYAGTMQLIEKYLVKDRHT GELYETPQFAFMLIGMCLHQDD GENRLANVIRFYDAVSTKKISLP TPIMSGVRTPTRQFSSCVVIEG GDSLNSINEAAASITKYISKRAGI GINAGMIRAEGSKIGFGEVKHT GVIPFWKHFQTAVKSCSQGGV RGGAATLYYPIWHLEVENLLVL KNNKGVDENRIRHLDYGVQINN LMIERLIKNDYITLFSPDVCLGAL YTEYFRDAQAFRTLYEELEKNP DIRKKRIKARELFELFLTERAGT ARIYPYMVDNVGEYGPFIRDVA TVKQSNLCLEIALPTSDVGQED GEIALCTLAAFVLDNFNWQDQE	748	NDP reductasa NrdA aeróbica, subunidad grande [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_002922571.1	0,0 (572/751)	Subunidad grande de NDP reductasa aeróbica	nrdA, subunidad alfa de ribonucleósido difosfatasa	PHA02572	0,0

Fig. 12EEE

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				EVNEIAEVMVRALDNLLDYQDY PVDKALKAKDRRALGVGITNYA AWLASNFASYADANDITHEMM ERIQYALIKASVKLASEKGPCAL YKETRYGRGELPIDWYNKRIDQ LAAPNYVCDWELLREDLKRYGI RNSTLSALMPCESSSQVSNST NGIEPPRGPVSVKESKEGSFNQ VVPNVEHNASLYDYAWQLAKQ GNKPYLNQVLIMQKFVDQSISA NTYYDPANFPKGKVEMSVMMD DLLYFWYFGGKTLYYHNTRDG SGNDDMIQDSADCAACKL						Cono de ATP	pfam03477	3,83e-12
241	134007	134648	1022	MNYQNVYNSLISRARARESLLG YKETHHIIPRCIGGSDDKENLVE LTGREHFIAHWLLCKIYEAPGLK KAFGLMCLTGKNRSYKVSSQL YELGKRRLSEAATGRKASIETR EKISKSLKGREFTEEHLANMRK PKTEETKKNIAAAKVGVLNPMY GKISPTRDVPHTKETRDVISLRT KQGTEYPPCPHCGKKVNKGNA	213	Endonucleasa buscadora putativa [Fago LZ7 de Enterobacteria]	ABA03236.1	4e-113 (193/213)	Endonucleasa buscadora	HNHc, HNH nucleasa	cd00085	2,82e-04

Fig. 12FFF

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LRWHYDKCKFKDPK								
242	134645	135787	1023	MSTVFNKEPVDIMNEPMFLGS GLGIARYDVQRHKVFEELIEKSL SFFWRPEEVNVMMDRGQFEKL PEHQRNIFTDNLKYQSLLDSIQ GRAPAAVLSALISDPSLDTWNQ TWTFSETIHSRSYTHIMRNLYV DPAKIFDEIVLDEAIMKRAESIGV YYDDVIAKTRAWENAKNRCFN QDNIEIKEAKRDLMKSLYLCLHV INALEAIRFYVSFACTFNFHKNM EIMEGNAKIMKFIARDEQLHLKG TQYILRQLQTGTDGEEWVEIAK ECEQEAIEIFMEVNRQEKDWAI HLFRNGGLPGLNVKILHDFIDYL TVSRMRSCGLPCPITDAPTRHP IPWIREYLNSDAVQSAPQEVEIS SYLVAQIDNDVTDDVLIGFKRYL	380	NDP reductasa NrdB aeróbica, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049841.1	0,0 (306/388)	Subunidad pequeña de NDP reductasa aeróbica	nrdB, subunidad beta de ribonucleósido difosfatasa	PRK09101	3,79e-147
243	135815	136231	1024	MNDIANEFSFIKYVQLELEPDFS IKPVLVANKLNVVYAIAVDDELV YIGKTKNLRKRINYYRTAINRKD QTSDSAKSAKIFEALMAGKKVE FYARQCFNLLINNELGEMSIST MDLEEPMFIKKFNPPWNTQHK VKKC	138	Endonucleasa II DenA [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159535 1.1	1e-58 (108/137)	Endonucleasa II	denA, endonucleasa II	PHA02598	3,38e-49

Fig. 12GG

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
244	136225	137376	1025	MLELYKNLMNLCESSEVAKFFY KDFTGPMDGKFRVFSYHYASY SEWLKPDALECRGIMFEMDGD TPIRIASRPMEKFFNLNENPLTM GIDISDVEYIMDKADGSLVSSYV DDGYLYLKSKTSLYSDQARQAS ALLNSEEYSSLHQVILELALDGY TVNMEFVSPNNRVVLAYQEPQ LFVLNVRNNTTGEYIKYDDLYA NAKIRPYLINAYGISDPTTWVEG VRELEGVEGYIAVLNTGQRFKV KTEWYSALHHTKDSITSNERLF ASVVSANSDDLRSLFAGDEYTI KKISAFEQAYLDYLGKSLELCQ SFYDEYRGRARKDYAIAAQKAT VNQRHLFGVIMNMYEGTVDVD KLLKDLERVFLKYWAGYVPKEY EKEIEISEE	383	ARN ligasa A [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861926.1	8e-109 (188/376)	ARN ligasa A	mlA, ARN ligasa A	PHA02589	6,98e-147
245	137439	137948	1026	MDMQAITLDMVVNKYGTHSDGI FVWNGTKKVGFVTDLRTHMAR KEAARKKQKEYTNRVNEQRAE ALPEAVDEMIDFLDNHLAKYGA EVFKNITQPNVHANGCKCYVIV DPIYGKHRLGIMHRELNYSEMA EYVEACFKCSPSESSDRHILISG LSRDDIVEVILKLCSK	169	Inhibidor de la transcripción del huésped [Fago T4T de Enterobacteria]	ADT39948.1	2e-46 (94/167)	Inhibidor de la transcripción del huésped	No se han detectado dominios putativos conservados		
246	137936	138289	1027	MLKINTTWLLIGVLALSAGGLKY LSWRVENLKADLKVVQDESDR QAKEIENIGVSIKNLQTTYKGYQ ENRAARDTSNAKMNKDSKRGN VVAAKPGLVEKQINASFNKFAE DIQEATR	117	Proteína PseT:3 de membrana predicha hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861924.1	1e-12 (47/119)		Proteína hipotética	PHA02141	3,41e-03
247	138286	138573	1028	MKRSLLAMCIISLLAGCSSSAPD VPVLHPEWPDPIQKWEGHWEV KVIDGKAWVGMPFEESQEYRI WMNDILRYTKDANGMICYYRSE LKEPRCVK	95	Proteína PseT:2 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_002922565.1	4e-24 (53/95)		OM_YfiO	TIGR03302	6,31e-03

Fig. 12HHH

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
248	138595	139080	1029	MEPSHFYSYFVKDASHLLSIKN TQLRNMLAVGSCQLTPLAKKAT VIPENISNGYVYTVRVSVPGALK ERLFELNDQTRISFDVWFKLFM VEFMYPDFLKFVQRKEALKEAI SELEDASIEFGKALQFVESGGV EQDAVNGFLKKYGKRRSLAHR NLSKMVM	161	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
249	139080	139292	1030	VNQEQYETLKGLIAENELACIVF GRAAENYDKNDILSMNKPLRAI KEKYRANWGEKSKALHDFIDTL KDV	70	Proteína PseT.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049835.1	2e-05 (26/71)		No se han detectado dominios putativos conservados		
250	139292	140185	1031	MKKLVLTQGAPGSGKTTWANE YVAANPGWYVLSRDDLREGIF GLDKRNDYKYSKLREKSVSVC QFSMAKTLLEMETTKGVIIADTN LNPTTIKKWQELAYEIDGVKWEI KRFDVPWTELVKRNLYRGANA VPIEVLRSFYSKMHPYDLYIPDE SLPKAVIFDLDGTLADNNHRSP YDLAKCGKDHPKEMVIEFLKML RNKGYKILTVSGRESGTKEDPT VYQRITKKWLLDHVGETGEHFQ RKQGDSRKDDVVKEEIFWDRIA DRYNVKLAVDDRAQVVEMWR RIGVECWQVAHGDF	297	Polinucleótido 5'-quinasa y 3'-fosfatasa [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83237.1	4e-92 (175/301)	Polinucleótido 5'-quinasa y 3'-fosfatasa	Como HAD, hidrolasas similares a haloácido dehalogenasas	cd01427	3,38e-08
										pseT, polinucleótido quinasa	PHA02530	2,64e-105
251	140197	140481	1032	MFPKYSEVVKVSFTQVVANHLT DEFTPAEVAKMHAEFLSAMNAL IPNGEVVKFSIDRLGGSSEIKISC GEGEHDWFIVGIIANFETQQVE TYVV	94	Proteína Cd.3 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861916.1	2e-06 (34/90)		No se han detectado dominios putativos conservados		
252	140471	140707	1033	MLSDAKFSHDEFISKVKIFAQEV ANRVPGSKVTLRRESSFNYVD AYIITVNNGKSNQHTQLALTGT	78	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12III

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GQVEMTNILGHI								
253	140707	141051	1034	MTLREAVEALLIEHARGIKAEISPNGIRLISAVIGSDQGVWSIPREEYDAILYSNVNVKEGQPMYGYVFSDSLERGNHPFPDGTGIRTSRVESFASPTDELKLVKTNNTTYLVI	114	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
254	141052	141621	1035	MKASTVLQIAYLVSQESKCCSWKVGAVIEKNGRIISTGYNGSPSGGVNCCDHAAEQGWIGEIPYKSTGLRQDGFQVKKVGLLKEHRAAHSAWSKVNEIHAELNAILFAARNGSSIDGATMYVTLSPCPDCAKAIAQSGIKKLVYCETYDKNEPGWDDILRSAGIEVFNVPKRNLDKLNWYNIKEFCGIE	189	dCMP desaminasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803153.1	7e-83 (155/193)	dCMP desaminasa	cd, desoxicitidilato desaminasa	PHA02588	1,13e-81
255	141621	141821	1036	MKLRIVEINKLNLSGDVVISYSVERRYWFKWKPLATFKFEDQAVRLLKELSKRKSVIIKTIKETSK	66	gp5 [Fago N4 de Enterobacteria]	YP_950483.1	3e-06 (29/63)		No se han detectado dominios putativos conservados		
256	141818	142126	1037	MKLTTEQNIHIRETLKAVLSMGESQIVFEKADGTIRTLRCTRDKDIIPSDLVESTTKSARAESTTSLPVYDTEKEGWRSFAFDKLISVNGMKVEHLLQMIGK	102	Proteína gp31.1 hipotética conservada [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_002854545.1	2e-29 (65/102)		DUF2693	pfam10902	2,25e-22
257	142184	142507	1038	MELPIKALGEYVILVSEPAQQGDEIVSPSGIILGKEEQGQLPDMCEIYSIGDDVPKGFVEVGDLTPLPVGNIRNVPHPLVAAGVKKPKEIRQKFVTCHYKSLACVYK	107	Chaperona gp31 de ensamble de cabeza con GroEL [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_003734352.1	3e-40 (78/107)	Chaperona de ensamble de cabeza con GroEL	Cpn10	pfam00166	2,77e-03
258	142623	142871	1039	MNKQLTKALELQRNAWNSGHENYGASIDIYAEALEVLKGFKHLNPAQAEFRDTLEAMDELKYAKHLGSAARKAVRHFVVTLK	82	Fenotipo de lisis rápida de proteína rIII accesoria de inhibición de lisis [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_003734351.1	6e-29 (63/82)	Proteína accesoria de inhibición de lisis	No se han detectado dominios putativos conservados		
259	143224	143415	1040	MEDDKMAKQAKAKTAVKEVVGTSKRAGYKRGSNKRINQTVEKIMRRARAVLRDDASRFGKPKA	63	Proteína de 11.1 kDa no caracterizada en región intergénica Gp30-rIII	PI7310.1	1e-14 (41/44)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12JJJ

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
260	143537	143896	1041	MNFTNFNRKYVQNNAWDVSTT LLWEHNNGTVAQIDMYWEDNY VFFSFENGPTLDIQFNGSEIKVG FHDEVRKRDLSSHPSWNTNRQ LLVKIYLRHILGRKTTEEQREAI WDIVSNEIKF	119	Proteína gp30.7 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049821.1	3e-26 (58/118)		Fago_T4_Gp30_7	pfam06919	2,72e-27
261	143936	144418	1042	MEKGKFYKLKKTPSLSPGALIK GVFEQIGNNPIKITRTFKYAENT GLVEFEIIKPDGEYKRVSIDEVR FSRMWCIITNQEFQHYFEETTH KEPEPKTDDGSNDWGVWTSN KGNDTYKGGLTKEEAVNLAKV QRLNATKDTKVVIMQPFAVPVV HVNIRPF	160	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
262	144431	144709	1043	MIVSAFYDSRKKKVETIISDTRD GTPANKNGVKAYIDKYCPPEFR MIDGVDSLSINIINAKIEFINETVP IGYSDGDGSNAKMPKEKFITKF	92	Proteína hipotética EME08_gp196 [Fago IME08 de Enterobacteria] -	YP_00373434 7.1	7e-05 (24/66)		No se han detectado dominios putativos conservados		
263	144720	144890	1044	MIVSVPKSKDGIFSCGLKNHPM VDIMSANVKQHTVEYEIDAPDF FELPEWAVRLDA	56	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
264	144887	145087	1045	MKYHIFNTVRLANGIPGVVCDT APAIKAYSVEPWYEVNWVDGN RSIHAESELYPITQLRAANDDVY	66	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
265	145077	145286	1046	MSINPHFGHMVARRITREMLKT AEYYNIELIDIEPSDAPGLIWFNF TGAANSVAKFKQALRNFPECQ NQ	69	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
266	145271	146113	1047	MSKPVIATDVDGIIVKWQSGLP YFAQKYNLPVEHILDMMTTEKFI KPAELFDCEEDLAVKLLLKYNN SDFIRYLAPYADALATVNKLKEK YDFVAITALGNSVDANLNRRFN LNALFPDAFTEIMVCDYDESKD ALLEKAKVKYGDRIVCYVDDLP KHIAAASKVFEDTETRVFYMPR GEREGSVTAPGIMVEDWHQIVT CLESLESVKKPQKSLSRLWEEA IKDQIRKEQHPFNWPPPRQVPG DWWKQPIIPFSPSPHVPPGND WWNNGRITCDNHQINC	280	Proteína gp30.2 [Bacteriófago Ox2]	CAG29240.1	5e-62 (132/267)		30.2 proteína hipotética	PHA02597	8,07e-59

Fig. 12KKK

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
267	146155	146361	1048	MFVVHTKVGKRWLSCDYGHVN QFYRWNPIWREAKACPIWNECI NNGFVYIDGLTYHRSVSELSKE LGE	68	Proteína gp30.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049814.1	2e-08 (34/75)		DUF3045	pfam11243	3,18e-12
268	146361	147833	1049	MIFDIIKAIEDAKGSKAKTQILIDN KDNVDLKRAYLLAYSGRFKFFIK KVPEYTPVKYPNVPSKTFSDGL DYLQDILAARVLTGNMAIQGLV DLLSKMNEGDASVLVRVLLKDM RCGAGSGIANKVWKKLIPEMPQ MLASAYSEKALSYIKFPAFAQLK ADGARCFAEIRGDDLDDVTLLT RSGNEYLGLDKLKRQLIEMTKE ARERHPNGVMIDGELVYHVEV KEEENDLFDMFKEPELPELSKA KEFQQTARTESNGLANKAIKGTI SAEEAEGMRFQVWDYVPLDVV YSEGKVPGFAYDVRFRALEMM SKGYDKIILIENHVVHNIHEARAI YKTYVDQGLEGIILKNIGAYWED KRSKNLVKFKEVITVDLKCVGS YEHRKQPGKMGGLMFVSECG RIRVNAGSGLKDKPEELHELDR THLWKIRDSLPGTIWELECNGW VTAEGRDDGTVGLFLPIIKQRR YDKEVANTFEAAFGVNFTEATG IK	490	ADN ligasa gp30 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049813.1	1e-147 (287/503)	ADN ligasa	ADN ligasa	PHA02587	8,32e-169
269	147830	148009	1050	MKVLYEVIAKTDDGRGGISVHT EVLDFDNIDVFKNFKENIEEYES VNGLQVWRTATIIN	59	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12LLL

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
270	148062	150188	1051	MELLNEVFDEENSKIYPVENVK PKLKVPQVFLIKVPGNNNLMIRL VHGSGQGDAVKNIKMGDKFIQ VYVFSVSEKGNIGALKGGLGQD PIGAINTIFETVNKVVKQIKADAV MFRFNPKKMQGQDKAIQRILAR LITTRTGGRFNLMKDMAYYKGK YAYSIMVHKGKKLEEIEGIPEISD ELYTKVESKVGEIYVSKETGES VTKAEALANSIGEKEDKKSELA VMSKMKVSRKDLIRAQYGKFVS YVDEDWPENKRERWYELTTNT PVLNAEGDTVDLQKDIKAGLEK SIPFYVDDIKHYRVRGGYGSNF GDAVERLFVGQMSRMHDDWK VFIPSGSDKMKIAEQRISDVADV IAQAKNPASMETMRKIVEVATR GFDMPPADDFGALRQYQNLVN YMISAYVSIVGDSISKAIEYNRE MQSRLSEEERDAIHHYCGSGY SFVNNYLIGMESLGDPIIDKKIRP LDSAFEKGLRLEPGTLLYRGQR GKYEDFKDNIESKMFYFQNYVS TSLSPIIFGAYSNAGDSLMPDAP SSDLENKETTANAVSSVIGTDN LERVDRGEEVAYGDEFKFGFVI HGADKVKVIPGVLSSFSDEAE VILPRGLAMKVNKVWGTPFRN GVGVANNKTFMVEMTVVPPEQ IDESVHLYDGDILMEQGKVEPL EESKFKGFLNEIYFSPDRSTDK VSYTRTMELLAGAINLDGIPEKL A	708	ARN polimerasa Alt ADP ribosilasa [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292254 2.1	4e-115 (261/745)	ARN polimerasa ADP-ribosilasa	alt. ADP-ribosil transferasa	PHA02566	1,89e-145
271	150252	150530	1052	MKHVFRFNGIEWSADVKDAEK FNEEVLIMLEGFNEGTPTVLIQD IFRKPTEPSFVEAVLNGKAEGII PVKVVWTTKEMKLLRTEPGFIG CIA	92	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12MMM

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
272	151478	150552	1053	MFTLEEFKSQAADIDFQRTNMF SVVFATVPSSKTQALLNDFGGE LYNNMGLDGNWLGLTPGEFNQ GITTIVTQGTRQVVRKSGVNTF MIGAMTQRVVQSLLGEFTVGTY LLDFFNMAFPTAGLMVYSAKIP ENRLSYEMDKFHNAPNIKITGR DMEPLVLSFRMDPEASNYRAM QDWVNAVEDPVTGLRGLPQDV ECDIQVNLHARNGLPHTVCLFS GAMPVACGAPEFTYDGENTIAV FDVTFAYRSMQTGSVGKQAAM DWLEDKTIQKIETINPNQGLSTS ASRLSRLGGAGGGISNITTSTS RII	308	Iniciador gp54 de tubo de cola de placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159532 0.1	1e-117 (190/303)	Iniciador de tubo de cola de placa base	54, subunidad de placa base	PHA02605	4,28e -126
273	152530	151478	1054	MIFEELADGLENIKKSGTRISQG KSKLTNAPTTKVAQFPAERSAG NDSAQDMRVHDLYRNGLLFTA YDFKGRTTPDLRSFRRDVMLS SVFDSPMSALANSSSSTTSTAP VANILLPRSKSDVDSVSHKFND VGDSLVTRGSGTATGVLSNVA STAVFGSIESLTQGLMADNGEQ IYNTARSMYAGPDNRTKVFTW DLTPRSADDLIQIIRIYEIFNYYSY GVTGNSSYAKEVKAAIDEWYK GTLKSAAPDGAKVENTVFEQIT SFLSNVIVVSNPTIWTVRNFGYS TSMDGREDIFGPCQIQSIRFDK TPNGHFNGLAIAPNLPSTFTLEI TMREILTLNRGNVYIGGIE	350	Caperuza gp48 de tubo de cola de placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159531 9.1	2e-126 (225/363)	Caperuza de tubo de cola de placa base	Subunidad de placa base	PHA02613	2,88e -137

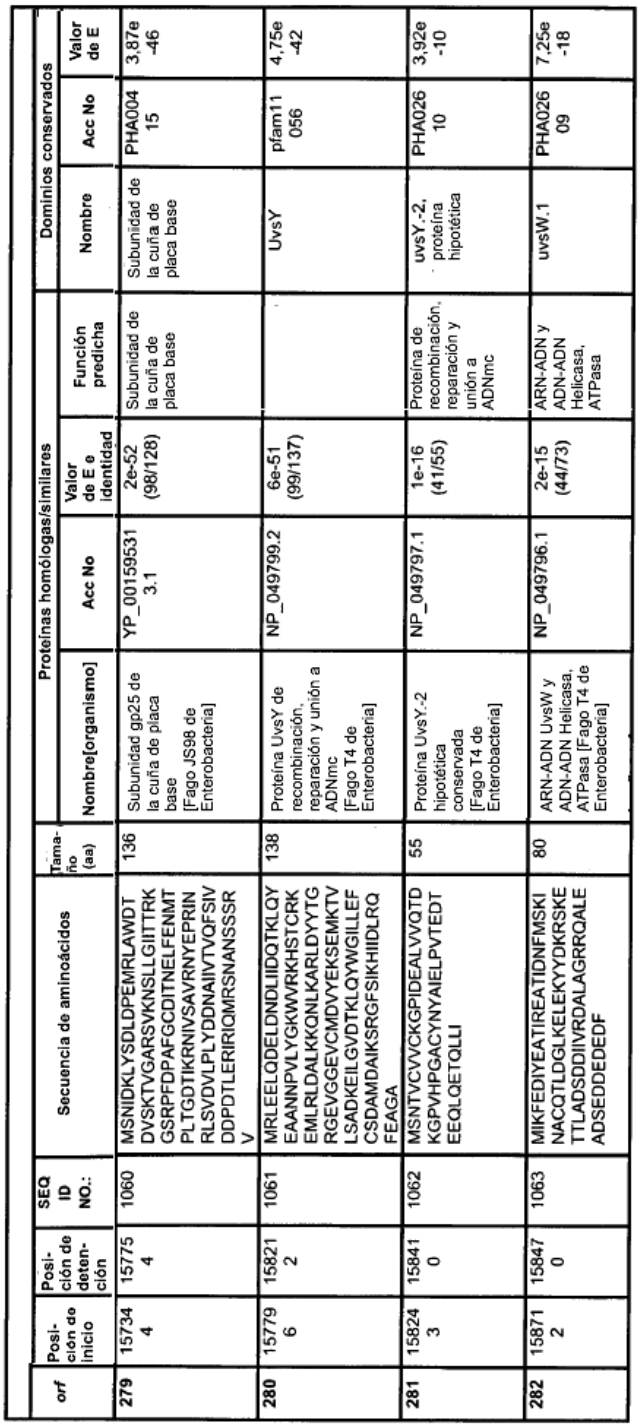
Fig. 12NNN

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
274	154273	152540	1055	MTKKSEMNSMRRRVIADSAPQ KKAESQADAQINTLEDIGRRLD DQQASTDLISDVIETKSNEIIKSV EDVSAGVELTAEASERTTDAVS KLNDTASLINDKLTKLADLLSKK HDVQQDVQKTGTGTSLETITEQ VPDAPVQQPLEELLERLIPPQD DRRPDADFFPNTEEQEERKEP NKETEDKNKKKFLGLKFGELIKSV KSGFGKTISLTDKISSMLFSYTV SALAQMAKTAAAMVLGVIMLIDLI KVHFNYWTKLFEKNFVEFNKQ AKEWGPLLTAISEMSNEIVKSFV KGDWGGLAKAIGSGLVDVIDKL GETIMLGMSKLLAGMLRALGFN DSADNIEGAALDRFQTVTGAEL DEEDAKMRAKYVDRQEREYDE QPEWKRKLSAKFQKFTGQIDD DEYNKLLSGEKKQSAYADLPED ERLKIITARNNAEAELKRTKAYV EKTDASDSTRLDSAKDAVQSTT TRYKELEKLSPEVAKDLKVELD QLQKLLDSKISEPAPTAEAIPAT EQPEVKQSASIKAAADSREAAR TRESNTQSQPIQVNTAVNKNST YVYRTPPQTSTAAPGMQGAMK TS	577	Subunidad gp29 del centro de placa base, determinador de longitud de cola [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861896.1	2e-77 (225/613)	Subunidad del centro de placa base, determinador de longitud de cola	BAR_Vps5p	cd07627	8,94e-03
275	154797	154270	1056	MNLNVILPIKKIVINEKTISIPKLG LKHHNLMKDVKGPDENMNLLL DSICPGLTAAESDIVVLHLLAFN NRIKETVVKDDFTYDLNKVYICQ RLTQRLDGKEFKFRAPPRYSKL GSVDSILSEFLESVDGKPMDINF MKLPAFVTKWADDLVNTIAIDG PEGPIKGMLNVMEIFE	175	Subunidad del centro distal de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803131.1	2e-48 (93/177)	Subunidad del centro distal de placa base	Centro GP28 de fago	pfam11110	3,47e-53

Fig. 12000

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
276	155911	154769	1057	MTAQRLGYPNISIKLYSGYDAW LANRFVELAATFITLTMRDSLRG TNEGLLQFYDSKNMHTRMNGD ELVQISVANSNTSRTQTRIYGIK HFTVGVDDKGDSIITLQLGTLHD IMNLKFSRAFFSSAYETIKEMIG AMYVDQPLIAPPINGINAYVPRV PWTSTLKDYLRYVRNVGISTDN DQFIFAWEDITGINMMDYESMIS QNPNVFMFGAPQTIGQFAAGL KYPLAWDFEWLVKSNRYNRNP MKNATFYAHSFVDKDVTRIING EGQNSVFINRSGGYSDMIFRNG YEEALRISTMAQYDGYAQTKCY GNFELTPGMKINFVDLKDQFRT DFYVDEVIHEISNNTSITNLYMF TNGSALEPVDLIKVKNELKRDS SY	380	Subunidad gp27 del centro de placa base [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373433 2.1	1e-145 (236/377)	Subunidad del centro de placa base	Subunidad del centro de placa base	PHA026 12	1,76e -159
277	156666	155908	1058	MANIVRCELPDGVQRFKPFTVE DYRDLLLVRNDMNTKSEEEQK QLIAELMDDYFHDHPAEYRPYIF LKVFLSSIGKTKIPVRMKCPKCG KYKQYLFNLNQPPLVNPKVEVA GLTLKFKKPIEIIDDTGKMILDNII SVKDSSGEYAWNELSDSNKLT VIDAIDVETLEKILSQMKPFNFEL KTSCCDTTTILKYDNIVDIFKLLL HPDEIFTFYQINHRLVSQGKYDL NSIMKMLPIERGITLSLIEKDLKS	252	Catalizador gp51 de montaje de centro de placa base [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292253 5.1	3e-81 (145/251)	Catalizador de montaje de centro de placa base	Catalizador de montaje de centro de placa base	PHA026 11	7,69e -87
278	156718	157347	1059	MNITYKFETRINGKNIQCRAFTL EEYANLIAAKKNGTIDECIKALLR ECTNATELNKQESELLIVILWAH SIGEVNHEVTWNCTCGRKIPVP LNYTHAQIDPPEDLWYDLKGFK IKFKYPSLFDDSDIPMMISKCIDY IVVGNEQIYFNDLNDAEIDDLYS AITTEDVVNIKNMLLKPQVQLAV PITCECGISHIHVIKGLKEFFKIM S	209	Subunidad gp26 del centro de placa base [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292253 4.1	4e-54 (103/207)	Proteína de montaje de centro de placa base	Placa base de T4	pfam12 322	5,28e -51

Fig. 12PPP

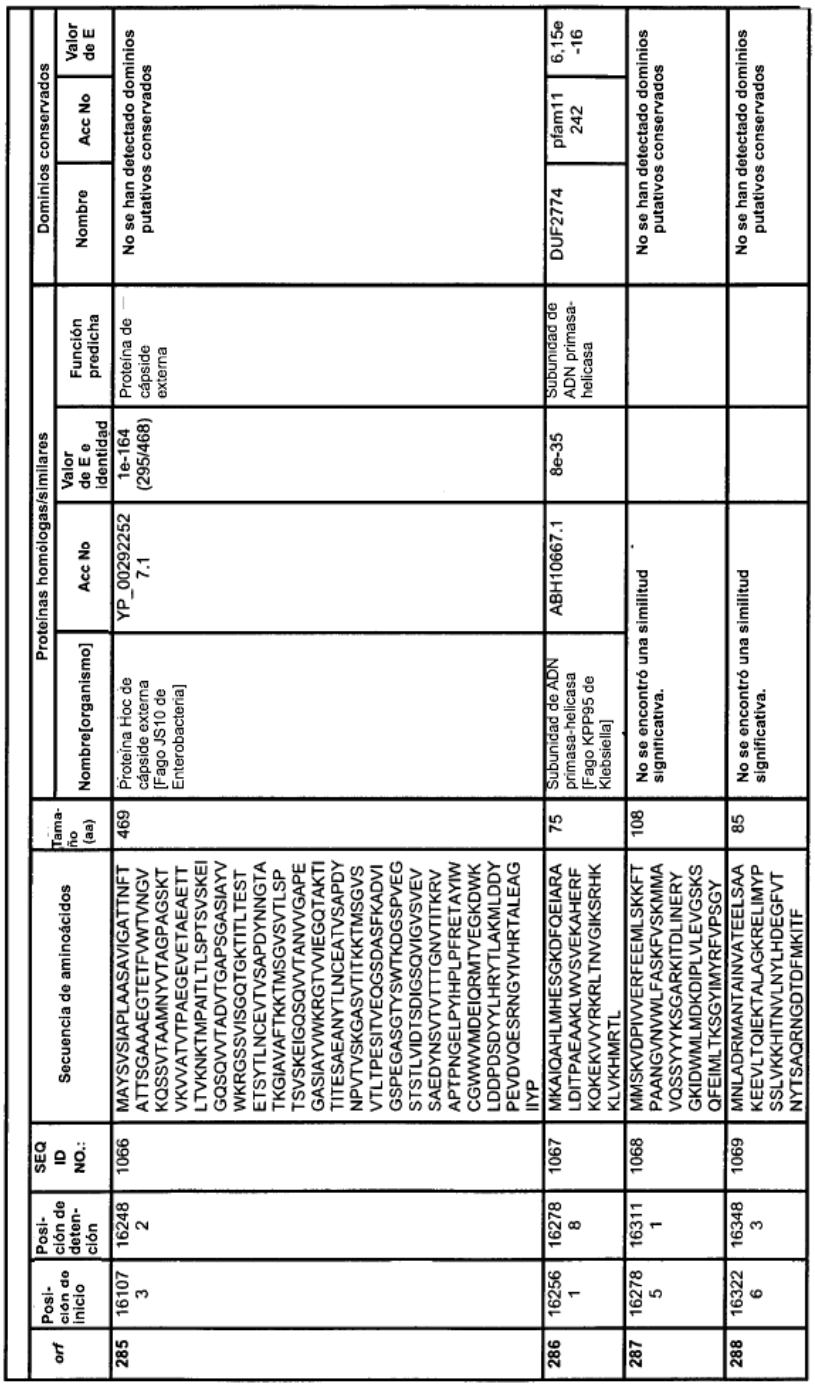


orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
279	157344	157754	1060	MSNIDKLYSDLDPEMRLAWDT DVSKTVGARSVKNSLLGIITTRK GSRPFDPAFGCDITNELFENMT PLTGDTIKRNIVSAVRNYEPRIN RLSVDVLPLYDDNAIVTVQFSIV DDPDTLERIRIQMRSNANSSSR V	136	Subunidad gp25 de la cuña de placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159531 3.1	2e-52 (98/128)	Subunidad de la cuña de placa base	Subunidad de la cuña de placa base	PHA00415	3,87e-46
280	157796	158212	1061	MRLEELQDELDNDLIIDQTKLQY EAANNPVLYGKWVRKHSTCRK EMLRLDALKKQNLKARLDYYTG RGEVGGEVCMDVYEKSEMKTV LSADKEILGVDTKLQYWGILLEF CSDAMDAIKSRGFSIKHIIDLRQ FEAGA	138	Proteína UvsY de recombinación, reparación y unión a ADNmc [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049799.2	6e-51 (99/137)		UvsY	pfam11056	4,75e-42
281	158243	158410	1062	MSNTVCVVCKGPIDEALVVQTD KGPVHPGACYNYAIELPVTEDT EEQLQETQLLI	55	Proteína UvsY.-2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049797.1	1e-16 (41/55)	Proteína de recombinación, reparación y unión a ADNmc	uvsY.-2, proteína hipotética	PHA02610	3,92e-10
282	158712	158470	1063	MIKFEDIYEATIREATIDNFMSKI NACQTLDGLKKELEKYYDKRSKE TTLADSDDIIVRDALAGRRQALE ADSEDDEDEDF	80	ARN-ADN UvsW y ADN-ADN Helicasa, ATPasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049796.1	2e-15 (44/73)	ARN-ADN y ADN-ADN Helicasa, ATPasa	uvsW.1	PHA02609	7,25e-18

Fig. 12QQ

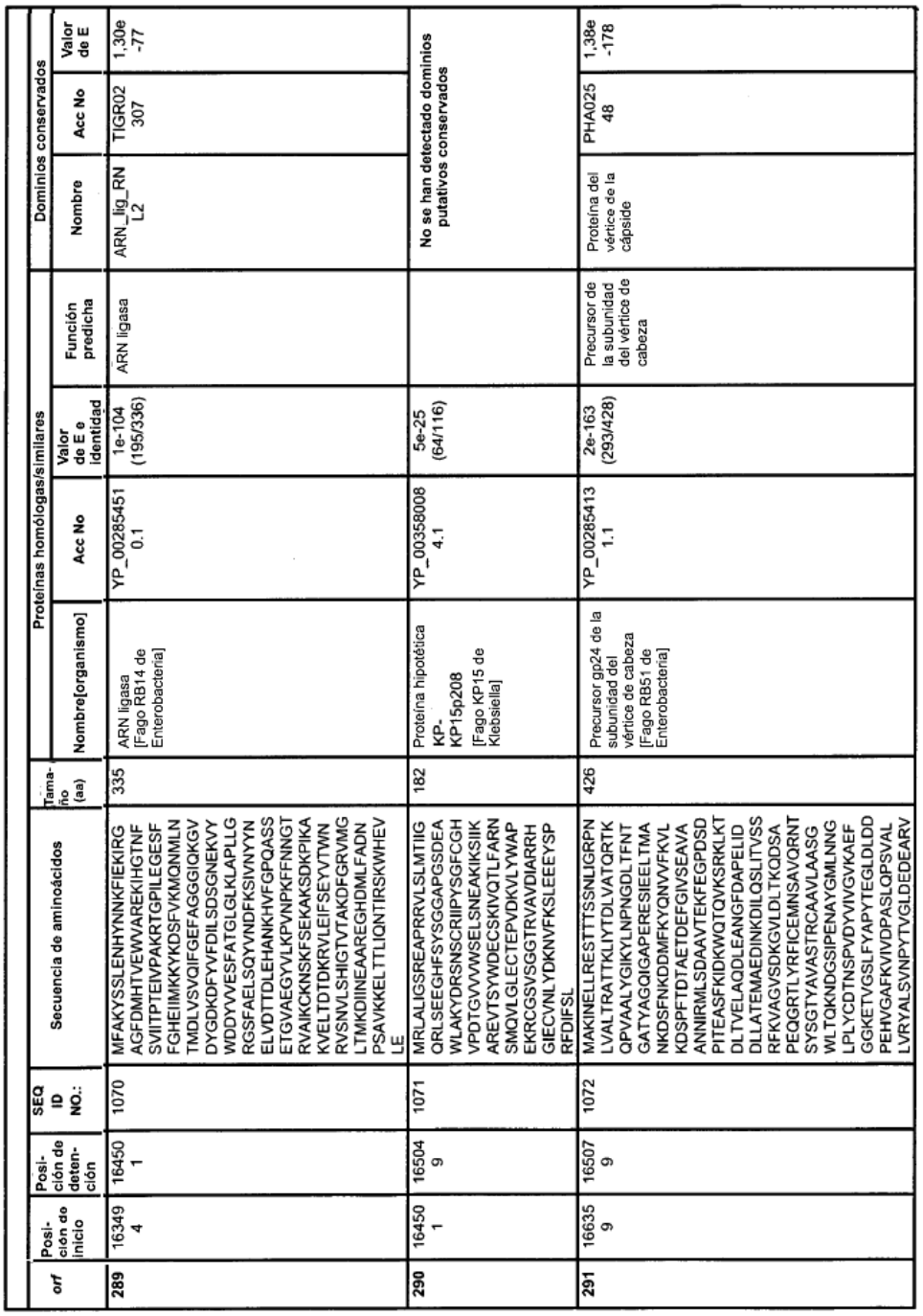
orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
283	160211	158709	1064	VHDIQVKFKDFSHVHIECDDSIF YELRDYFSFEADGYRFNPKYRY GHWDGRIRLLDYNRLLPFGLVG QIRKFADQFGYKVYFDPAIFEQ ETLSREDFDNWLSTKEIYSGLT KIEPHWYQKDAVYEGLVNRRRI LNLPTSAGKSLIQALLARYYVEN YEGKVLIIVPTTALVDQMIDDFC DYRLFPRNAMLGIRGGTARDS NALVYVSTWQTAVKQPKEWFS QFGMMMNDECHLATGKSISTII AGLTNCMFKYGLSGSLKDGKA NIMQYVGMFGEIFRPVSTSKLM EDGQVTELKINTIFLRYPDAAAN ALKGKTYQEEIKFITNVKKRNR WIANLATKLAARDENAFVMFKH VAHGKELFEMIKAAGHEHVYYV SGEVNTETRNALKAMAENGKGI IIVASYGVFSTGISVKNLHHVILA HPVKSKIIVLQTIGRVLRKHKDK SLATVWDIIDDLGVKPKSANAK KKYTHLNYCLKHALERIQRYAD EKFNYVMKTVNL	500	ARN-ADN UvsW y ADN-ADN helicasa, ATPasa [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292252 9.1	0.0 (392/497)	ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa	UvsW helicasa	PHA02558	0.0
284	160269	161063	1065	MLDKDYIKEIQALDKKEAKDKLD EYAQTFGIKLKKTRSFDNMVAD LEKELAKLANEPMPEDNDGLSI ADLIQADDEIEGKAVFKDEASD EAKLLFDAPVNVGIKIHDIDPGF YKETPKVNDPGFEVKTPSINDK GFYAEAPIGDSVIHIDDEGQVTN IPVSITDPEEFSKAMDKVVKIIKT DEIIELPENFSPNMQLLGKNPG YITLPWWIYQWIKDNPDWKSRP TSFEHPSAHQTLFSLIYYIKRNG SVMIRETRNSSFVTLK	264	Inhibidor de la proteína de cápside menor de proteasa 21 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285413 6.1	2e-64 (144/265)	Proteína de cápside menor	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12RRR



orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
285	161073	162482	1066	MAYSVSIAPLAASAVIGATTNFT ATTSGAAAEGTETFVWTVNGV KQSSVTAAMNYVTAGPAGSKT VKVVATVTPAEGEVETAEAETT LTVKNKTMPAITLTLSPTSVSKEI GQSQVVTADVTGAPSGASIAYV WKRGSSVISGQTGKTITLTEST ETSYTLNCEVTVSAPDYNNGTA TKGIAVAFTKKTMSGVSVTLSP TSVSKEIGQSQVVTANVVGAPE GASIAYVWKRGTVVIEGQTAKTI TITESAEANYTLNCEATVSAPDY NPVTVSKGASVTITKKTMSGVS VTLTPESITVEQGSDASFKADVI GSPEGASGTYSWTKDGSPVEG STSTLVIDTSDIGSQVIGVSVEV SAEDYNSVTVTTTGNVTITKRV APTPNGELPYIHPLPFRETAYIW CGWWVMDEIQRMTVEGKDWK LDDPDSDYYLHRYTLAKMLDDY PEVDVQESRNGYIVHRTALEAG IIYP	469	Proteína Hoc de cápside externa [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292252 7.1	1e-164 (295/468)	Proteína de cápside externa	No se han detectado dominios putativos conservados		
286	162561	162788	1067	MKAIQAHLMHESGKDFQEIARA LDITPAEAAKLWVSVEKAHERF KQKEKVVYRKRLTNVGIKSRHK KLVKHMRTL	75	Subunidad de ADN primasa-helicasa [Fago KPP95 de Klebsiella]	ABH10667.1	8e-35	Subunidad de ADN primasa-helicasa	DUF2774	pfam11242	6,15e-16
287	162785	163111	1068	MMSKVDPIVVERFEEMLSKKFT PAANGVNVWLFASKFVSKMMA VQSSYYYKSGARKITDLINERY GKIDWMLMDKDIPLVLEVGSKS QFEIMLTKSGYIMYRFVPSGY	108	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
288	163226	163483	1069	MNLADRMANTAINVATEELSAA KEEVLTQIEKTALAGKRELIMYP SSLVKKHITNVLNYLHDEGFVT NYTSAQRNGDTDFMKITF	85	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12SSS

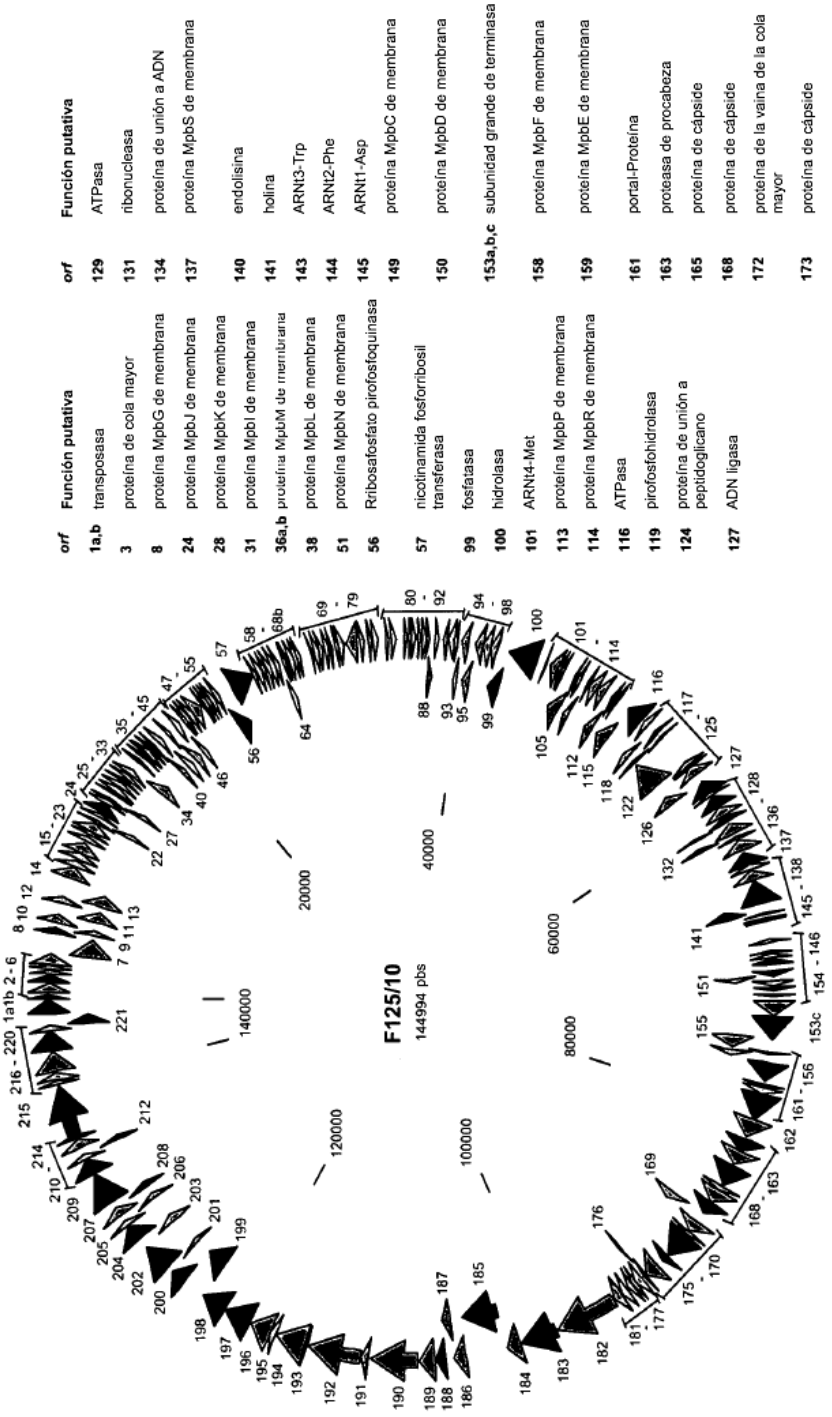


orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
289	163494	164501	1070	MFAKYSSLENHYNNKFIEKIRG AGFDMHTVEWVAREKIHGTNF SVIITPTEIVPAKRTGPILEGESF FGHEIIMKKYKKDSFVKMQNMLN TMDLVSVQIFGEFAGGGIQKGV DYGDKDFYVFDILSDSGNEKVY WDDYVVESFATGLGLKLAPLLG RGSFAELSQYVNDFKSIVNYYN ELVDTTDLEHANKHVFGPQASS ETGVAEGYVLKPVNPKFFNNGT RVAIKCKNSKFSEKAKSDKPIKA KVELTDTDKRVLEIFSEYVTWN RVSNVLSHIGTVTAKDFGRVMG LTMKDIINEAAREGHDMLFADN PSAVKKELTTLIQNTIRSKWHEV LE	335	ARN ligasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285451 0.1	1e-104 (195/336)	ARN ligasa	ARN_lig_RNL2	TIGR02307	1,30e-77
290	164501	165049	1071	MRLALIGSREAPRRVLSLMTIIG QRLSEEGHFSYSGGAPGSDEA WLAKYDRSNSCRIIPYSGFCGH VPDTGVVVWSELSNEAKIKSIIK AREVTSYWDECSKIVQTLFARN SMQVLGLECTEPVDKVLYWAP EKRCGSVSGGTRVAVDIARRH GIECVNLYDKNVFKSLEEEYSP RFDIFSL	182	Proteína hipotética KP-KP15p208 [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358008 4.1	5e-25 (64/116)		No se han detectado dominios putativos conservados		
291	166359	166079	1072	MAKINELLRESTTTSSNLIGRPN LVALTRATTKLIYTDLVATQRTK QPVAALYGIKYLNPNGDLTFNT GATYAGQIGAPERESIEELTMA NKDSFNKDDMFKYQNVVFKVL KDSPFTDTAETDEFGIVSEAVA ANNIRMLSDAAVTEKFEGPDSD PITEASFKIDKWQTQVKSRKLKT DLTVELAQDLEANGFDAPELID DLLATEMAEDINKDILQSLITVSS RFKVAGVSDKGVLDLTKQDSA PEQGRTLYRFICEMNSAVQRNT SYSGTYAVASTRCAAVLAASG WLTQKNDGSIPENAYGMLNNG LPLYCDTNSPVDYYIVGVKAEF GGKETVGSLFYAPYTEGLDLDD PEHVGAFKVIVDPASLQPSVAL LVRYALSVNPYTVGLDEDEARV	426	Precursor gp24 de la subunidad del vértice de cabeza [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285413 1.1	2e-163 (293/428)	Precursor de la subunidad del vértice de cabeza	Proteína del vértice de la cápside	PHA02548	1,38e-178

Fig. 12TTT

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				INAADMDKMAGRSKMSVLLGV KLPKLIAD								
292	166677	166441	1073	MDAGIYYAPYVALTPLRGSDPK NFQPVMGFKTRYGIGINPFADS AAQQPKGRITSGMPSIVNSVGK NAYFRRVWVKGI	78	Precursor gp23 de la subunidad de cabeza mayor [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285413 0.1	6e-35 (70/78)	Precursor de la subunidad de cabeza mayor	Proteína de la cápside mayor	PHA025 41	7,51e -38

Fig. 12UUU



orf	Función putativa
1a,b	transposasa
3	proteína de cola mayor
8	proteína MpbG de membrana
24	proteína MpbJ de membrana
28	proteína MpbK de membrana
31	proteína MpbI de membrana
36a,b	proteína MpbM de membrana
38	proteína MpbL de membrana
51	proteína MpbN de membrana
56	Ribosafosfato pirofosfoquinasa
57	nicotinamida fosforribosil transferasa
99	fosfatasa
100	hidrolasa
101	ARNt4-Met
113	proteína MpbP de membrana
114	proteína MpbR de membrana
116	ATPasa
119	pirofosfohidrolasa
124	proteína de unión a peptidoglicano
127	ADN ligasa

orf	Función putativa
129	ATPasa
131	ribonucleasa
134	proteína de unión a ADN
137	proteína MpbS de membrana
140	endolisina
141	holina
143	ARNt3-Trp
144	ARNt2-Phe
145	ARNt1-Asp
149	proteína MpbC de membrana
150	proteína MpbD de membrana
153a,b,c	subunidad grande de terminasa
158	proteína MpbF de membrana
159	proteína MpbE de membrana
161	portal-Proteína
163	proteasa de procabeza
165	proteína de cápside
168	proteína de cápside
172	proteína de la vaina de la cola mayor
173	proteína de cápside

Fig. 13A

Fig. 13B

orf	**Función putativa**
183	cola de lisina
185	glicerofosforil diéster fosfodiesterasa
188	proteína de placa base
197	helicasa
198	proteína reguladora de transcripción
199	helicasa
200	proteína estructural de placa base
202	exonucleasa
204	ADN primasa
208	proteína de ribonucleótido reductasa
209	subunidad grande de ribonucleótido reductasa
210	subunidad menor de ribonucleótido reductasa
212	proteína similar a tiorredoxina
214	proteína de unión/plegamiento de ADN
215	ADN polimerasa
219	proteína de reparación de ADN
221	factor sigma

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas. .

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1b	2	310	1075	FVQIPIFSLIPILRYKLEEQ GIGLIETEESYTSKTSFIDN EKPIKHNVYKGKRVKRGL FKTEEGRILNADVNGAFQI MKKVFPDVEIPRDNGFVY NPFLINC	102	Elemento IS Dka2 orfB [Archaeal Virus 2 hipertermofílico]	YP_003773391.1	5e-18 (109/405)	Transposasa	orfB_IS605, transposasa probable	pfam01385	2.87e-36
2	475	1107	1076	MAKKNVNDVLQQESVTV ADKYLQVKVNRDGYTRT HEGQYAYKVVSEGEELFL YPVQTDGKGTLNVMKKS PIAYTDGDNIHFVVNTVV DPYNHSFIRTEDIKGLDKG KQLIQAFLAFVEDRFKFG VYNVFVANSKEDVLSIVD PTDNDADEVKDPSLEHAHE DVIADFPASPARKDVKGV DSGEGQGDTSEPSAPKNV QVTPKEDGADVSAE	210	Proteína hipotética KgORF95 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024523.1	6e-177 (209/210)		PHA02283, proteína hipotética	PHA02283	4.55e-71
3	1121	1642	1077	MVNLAKLNLYKGNELLN SVEKTEGKSTITIENLDAN TDYPKGTFKVSFSNDSGE SEKVDVPQFKTKAIKVISV TLDVDSLDLTVGDTHQLS TTITPSEASNKNVSFESDK SGVASVTSEGLIEAVSAGT ANVTVTTEDGSHTDIVAV TVKEPIPEAPADVTVEPGE NSADITA	173	Proteína de cola mayor putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024524.1	1e-88 (168/169)	Proteína de cola mayor	Big_2, dominio (grupo 2) similar a Ig bacteriana	pfam02368	2,14e-04
4	1657	1884	1078	MEKTLKVYSNGEVVGSQ VANNDGATTVSITGLEAG KTYAKGAFKVAFANDSG ESEKVDVPEFTTKTPTEEP	75	ORF189 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240967.1	3e-33 (73/75)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14A

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SGEA								
5	1979	2239	1079	MDIPTILFRNPYDYTKVK KLMENKEQYIVVKFDSVS VHNLNVQGMMNVIQDYL HIYGYRVKEYGQENASK DDERDVKGYLYERVGE	86	ORF174 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240968.1	5e-42(86/86)		No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2243	2998	1080	MGIIVNSNHIQSDTLYEYD SFFDIEKVDTFEEGLLSIQ DEPTVLAGFIYDDITFNKV INSNSDIDDYIKNNDIYYV SDIGLLPDTFITVDSDKKY YSLLQQVVELSKDPFPKW VEDDAKGLTKYYNFQDF EDVFDLNSFYKKEVDMV REKCYNNGNVYLLYEVL PDYKLPLAYSLLSNKEHGI VIIGSQTRSNNDILTFYVK GMDAKAIASMFNVEHDY DSNIFHTFVNSHINILGNQI TKFIREKGSSYE	251	Proteína hipotética KgORF97 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024525.1	2e-140 (248/251)		PHA02284, proteína hipotética	PHA02284	5,61e-42
7	2991	4241	1081	MSNYKTIEEVQAVIIGVLF KDEGKIVTSKFNKITKEFG LDRIGKDDLKEIVEDIRQD AYLNELKNKAIKGKVTLG DLKDVADNQVFEGNNYH EEVSTYVVAKEKELSHLR EQRKHNRHTAYPQIMFDE LKEHMVKELQGETLVEH HGSKANINDTELIVLLSDF HIGSIVSDMTNGKYDFEV LKARLNHFINTTVKEIEDR EISNVTVYFVGDLVEHIN	416	Proteína hipotética KgORF98 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024526.1	0,0 (415/416)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14B

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas. .

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				MRDVNQAFETEFTLAEQI SKGTRLLIDILNVLSNVVS GELRFGIIGGNHDRMQGN KNQKIYNDNIAYVVLDSL LLFQEQGLLNGVDIIDNRE DIYTIRDTFGGKSIIINHGD GLKGKGNHINKFILDSHID LLITGHVHHFSVKQEDFN RMHIVASSPMGYNNYAK ELHLSKTKPSQQLLFVNK ENKDIDIKTVFLD							
8	4255	4623	1082	MDTIFIIGVAFITFATFNIV FRLFDLWTTEKKMVSQG QPPLSNFEYYHVIVPYLV GVIVITLSIIFRDSLYSAQS GFGIIITSFIYMLVYVIIGL VGSFILTIFQARKARQYQT QEDNNEVQ	122	Proteína MpbG de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89126.1	5e-62 (119/122)	Proteína MpbG de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
9	4610	4921	1083	MKFNDIYEQLIKNDTVQN IHESQDDKGNIYTIQFDKG NDKYLFNVINDGFLKEMT NGMVDHPEGQPYSVSLIN KETPSMSVKQYLTDVEDI VPTIRKMEKDFL	103	Proteína hipotética KgORF100 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024528.1	5e-53 (103/103)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
10	4985	5521	1084	MDFNFSAFDNSSLAMRIS EGVYYFNDTPYYFIEHVE EEMSEYVIVYDIHDREEK ENPQKKYRIEPYQRTIPGG TPLSNLIKSMMPQRKYPK KVTEDPIFVANVIPLGTDT VTGKTGKGFFERDKDRTI YSQKEPTKVVHGQYTGV	178	ORF075 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240973.1	1e-99 (178/178)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14C

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas. .

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				FIGLTSVKWNRTYTPLES VVEYYKRVKGDRLNV								
11	5514	6281	1085	MSNDVVKFYEKDIKDLIR TKKHMFKDDEITSDINDIR IFNEKVICQGKCRTDCLVL DRNGTVMGIEIKTERDST QRLNNQLKYYSLVCKYV YVMCHDKHVPKVEQILK RYKHNHVGIMSYISFKGK PVVGKYKDATPSPHRSPY HTMNILWKTNLMTILRLI RDPHTYRTGYSYNASGRY SGGEGNFSQTTQSKRMKK PAIINQIIHYVGVDNTYKL FTRGVIYGYNNRWEVIEE DFFNTMKNGVRVINEQRQ TK	255	Proteína hipotética KgORF101 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024529.1	6E-149 (255/255)		No se han detectado dominios putativos conservados		
12	6259	6705	1086	MSKDKPNRRKEIQHQPVN FAPMNTLTGANNSFFAKK PSEPKDATSVIEYRILFIKR FDNVTSTDVKLQKKYAL NLISEALDVKETYLSLKQ KGKKTESILHTDRVYYYH RGKKLIGKCSIREQRTFKG KHLIFIFKTRHRVKAERKD K	148	Proteína hipotética KgORF102 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024530.1	3e-80 (147/148)		No se han detectado dominios putativos conservados		
13	6705	7568	1087	MLKGFSEHVDKPTTTKTL YKTLTSGKVELLGVSYDS DYFPSGVTVQSYIEDIGNE DEGLQFVNKINVVESMKQ AVVGMNNQLGSSGLGYV RTEQLKKELEETGLMTDL	287	ORF036 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240976.1	1e-159 (283/287)		sepiapter_red, sepiapterina reductasa	TIGR01500	8,02e-03

FIG. 14D

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas. .

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LARGTNLTSTKKVDIVSTF IEPEVTYQDITIAKDIKLRL YKLEEESPLNGYTHIVYLL TTEKLYDGQTLFGMLSKK DKLSKGDTDKLLAFFRNN SLISKSVFCVKLLSKDYYF NLYNTHETGIFFLEDTDVI TIACGQSYVKVNTKDIKS SYVKIEDKTHKLTELVINL KGDDTLTILF							
14	7940	8671	1088	MARKKNLRNKNSDIKVV PDKEKESILSKLYHNKLLR SKVDNALDEDMSYDDIIE LCKEYDLELSKSAITRYKS KRKEAIENGWDLEELIDK RKKTSVKDIKEKETPILEE EQLSPFEQSKHHTQTIYDD IQVLDMIISKGAKGLEFVE TLDPALMIRAMETKDKIT GNQLKGMSFIGLRELQLK QTAQDTAMSEVLLEFIPEE KHEEVLQRLEELQNEFYK NLDLDEESRKLKEALDRV GYTI	243	Proteína hipotética KgORF103 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024531.1	6e-135 (242/243)		No se han detectado dominios putativos conservados		
15	8689	9147	1089	MADEISLNPIQDAKPIDDI VEIMTYLKDGRVLRVKQ DNQGDILVRMSPGKHKFT EVSRDLDKESFYYKRHW VLYNVSVNSLITFDVYLD EEYSETTKVKYPKDTIVE YTREDQEKDVAMIKEILT DNNGNYFYALTGETMLF	152	ORF094 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240978.1	7e-81 (148/152)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14E

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				DENKLNKVKD								
16	9212	9655	1090	MFISLNQEEKELLTKEESK YTPLETSREFNTPKEEFIV TSYNEGKPLDYIAKEAKV SMGLIYTVLNYYKVGKR NKKSPVEERIAHILKDKNL VKEIIKDYQYMNLQDIYS KYNLHKNGLYYILDLYH VERKSELKDKALEEDNIV VE	147	Proteína hipotética KgORF105 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024533.1	3e-77 (147/147)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
17	9672	10376	1091	MRNKKSFQEQLNDMRNK EKWVSEEEFTEEVAPSFEP EVEEEKLYTLNELKENLL DAQGLKDVVADFPASKD LYEPNKLYICTIPKGYQST EVQPGQYIGISTGLLSESE DFSHLRGQMPRNLYETSH VLKPLVRINNTSIEYQQHE LLEDIKEDKNVYDVELED LRLATGEEISYLEIVDSKF FESRINEVLDFYHELTDSD DLLEYYNKLRELVGNDR MIYCPLLNKCVKIID	234	Proteína hipotética KgORF106 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024534.1	2e-113 (215/234)		PHA02290, proteína hipotética	PHA02 290	2,24e-29
18	10522	10836	1092	MYHDKAKNEVSTELSNT GKIKEEKNVEFVGDYTLK KVEDNKAYFMETLPTYLP GRTGDNSIDMRYYKTSRF KEGVNFKLIRVYTEDGED NPIHKYRFEAVPTKK	104	Proteína hipotética KgORF107 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024535.1	2e-54 (104/104)		PHA02291, proteína hipotética	PHA02 291	2,86e-15
19	10983	11225	1093	MEMADLERFDAFVRLISD DELSEERILELSVDLLNPIL	80	gp ORF144 [Fago A5W de	ACB89137.1	6e-37		**No se han detectado dominios**		

FIG. 14F

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				EGGTAYRAKKRIKSKFGK LEAKNFKRNYKFLLKSIA QIDQRR		Staphylococcus]		(79/80)		putativos conservados		
20	11230	11787	1094	MTEREKLIKEIEEANRDIQ LQLKEVDNYKDSIRSKGT RNYISTKVLDSITVGFIVSF LILIIMRVLEYFVTGNAVY SPLAPAVIIMFVLALGTW KVSKMNKIVSYRGTIKMY WELSNAEQKQAKVFKYP NDEVDIVSKHNLRQITFSE INILHLKYMRYNKAVEQH TKLSKELFKKDKETVDKN K	185	Proteína hipotética KgORF108 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024536.1	1e-71 (133/135)		**No putative conserved domains have been detected**		
21	11823	11999	1095	MVIPSIKAQNKFKNELEY YKQGHISESKMLELAFDY IQELEQNNEYVTNLLEEE RYGE	58	ORF240 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240984.1	1e-24 (58/58)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
22	11989	12240	1096	MVSKFIGVYLFNLLVVAL VYTVGFLFFYGVASLVIIL THATIDPFVLATFLGIGFL VIRTAHRIMARVINDAVA QAIKDKENE	83	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
23	12233	12466	1097	MNKGEFIMDKTLPKFSVY EVIVKTVIMTPTEGSSDLE SFYFSTRELAERFVEENTV ETKNGKRVSFAVKERKV NQPG	77	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
24	12548	13192	1098	MKVSEEVKQSYLENKAN TKMDKISWSELKASPLGIT	214	Proteína MpbJ de membrana hipotética	ACB89141.1	4e-88	Proteína MpbJ de membrana	**No se han detectado dominios**		

FIG. 14G

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas. .

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LGDIIFYSVVIIDNIIAIILTL TLIGTITDSIESTLAQIIVGV FIIITIYGILSALIPILIHKAV SPGWSYTEWNESYYIRLP GEENYKYYSKWYLDLLG VKEFYYKRDSGEEVKEK NISWAFQAEVKRPEDVNH WKNQLLTNRPLTILEYKK LKKLDKESEIRKQEDLEE YKQYNSN		[Fago A5W de Staphylococcus]		(162/173)		putativos conservados		
25	13207	13455	1099	MISSFDSILLVIYIIIAFAVA MAIIYLVFKGMTILLDKL MMLLLSKTTLDVEACSMI MAVISTIVFGIIVLLIWLAV NNILL	82	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
26	13467	13643	1100	MDFNDFINSESDRVGNPK QKKKVENKLPSSIPIEDRE KKLKEIRKKSLYIDLRRKR ND	58	ORF241 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240986.1	5e-22 (55/58)		No se han detectado dominios putativos conservados		
27	13636	13932	1101	MTKETNVLYKDKYRDYT IVVRLAGNIIVTEVDKKH KTAFTPIIFDNGVEGVELV MRIGSVELSMTDLREFTK EVSTAQKALEYFNKKLYI KGLTDEAF	98	ORF152 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240987.1	1e-48 (97/98)		No se han detectado dominios putativos conservados		
28	13980	14162	1102	MLLGILWFIWGFVSYFVL MFGIEFCKDRWMPGVIGA GALLLFLFWIMKSIHNAM TVVYLY	60	Proteína MpbK de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89144.1	3e-24 (59/60)	Proteína MpbK de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14H

ES 2 825 050 T3

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
29	14175	14543	1103	MDILIIHYKETNKRVLKET IQTIQNHLNDEHGLVKMT ATKLSRENIEKRFNNYNIV IAEDDPDNSYHYSEAVEE ADFIIDIPISYLDIHAGVEW DVDNPVDMLDRNPDFIEA VNKLNEDLML	122	ORF119 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240989.1	1e-62 (119/122)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
30	14556	14903	1104	MLNEKLKNLEDTKVYMI NSIASLLSASTGKSSKVFF DEGTIKIVSGETKAVEVID NLVHPHSGRLPIKTTERIA LGRLTDSLQFVISEIEVVK DQIIDEENEAYIDFVMED WDWD	115	ORF124 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240990.1	5e-59 (114/115)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
31	14909	15181	1105	MDLLTIASVAFIAVVIIDLI NDDMSYMLTGTAILINIW AGFYGWFFLLQAGMLLF LLLARKVKDDKESILYSS ASLICALGMIINLLSFS	90	Proteína MpbI de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89147.1	8e-42 (90/90)	Proteína MbpI de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
32	15251	15556	1106	MSKETIRRQFSNAIEIMAT TKEWWNFPKSFNTSKEFK IKTFKNDTLVFEVREGSR NLGSFVIFTNIDFDYDKLE GTSTQYMINYFAKKLTKD MFNYHKLQL	101	ORF140 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240992.1	8e-51 (98/101)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
33	15571	15921	1107	MREELKPFNRKQVNVKG YLDDVKYSKRRRHKGNQ HGCVKITVTDVKINGIPID HVNIEVGISFYEKLKELQG KRIQFVGTVYKYVKHAR GRKGRIKGFYKEDYSVTL	116	ORF122 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240993.1	2e-59 (116/116)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14I

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				DKKLQKEEK								
34	15921	16523	1108	MIKRRKHLDHSLQPEKG WRTVPFNGYYEAHPTGLI RNKVTKKLIKGTQTRKNH PKWTAHEIVYLINPKKTS YSRGVVIAHTFPEMISQSR GDLKNGHVCFKDGDRSN CHVDNMFIGKGNVNKNI YKLNDSYLTRKDIEEDVN NLVNERLFSQLELLIKKNE PERITPSNHFIKRDNNVFSI TDLSKNSLVEFELEIKNIK	200	ORF065 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240994.1	2e-113 (200/200)		No se han detectado dominios putativos conservados		
35	16537	16716	1109	MNEWYALCYYDKVGKK KIPRQIKAHRDVSVLEDL KDRLEEQNPKEEYKIKTT KEFDKER	59	ORF237 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240995.1	2e-25 (57/59)		No se han detectado dominios putativos conservados		
36a	16943	17218	1110	MKLEDKVLERIDSLGNKA GNLSNQAMESLVKYQITY GIIDIVVSILVIALTIFLGKV YLKEYKKVKMDLKESLL YDDYDILSLRNSCRYTN	91	Proteína MpbM de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89152.1	1e-35 (81/87)	Proteína MpbM de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
36b	17223	17291	1111	MRLINPEVYAVKDLIEQV KGGN	22			2e-12 (22/22)		No se han detectado dominios putativos conservados		
37	17293	17586	1112	MKQRDFEFEEDFVLTYEC EDCKHFEDWGHDEEPEEC SECGSSDLINNTSHEDTEC DMCRGYIDMWQDGYRY MGDNKEYIEKEESGLICE DCYEKLDI	97	gp ORF160 [Fago A5W de Staphylocccus]	ACB89153.1	2e-48 (97/97)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14J

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos:	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
38	17603	17890	1113	MNKAVEQASNALGQGFS AMVWHQVLAGLGFILLG LVLSLLVWVLVKKFHVPF NHPTAFVVYSIMLVSIVAS FIWGGLHVINPEYYAILEL KGFIK	95	Proteína MpbL de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89154.1	2e-45 (94/95)	Proteína MpbL de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
39	17901	18017	1114	MTKEELEQKVKELEAEN KELKKQIERFEDEGGKTK DEQ	38	ORF362 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241000.1	1e-10 (38/38)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
40	18007	18273	1115	MNSRQKKILTLTVSNFLIL ALDTVALIRYKKGKIKQE NYNTGQITRMIATTANSL GILYLEEQERKEVKDIKV GTFEIGALKRFTNNK	88	ORF170 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241001.1	3e-31 (68/86)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
41	18351	18656	1116	MKGIIIFYKEETKEDLGYF LGFINFKLEGLSYTTEGTL VDNDVVVLKDNQNEDN LEQFSMSNNNLVIGILGHS SLSVRIYEKGIRQEFDRVE EYLEELRQ	101	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
42	18656	19057	1117	MIFILIFGLLFILSLLGIFIYF IVLRKKKQLIEERESFGIY NRTKEKLGDVTRLGYEED VYKLIHNQSNKTIIEDKKS KVVDTIKKMYELELTSVD VSKVEGLSPLDTEPMTNM KLLSYKLDREGLYSLSKFI	133	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
43	19068	19304	1118	MEFIDKNNVIKAYDIPNV YLKGYVLQACDKNGDTT AYDGYDQIHYKEGRVLTF	78	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14K

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				PFDKPLRKINVLSGYYKLF KKEDII								
44	19301	19828	1119	MIYFVSDLHFGHDNIREFE APTRSHWNSVEEMNEGLI ELWNNTITNNDIVYNIGD FFFNMKPSKVEDILNRLN YKEMILIAGNHDHKKLIK LYERNGITVKYADMIKKD GKRFYLSHYPTLIGRKNM FNIHGHIHSQLMGTEYHIN VGYDVEGKIAYSFDDIISR AGEYNGEIQR	175	Proteína de fago [Staphylococcus aurerus suesp. Aurerus TW20]	CBI49957.1	2e-66 (124/165)		MPP_AQ1575, Aquifex aeolicus AQ1575 y proteínas similares, dominio de metalofosfatasa	cd07390	2,83e-37
45	19809	20129	1120	MEKFKGKDLYKTRIRKQT IKNLVIKTEKLHNKHGKY RPIGHVYYYPKTKEFTLS KPEQKIFIEYMKELGFNV KHRRRKKTLIIYKNAFTE YISMYHEAIEQIEGGT	106	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
46	20129	20359	1121	MEYLFLFIGIGMIIWGFIAP YLAFVVYYKHVRENHNG FSDEESLEEATVLGMGFM FIAFIPIGILVVIEEIKILFF	76	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
47	20412	20618	1122	MKHFILILGIVILVIALGIVI LVIALGIVLPAWILQLVLS AFGVKVSIWVCIGIFILISA IGSMFSRN	68	ORF236 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241002.1	5e-20 (59/68)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
48	20633	20896	1123	MAKYESNINGENYIATPS QALREALAKLITEEKSFAE YQTKGGEQYESQLQLRHF DAMISQYEEAIRVLEDKY	87	ORF171 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241003.1	1e-41 (85/87)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14L

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				RPQIFIPKDNKEEN								
49	20899	21216	1124	MKAESIARFFNDKVLQIE GYKVRFPQASSSYILDIDT VDESVLFLDAQVSTLSGK HLLDTAITIERPETLSAKE LYTEISNKLQAIVGDQTKT TIELSRYFKEEK	105	ORF137 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241004.1	2e-51 (102/105)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
50	21217	21897	1125	VSNKTITNHLLNLKGINIE TYSIIARIKKQTSWGDKG DSFEISISYKADKDPRTVR YITTEITIDYSSNNPKEILL QLKDKIFSIVEEQVETDND FIESIKEINSTKALEKLKPY INNEYYSMFKSSIEKEIPV ALSSEVLNRCTGKTSTLA YLALEKDLPLVVSNEPMR KMLKNKFPHLRVSSAEDY SNYDIKGEIVLIDEVDIDQ LYSADKVSVDALLVGIIK N	226	ORF055 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241006.1	5e-116 (210/226)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
51	21975	22133	1126	MIPIIVILIGLILFLSSGYKL VLGKYYDDVDLKILFTIF GVGIALLLGGFIL	52	Proteína MpbN de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89160.1	3e-17 (51/52)	Proteína MpbN de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
52	22149	22373	1127	MNYEEVLRTIKENKPCKV RFTGNILAIVNEEFNADTD KGVLQLDVSNINKEGYIR LQQYCLERDDYTVVGAIL F	74	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14M

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				WEWLQP								
59	26012	26404	1134	MIIDKLNGVKLEIGGHVV SFSVSKFKTINGERQLLDY HHIKRRKQKYFRTTEEFY NEYKEIKPDKNEIDEMFES LGYVDTKLEDVVRNQEK VTEILGVSEQYLNQLSYK AIEEYVDKIVTLEIKELKG EK	130	ORF113 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241014.1	3e-63 (121/130)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
60	26406	26603	1135	MSNSWEKEGVNYWENED CPREYLEKAFIELVEYVEG VTVPSRDVQQLREDKLRE DIGFYEYVADK	65	ORF194 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241015.1	8e-26 (58/63)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
61	26668	26964	1136	MMNGKQIYVFLSDQYSK DILSLQLGLIKEWSRRELT YSDDVGSDADVVICTDIV RDDFVKKLSKNNSNALFV FISSFYWIGYKGGEFFVAV QDYVKGM	98	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
62	26968	27279	1137	MKKLLILFTLASTLLLAGC TPDNHEGKVLGTGEYREP TTYIKSGSVTVPVIGEMK YYVDLETDKGEDRVYLN REVYHKFDKGDDFSNVG KKVYKNDELIYKGD	103	Proteína hipotética KgORF113 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024541.1	2e-51 (102/103)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
63	27285	27584	1138	MKQFIHDKKDSYNSTNRN FDIQYYKGIPLQQIDRGYG QARARRFTINNTNQNIWIP MTYLKPNGTLKNNIDIDW ILVKEKCSLKKAGLVIKIK	99	Proteína hipotética KgORF114 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024542.1	2e-50 (98/99)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14P

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				ITGDVL								
64	27584	27823	1139	MYILERTIRGFAGQTEDIL PYYFKSKKEIVNFLKLME FLKEETNYWVKKNGNYTI IIRAKRILYIEEHIQKLKEW ENDL	79	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detecado dominios putativos conservados**		
65	27813	27968	1140	MTYDVYVLYKRGEPIAQ GSMEHCLDVYYWERVHG YSNKGYELLPMGYEQEE	51	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detecado dominios putativos conservados**		
66	27972	28166	1141	MINIEHDYTIRTVDNRKY TYYSKHESPVTLYKNIIGK DCIEVTKYGKDKKVIIAT KYIVSIERW	64	gp ORF179 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89172.1	5e-23 (55/64)		**No se han detecado dominios putativos conservados**		
67	28184	28537	1142	MNARKARKNTKNYKDSN VVTKEQHLTYIYNKLNYL IANNSSQGKTYVVMNLRT DYPDEFSLSKLKYLKEIKQ HYKDLVFNVKTQVRKAQ WSEKSIIRYYFNLGYIDSV LVPIIHISW	117	Proteína hipotética KgORF115 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024543.1	3e-58 (110/117)		**No se han detecado dominios putativos conservados**		
68a	28556	28744	1143	MFFKKKKLSNVEKQIRQN RNKEDKERKEHQDKLDT DMYKTYELDKIVEEHLRK LNTISLEEL	62	Proteína hipotética KgORF116 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024544.1	8e-24 (58/62)		**No se han detecado dominios putativos conservados**		
68b	28754	28942	1144	VCLGTRLVYYYSIGKDW NKQVYSLNELEYMKKKF KKLGFETQITNEDIGFQPY IYLRLLWDA	62			7e-29 (61/62)				

FIG. 14Q

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
69	29627	29788	1145	MNLTFEDKLEDLLKKVRS GEIEPIEYSQVNDEHPNGK TTCGVTFKFDIDTPTK	53	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
70	29883	30188	1146	MIILETQDYDKTLMKVIL GDINTMRPNWKYSVNHP EKEEDVHIQAYEGEDIFD DIEELSDSTQDIVIGVTED DCISESPYDFNGGLRLVTK HIKEHIEKFL	101	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
71	30200	30499	1147	MIDIYLGEGYNKEYLSKA LRLINDHAPRELSYDFNN VEADVNIHTMLYVKPEDR YVYKDISYDFPGDLIICIVE DDAIVYHQGKQVSGISILR IIEELI	99	gp ORF182 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89175.1	5e-47 (91/98)		No se han detectado dominios putativos conservados		
72	30596	30889	1148	MIEIYLSENYDKDLLKAE LKWIKETASRELTYDVNR NPNLDVHVSPFRYTKDEV KEISLHPQFEDDVCVFIAE TWIHEYHRGKSIGVDSME EYVKEM	97	gp ORF185 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89178.1	5e-39 (80/97)		No se han detectado dominios putativos conservados		
73	30892	31149	1149	MFKVYYTVYHKGSMKTI KDKLDRSSLIYFLYDTWY KDISNVFPNHYNKEFGSN SDDIDIDKLIEAVNEEGILL INRGNYVTIREW	85	ORF175 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241027.1	6e-41 (83/85)		No se han detectado dominios putativos conservados		
74	31267	31506	1150	MVTLTYTIIHKESDRVIAS GLDELEVINLVQRMVNTN LVTDISLDDYIRRPSGDID VLNLLVDIRRQGVFDFNH	79	gp ORF187 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89180.1	4e-32 (69/79)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14R

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TWHVG								
75	31517	31864	1151	MIVIYTDVSKDYLKDEFL PWLNERDRYLEDYKDELP EDIDSSYIVSVVYCKDME GLLERKDIVIGNSYNEPVA LLGVPEFFGNYSNYFYYR GESISKHDLGEIVRLKAW QRMGGD	115	Proteína hipotética KgORF118 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024546.1	1e-57 (112/115)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
76	32761	32069	1152	MKHNINNIEMFSKYYIKE NKVYSKKTNKELKKDKN NFYRMTDDINKARKVKID TLLQYNLKDYNSINNLPN EKWKRIENNINNIFNYSVS NYGRIKRHGNYYMIEKLV KPHNHKQGYKIVKINYKH HSIHRLVYEYFGNDFNQD YHIHHIDGNKQNNHINNL QCISPTEHNNLHHKDETIN NFKRGKSLTDNERKNIYK LYTEKGFTQEELSNMYNV SRITINRNIKRFK	230	ORF085 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241035.1	3e-37 (83/165)		HNHc, HNH nucleasas	*Smart* 00507	5,48e-03
										Sigma 70_r4	pfam04 545	6,44e-03
77	32902	33210	1153	MEIKEIADTIMYLFNMDG YRCAEPPLYESTLNHTRT HTALIVSIKGNYDTVQMF RKTPIMSMRGQSQPASML VNVIDDVIIIVYENVVYGV QNKEIKFIEEI	102	ORF145 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241031.1	9e-49 (94/102)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14S

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
78	33417	33704	1154	MTNKNYLYEETHTVQGQ DITAFRIPNDTNGNPRYVV HFMDLNIKLADYDNINKL YGFNKYRAKWFGGGVVF QSYNIEDTLNFALDKVKEI EAVKN	95	ORF159 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241032.1	2e-39 (78/88)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
79	33754	34026	1155	MILEIETKPVKTLKAIKDD TKNIKNSIAEHLGLNREQF KLSNGLITLKGYSEEFKC WYNLTSTIGNFPKYLKSE LYNEYKLYCNVELKTK	90	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
80	34550	34708	1156	MLKFKWKNKTIKSTQKT DNILLLIIGGLVATITPKLV NWFLLLQDNINIFLR	52	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
81	34875	35255	1157	MFKLQNKVEIIVPKEDNN GVEIADKRIKEYVNSITME AGGCTITEIKGQWYSEDE KRIMEDNNLNLEWYYIPD RAKFMTVELKGIVRRLIE VYGQEAISIKVNGTLYIVD QSDIEELHTTLLNIMK	126	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
82	35747	35968	1158	MNRLEIVKDTAMEYILM MDNSVMDGVMTQEEYN EAVSFEKVYDYTLSEANK ECKFLGGKVLTFLVHEAI EEYA	73	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
83	36049	36186	1159	MRYEIVTLVNQELFMYAT FNKQEAEAKYSEWCELY GQENVSMEKN	45	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14T

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
84	36215	36493	1160	MIILNYTKEKEMIQMKLL NQENQIVISIATLESVKQA LIWEYIDHIDYNIWNNEL DDTEAVVKISGILQSIKFA DTMEDLQEYIGDIGWKLI	92	gp ORF194 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89187.1	3e-24 (56/78)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
85	36584	36823	1161	MKKNVKASTIEWLELTQ GHGEFDGFDEEDMDFRK LDDEDIKWYFENWYFTEE KQEQIIDEIGQEEFEEAYS DDIKEYNN	79	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
86	36898	37158	1162	MTKFKLIDKNSFYVNDNY NNETYLTSQIVLSGEAGR LLDDMIEDCEDEHDKDN YKKLDTNNIDDIDYILECA NVYIYPYNKTEFKY	86	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
87	37176	37349	1163	MNTRRANKALNEAVRLL DKQIEDTQKTMQELNKQL EQQIKAKQELMTLVDVM TGDDE	57	gp ORF002 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88993.1	2e-19 (50/57)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
88	37349	37618	1164	MNIKEAHKVVRSAKSKLL QEQEHITNHIIEDYIIEELH RRTQGSGTIQMNNNTASY SNGSYGSLEELREAYDLS SLSTGEIKELLETFV	89	ORF166 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241041.1	2e-33 (71/89)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
89	37720	37971	1165	MKEQIKQFEKELEMAVN NLFVLHDCGVSQAKIEEQ NQKVVYLKAIVENMKAY EEIRVEPKSEEQFFKELEE ELEEEEKILKGI	83	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14U

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
53	22386	22586	1128	MNYRDFITDCISGGYNVH ISVTEKRVHIISEMTSASYP KKEINLDELQAYVYYMN NFGSQITTEGL	66	ORF211 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241008.1	2e-31 (66/66)		No se han detectado dominios putativos conservados		
54	22587	22877	1129	MELVINIVAVLVGMYAIY FYVTKFSTGLSGILIVLGM AIGLYFYLDYLNVRENVI RLVSVMFGAFLFSIEMIYN KIMFEIKKSNVQKTVRVY DKEQ	96	ORF155 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241009.1	7e-46 (96/96)		No se han detectado dominios putativos conservados		
55	22971	23279	1130	MYPEIDVEKLAYKLKSTR EYLESIKIKEVEIYEIYHLK TGKLVFKGEYIEVKELLR KMYKENLTLVDVDTMLSI GKGFIDVIKNISAENVFQI TYKKELSTK	102	Proteína hipotética KgORF109 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024537.1	2e-47 (99/102)		No se han detectado dominios putativos conservados		
56	23276	24184	1131	MIKIFSEVDKEYKPIITEKF PNGEINFKYDDLKYLVEE NLRFDVFFKWENDADLM HLYMFTKYLEQLGIKDKA EFLEIAYLPYSRMDRVEE GHNNMFSLKYITEFINNL NYKSVWVVEPHSPVTEEL LTNSVAIDVTLKLLNQYIE MSEEPVTIVLPDKGAYDR YLFDVERILMESNIESYSI VYGEKKRDFETGKIKGIKI IKDKNTLYDNCIILDDLTS YGGTFVGCKKALDKLKV SSVSLILTHAERAFAEGAL LSSGFKDIIVTDSMFPKNN WEKAIAKHRARINGTELQ	302	Ribosafosfato pirofosfoquinasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024538.1	2e-172 (299/302)	Ribosafosfato pirofosfoquinasa	RibP_PPkin, ribosafosfato pirofosfoquinasa	TIGR01251	8,54e-17

FIG. 14N

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				IKDIERYL								
57	24202	25671	1132	MLNPTLMCDFYKLSHRE QYPEGTEIVYSTLVPRSNK YYEHSDNIVVFGIQSLVK KYFIDMFNKEFFNRPKEE VINEYKRTVKFTLGQENP DAKHLEQLHDLGYLPIDV RALKEGTVVHPNTPVMTI ENTHSDFFWLTNYLETIIS TQTWQAMTSATLAYDMR KMLDKYAMETVGNIEAV DFQGHDFSMRGMSSLETA QLSSAGHAISFKGSDTVPV VDFLESYYNADVEKEMV VASIPATEHSVMCANGNY ETMDEYETYKRMLTEIYP TGIFSIVSDTWDFWGNMT KTLPRLKDIIMERDGKVVI RPDSGDPVKIICGDPDADT EYERKGAVEVLWDTFGG TETEKGYKVLDEHVGLIY GDSINYERAQQICEGLKE KGFASINVVLGVGSFSYQ FNTRDTHGFAIKATYAKI KNEEKLIYKNPKTDSGKR SHKGRVAVYKDGSWEDN LTLHQWLNKQNVNQLER VFEDGKLYRDQSLSEIREII KNN	489	Nicotinamidà fosforibosil transferasa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024539.1	0,0 (488/489)	Nicotinamida fosforibosil transferasa	Como PBED, similar al factor potenciador de colonia de célula pre-B (PBEF)	cd0156 9	2,88e-163
58	25750	25995	1133	MIYKISKHNYYSRFEYSSY LPDEGFAYIDYVDVILIGV DNPRKRKVITLKADEFNP SDFKVGHKYNIIKILWFEK	81	ORF178 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241013.1	5e-35 (70/81)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14O

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
90	38522	38259	1166	MKLYQVEHDNCEPYEDN YSYREDKVYTNKENLIKR IKAEGYEEKISGYLQDGY TYYYKDNIEDVPLFREDM ITIHELEVINNTSEEE	87	gp ORF004 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88995.1	5e-19 (52/83)		PRK14902, ARNr 16s metiltransfe-rasa B	PRK14902	6,40e-03
91	38955	38524	1167	MENYKNFIIEEMNKAHIL VTKAEQIKGDRKLAETEL EEVYRKAEAFDEIVNELL YQLQNLESWDTLDQKDC QTLKQILEENIKEEKQME RFKVKRIITTEEVRYIDAE TEEDAWYSVEYEDEGTD TAHFSAEYGEWSYEREDN	143	ORF103 [Fago A5W de Staphylococcus]	YP_241047.1	1e-67 (129/142)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
92	39149	38958	1168	MIEISISWTYLITFLLLWSA GTLYINYLVYRIRLTNKER KEMSKEHHRNREEIKQRI ENRRDK	63	ORF224 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241048.1	1e-26 (61/63)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
93	39394	39146	1169	MRYDINEKCYDEKDFVL QIIYENYSDETDREVETIY NKAEAWDKLCEMLKDK DMSDGHFEEEMFKLFSRT GKSFTIDKEESQ	82	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
94	39876	39394	1170	MNKTFFKFLGKNTLEYSK QGLGFLVALPIMLIIFSVFL AFIIGIPAVIIYALHALNID NDFIIQLVPVMWFIILYGI VRTDEHKKPFVKLKLKD YLLSILYLTTITAISVLESY LLFQLLPFTGDVRAVITLL SFIVFVAVNRGICKIAIKSY	160	ORF087 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241049.1	5e-81 (153/159)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14V

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KEYKEEL								
95	40300	39869	1171	MNIKYIDLVLENCDVVRL ESKDVSRFHISGITEGIDY YGTYKETSNISRTRHCTYF GILIDKPMEIPQVGFAYPD NTNAYEMITAYSDITAIDII YENDANEYIYVDFNEYND NYNINQKNDYYNNMLEIT ITESNSREEEDE	143	Proteína hipotética KgORF2 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024433.1	7e-74 (139/143)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
96	40856	40314	1172	MDKINLNKKHDGSTVVNI SNNIMLKIQCTDLRKECD DSEAPTTYTHFKAYIVYNI FIVVNDRKQKKKVKYDY YNDHVGRGNVVKDLLKVK DVIFQLSTQLNTNEIIKISG ADERRYKIYKYFIEKDIRF EDNMYYSKSNIWIINNFSL LQKFQWNTVVTKDGDYN KKELKKVDKEWKELLI	180	ORF073 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241051.1	8e-96 (177/180)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
97	41356	40868	1173	MRETSEYIMFWGKEDIYS NFYPIKFKHQGRTFNNSE QAFMWRKARYFNDFQIA GEILNAKNPNHAKSLGRK VRNFNEEQWNKVRYDIM VEVVKDKFMTTHLKQRIL DTDVRKDFVEASPYDKIW GVGLKANDPKILEQSNW KGQNLLGKVMEDVRVHC IYNK	162	Proteína hipotética KgORF4 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024435.1	2e-90 (160/162)		Fusión de Ribofla, proteína hipotética conservada, ribA/ribD fusionada	TIGR02464	2.28e-60
98	41767	41369	1174	MKKKYFKGLKLNDFEKE VFGLKKNKKYKKMKKKL	132	Proteína hipotética KgORF5	YP_024436.1	8e-69		**No se han detectado dominios**		

FIG. 14W

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GRNEPKYWNYDMSFFIQL YADLNAFVESSNHVDME YHTFVDVDGKERTQIDMI KHILSLIKYYHKEMDDFD MDKYDELEQVQSKILDNF KIVLPSLWN		[Fago K de Staphylococcus]		(130/132)		putativos conservados		
99	42471	41764	1175	MAIYVVPDIHGEYQKLLTI MDKINNERKPEETIVFLG DYVDRGKRSKDVVNYIF DLMSNDDNVVTLLGNHD DEFYNIMENVDRLSIYDIE WLSRYCIETLNSYGVSTV TLKYSSVEENLRNNYDFI KSELKKLKESDDYRKFKI LMVNCRKYYKEDKYIFSH SGGVSWKPVEEQTIDQLI WSRDFQPRKDGFTYVCG HTPTDSGEVEINGDILMC DVGAVFRNIDFPFIKLEVK K	235	Proteína de fosfatasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024437.1	5e-134 (234/235)	Fosfatasa	Familia MPP_PPP, proteínas de fosfatasas de la superfamilia de metalofosfatasa, dominio de metalofosfatasa	cd00144	6,21e-23
100	44413	42563	1176	MTKKLKLYDYENNLLKS SENIEDSIGQIVIENLNPDT TYEAGHFKICWDINGEESI KVDIPKFVTLTSSQDKLII VTYNEVEPMNIKAENIIGL QDVIDTQFNDHIKEEFMA EINKLIADNKPTQQPSTTTI SPLKDKKVIFIGDSITEVN ARTTKNYHQFIADRTGLI NVNKGTSGTGYQDRKNV AYTITDKPDLICVMLGTN DYGLVGGKTKPLGTAKE HSYTTVAGSIYYTYYQLS KVFPTVPIVVLTPTPRIESN	616	Proteína del dominio de lipasa/acetilhidrolasa [Fago SP-beta de Staphylococcus epidermidis RP62A]	AAW54968.1	2e-149 (277/503)	Hidrolasa	SNGH hidrolasa similar a 2, subfamilia de SNGH hidrolasa	cd01834	2,31e-08

FIG. 14X

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				PFKEVENGQGYTLGQLVD VIKEIAKQFSFPVLDLYRE SNIRVWDNNVNKTFFAW KEGMEDGLHPNAKGHEFI SYTIQSFLESKGTVGAIAS PPSIDTSVKDLGNGVYSK LIRPTGMRWKKDTSFVM NMSTDDIDLTANKILNVS YNGKSLINPEGYTSNSPY WYTLPAYEDGNKYNRISE VQNFLNAFITIDDNAQGL EFMRDYIKVIYVDKTKTN IVGEYTQVGYKDTTASTP PTGDTSGTTTPVSNGDGTY TATFTPTAIYWKEDQSFMI NIDKTKLDLTGKSVTKLE YNGKTLVNNTSLASNSPY WLTVPTATEGTTNNRTPE VKDFVSVLTLESTGTDGR KKYKNVEIKLTYK								
101	45043	44972	1177	GGACUCUUAGCUUAAAG GUAAAGCCAACCGCUCA UAACGGUUUGACUGUA GGUUCGAGUCCUGCAGA GUCCA					ARNt 4-Met				
102	45871	45323	1178	MEKIYILEEEIEEMDYDL WEEDTVTTSYEVLGYT DSLEDAEYIRDNYGTSNPI FINEYPYLTKEKLIEEQRY FRYNSYLELKRVNGYFEIS EINELHVTEDFSINKDDKN FDSPFSINMFSHNRNSIGIE FIMFSEYNDKEDIIEKEKN SFLMKLKYLLKHSREADI	182	Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024439.1	4e-88 (162/169)		PHA02241, proteína hipotética	PHA02241	1,20e-23

FIG. 14Y

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				RSTSKIIDSIDKLT								
103	46093	45875	1179	MKNIINFLVDYNINFSYSE DSLNVMNNSYLVDKHGT QDYEIVGNYEHITGVFSY QTEEEVIAKLKNLIGIWE	72	ORF201 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241058.1	4e-33 (71/72)		No se han detectado dominios putativos conservados		
104	46288	46094	1180	MRDKRIHSELLYDIIGKHI QEEENITPYIEAIYVDMM NIIVVEYTFYNENGTRML GQYPIGEVM	64	ORF218 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241059.1	8e-29 (64/64)		No se han detectado dominios putativos conservados		
105	47015	46278	1181	MNLEKSFLLSTIEFGSTYQ GTSDEHSDKDYMSLVVQ PLSDTIFRNNEKASKHTEV SRYYAVERFISLVLKSGFD NVLNLCAQLEQAKNTRF NKTVLDLFYDDFIFLTYV RANFKPIAYSVIGNINNIL KKGELTGKDLVKFYTFYN HLEYYNDLLDDLDNLNV SYKDFAKVKYMPKEVLD NKRSNVSIEKKKDLVNKV EPLIQEVKDKLKYNESNIK HYKDAMELVEKSLKDKT VAFLTEVYNER	245	Proteína hipotética KgORF9 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024440.1	2e-135 (243/245)		No se han detectado dominios putativos conservados		
106	47182	47078	1182	MKYILGLITLGIILFKVYE HFKYKQDEVDTEEDI	34	ORF437 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241061.1	4e-10 (34/34)		No se han detectado dominios putativos conservados		
107	47442	47194	1183	MSNMDFYQFLNHENVRV NSITPSQKNFIRENLELTN LEDTDIDFISSKKAKEEIEK IIRIKNEEEYDMAMDALA	82	gp ORF020 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89011.1	6e-40 (80/82)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14Z

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GWVTKHGY								
108	47824	47435	1184	MFKKAPQYIMEKVEKEN NILGEDLSLDIYYKGVKLT VKRHPETGHLNGYITLPS DINEKEYDSLERRAHRGIT YDDYDYEGKRVLGFDCA HAWDMTPYAIIGSLDDQY RDLEYVLSILKDMAEYVK KDE	129	Proteína hipotética KgORF10 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024441.1	2e-69 (129/129)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
109	48096	47923	1185	MEKVNHEFLAELAKSNSP VLNSKPLQDGDYNIEFDY DGFHFEFSQKNGYWQWK YNAK	57	ORF245 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241064.1	7e-25 (55/57)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
110	48619	48137	1186	MANEKEIIRMVNYLIDNM SMWHINYARAVLIPSEVE KIIKEHEKFDDLLKKRGE WLVKGSDTDNIDDLETYN QIMNNQKDEMMIQEIDIY TQGKTITIDNEHYSSDDLN EVLNKLEQSEDIKIKSNYK SLYVGYTNVVGYEVTYA SSYEETFKNDLEKDL	160	Proteína hipotética KgORF11 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024442.1	2e-85 (159/160)		PHA02243, proteina hipotética	PHA02243	2,31e-36
111	49211	48669	1187	MDRIIGKHNLTQDLRLGD KVEVYDAHKFKENEDGTI ELGDKITEGIVVDYKGDF TGNTSGLVTLDSSEKELII GEYNFKLIEEGNLQAVYD SVSKNKVESLSEDYDMYR KLLGVKSGELAGIEDELE YLVRQYNSKVDNYNGLL TLSKEKARELSLLTGNKK	180	Proteína hipotética KgORF12 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024443.1	1e-94 (177/180)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14AA

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TIPHMKNRRLELGKEADF								
112	49744	49211	1188	MVYDSHSRTMAVSILNK WIAELITDVDLDKCKFTE EEYGKVVTNSINKIQDVLI EKNYEVTDGELYDIVCTE LINPIKNNTEEEKHNEKND LLEHLEDLAFRHDIDLGY VSDGSYNLTVTHWLMQD EFTDVNIKVNNDEDFYTV TIPESKYFWLPITKENLEM FLTQDPINKGEVK	177	Proteína hipotética KgORF13 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024444.1	4e-97 (177/177)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
113	49911	49747	1189	MKNPIKLLSIAVVTILTFSL TYVILKKETNNKRNGVAP FDFSLEDHIHLNKEIK	54	Proteína MpbP de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89017.1	2e-22 (54/54)	Proteína MpbP de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
114	50192	49914	1190	MANNIWAVVLSIIILLIILLI LWTLFRKKVNGGNSKNV EIQKAEENNDNKEQEVEE AQYRELNEEEKEKNENSS KDYKYDKEKVKNKLKEL E	92	Proteína MpbR de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89018.1	2e-41 (92/92)	Proteína MpbR de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
115	51037	50192	1191	MGRRLIDNSELNVIKYDG LPDFFSALKKNRVSGRDN SSDTGSYDFTGTHSFQEA YNLMVKGDRESYDMVV KLKKMTDALFRMDKSVK RKPVVAPEGYQPHVPNAI KGLPNSMMSQQRVKAEK KVIDVFYNSSISWREDPEN LAYRGAIMLSAIQTLETK GYSINLYLGKLSNSGYED	281	Proteína hipotética KgORF14 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024445.1	8e-161 (280/281)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14BB

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KLTGFVVNIKHSYQRLNV FKSSFYLVNPSFLRRISFR VLEVEPDMVDLTNHGYG SVVSKSSYGNKLTEHILD NAVIFDSSVGIDINNDSSE NLRAVKKLFGGRL							
116	52167	51049	1192	MAKQDTIERLERLVEQQ METTADLAKKLGEKNSN PYEQAIVDAIVEKAGTESR EIIITDVKKQIEEYVEEQLS NLPVKIELQQEGKTIKDIS GIFHYRYQDILKLVNQNIP VFLKGGAGSGKNHVLEQ VAEALDLDFYFSNAITQEF KLTGFIDANGKFHETQFY KAFTKGGLFFLDEMDASI PEVLLILNSAIANKYFDFPI GRVTAHEDFRVVSAGNT MGTGADHIYVGRQQLDG ATLDRFAQVEFDYDTKVE HQLSSNEDLVNFVQQLRH ENDEKGLPYVFSMRAIIN GSKLDGVMEDEFVVESIIF KSVPKDEINQFISSLPEGN RYTEATRKLLGMQQEPK QEPRKSDSTSKDSMDFDTI MDKLGLE	372	ATPasa putativa hipotética [Fago K de Staphylococcus]	YP_024446.1	9e-110 (194/194)	ATPasa.	PHA02244, proteína similar a ATPasa	PHA02244	1,23e-175
117	52645	52319	1193	VSKRTDNFIYFCKYYFSE YLPSLGVEVLNHNETSHG TMEGVKKYYIANILYEGQ ELTVTIDLEEFNNATSMH NMLEIMNNHTYNCMFMY DMDTHETKDIDDFFKLM	108	ORF134 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241072.1	6e-56 (106/108)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14CC

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No		Valor de E
				YF									
118	53054	52638	1194	MNAKEFMKTQAQVEDYL DKLKVTIIEDALSVSKEWS NDSNDLGYALSSLGESIGL LENYYNIQVDAHLPEHYK GSKDVISFLEEHFSYDGFV DSMIFNIVKYTTRLGRKD AVDKEVQKIKTYYVRLER NIKYGDSTRV	138	Proteína hipotética KgORF16 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024447.1	7e-74 (137/138)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
119	53488	53186	1195	MEKVELIKQWAKDRNLQ TGKPEGQMLKLLEEAGEL ASGIAKSNDHVTRDSVGD IFVVLTVLCLQLDIDIEECI DMAYDEIKDRKGKLINGV FVKEEDLKK	100	Proteína hipotética KgORF17 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024448.1	9e-50 (100/100)	Pirofosfohidrolasa	MazG	pfam03819		7,10e-03
120	53676	53488	1196	MEKFQEDYVNIDIRVKAY VRVGYRYEEDITNNLHEL VEDNLNVTSDSDSLIIKDT EIKGDIE	62	ORF228 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241075.1	5e-26 (61/62)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
121	53881	53720	1197	MVKPVITLEPEDVKVLLD YLSFLEDDMRNYEGMRE LYEELHKKYQLAKGNYS D	53	ORF259 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241076.1	4e-22 (53/53)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
122	55932	53881	1198	MAITYKQKGLTEQEIINLP KVNKGCIYIGEEDVFLKK KKNNIINLGSKELFRDIHN IFSFDTATEIHLFLALCGN KEVTNFTGNPYETIEKLVE GVIEENKGRSYKEYIASSR EERKEFPLYGSKRITQIKS	683	Proteína hipotética KgORF18 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024449.1	0,0 (591/683)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			

FIG. 14DD

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KGYVEEKIKELENETRLR WYESRQLDEYKEVVDSL NNDIMDILYQGKYGLIKS SITSRLNEDTEKGSSKYYK EISDSLYSSTWYMHPSTE NSSSFGLKVRHIRDKYNM GNRWVLENKSSFDVKTG EVKVFLTDSLVNKEITLNL YKDDISKSEYKNELNLAV LLNVILKNYSTPNLSKNVI IKIIEETLRNDGFGLSSWC LDEVDVYGRVNYGGNKY KPLKGENSTSNYLTILTDI VKNIDKINNLEEFELFERN SLLFHIPKNPKWKIHEAFN LTKQTYKKLLTLNNFEQS NYLRFSDTLYNYYNHLH NEVNLHQLFDDTFLMVQ DVRNVTDALKVKPIVNEI LSISFANYKKMTHYLDVD AQDRQRITGYALDSYYLD YLHDLSILREGYRTLESV NLTPFSLKLEHDIVTDEKQ SIQQQLDDAELKSKYENK LEKIIDKTYKLKDGRKVK FLPADTVSKLKNEGKMLS HCVGGYANRIIKNSCLILL ARLEEDLDNSWFTVEIRIT DNGYVLGQQQSIDAYKLP NELKEALEKDIKKINKEEF KEVA							
123	56273	56010	1199	MSIEKKEEVVAHNEVVFK SLTQGLYVKEVDIYSDVIS YTKDIDEALAMPNTINFK NSRKYEKLIRNLDLKPLN	87	gp ORF038 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89029.1	5e-39 (79/87)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14EE

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				KIQKVIYETHLEEL									
124	56465	56292	1200	LNDLIKEGNKYYHKVRA GETLWTISKNYGVDIKKL QELNNIKSVTLTSLEYVLV CVE	57	gp ORF039 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89030.1	1e-21 (52/57)	Proteína de unión a peptidoglicano	LysM	pfam01476	8,09e-07	
125	57050	56472	1201	MDNLSHYLSILYAILVTV GYIPGLIALVKSDSVKGVS SYFWYLIVATVGISFYNLL ITDATMFQVVSVGVNLTL GIVCLLVASYRKKDYFSIP FIIVFSVLLFLLSDFTALTQ TIATITIILAYVTQITTFYK TKSAEGTNRFLFLIIGLGL ASLILSMVLSHTYVHIIAT EFVNFVLILICYLQANYYS RR	192	gp ORF040 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89031.1	5e-92 (177/192)		PHA02246, proteína hipotética	PHA02246	2,51e-33	
126	57636	57043	1202	MVNYTKDKVCYMGGHL LNQAMVEYRTKQHEQVE GIVGVTPYSPHQDKSIND KANAEQTGLAERILNNDF KAMQESDIFVFDILNEGL GTIAELGILLGMKHQAQK IIDKYEDIDFRDLEPLTQY DILEAYNIVNKPVLIYCSD IRQGHGKGYDDPDRAEFS TNQFIYGCVLSLTNGEGFI SWEEVLKRLEKLGGQDG	197	Proteína hipotética KgORF20 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024451.1	8e-79 (153/210)		No se han detectado dominios putativos conservados			
127	58522	57629	1203	MKSYTKVKNKGLSLDKF KDRGFVVQEKLDGSNASF TTENGELVCFSRRKKLNE NETLNGFYNWVHENMTD	297	ADN ligasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024452.1	8e-134 (237/298)	ADN ligasa	ARN lig RNL2, ARN ligasa, familia Rnl2	TIGR02307	1,21e-07	

FIG. 14FF

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KLDLSILEGIIIFGEWLVKH KVNYKEECYNNFYVFDV YDKDSETYLPYSEVISLSE TLGLKTVKTLMIIEPSFYL NKLNPQEIQDLVGKSDMT VKPNTGEGIVIKYLDGKS EHDDYFKLVSKEFKEFSR KKMKSEVRSNDSVADYAI TKSRMEKMIFRAIEENRLS KDDLELENFGLIMKQVGQ NFVDDIMEEEKENMMKII EKQIKKKMPHILRGILEEK GDTIDG								
128	58750	58526	1204	MNYLAKVFINNNWLVKLI TIVLLTLLLGGLVYVISAV ALFLSTVLNLPGLVVLAF LASVSLILFSIVHNSKEDN	74	**No se encontró una similitud significativa.**				**No se han detectado dominios putativos conservados**		
129	59558	58818	1205	MAIQLKELDFKLKDYPNV RYNMGEHLVFNEFLEKAT TEQLDFCEDFFNDNVEIL WNESQAGTGKTMCSVAC AYADYLNKDRKLVFIISP VSEDLGSRPGNQTEKEMA YFMGLHDALIELNMNPEQ QITEMLMMEDNVKEDKL GDCWVSQISHLFLRGGNL RDSTIIINEAQNFKRSELK KVLTRVHTKNSTVIVEGN FKQIDLKNESKSGFGDYM EYFKKYDGAVFHNFTVNF RSKLAQYADNFKW	246	Proteína relacionada a PhoH putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024453.1	4e-142 (242/246)	ATPasa	Proteína similar a PhoH	pfam02562	3,99e-21

FIG. 14GG

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
130	60224	59610	1206	MKKINSVIKGEGKKVQTT DVRKISYYVKDYNPCMT VDDANDYNSTSQYLVSD NGKFIAKYNKDMNAVGF YEESGDTVKHLTHTTPER LEGTVFTIEEETKIDLINDT LPQGDILIKFSDGSIYLPDN ESVLDSVNYLADNDWDS VDDIIYTGLSKGNSENCIV DFNYNNYDIGYDDVEDEE VCDNYPECECSNYCSSTG EYIGN	204	Proteína hipotética KgORF23 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024454.1	3e-111 (200/204)		PHA02248, proteína hipotética	PHA02248	2,68e-96
131	60665	60240	1207	MQDSVNIYTDGSSSYNKG KVGSGAVLVSKEGNIIAEI SKSVDKPGLIKYNNVAGE ILACCYGIEEAIKLGYNQA IVYIDYIGLIHWYEGTWSA RNILSKTYINMIREYQKVI DINFVKVKSHSNDKWND YADNLAKKSIDI	141	Ribonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024455.1	1e-73 (140/141)	Ribonucleasa	RNasa_HI_bacteria_HBD	cd09277	8,50e-30
132	60846	60655	1208	MKKGVFTVIADGFKFNVI AKDKKEVQEHCFKCFDF NYISVSFCREVYSDCEFPQ FMEDYKYAG	63	ORF222 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241086.1	2e-28 (63/63)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
133	61510	60869	1209	MENNNLVNFLMTTDDID DTIEMVDSFELQDINKVL GEDTFLTIMEITDSLPDNQ YKIVLLSSLDKLLNTDRK ELVEYDEEFPTIRKHNVSE LKRDTVNSVIDSYMNTNV EILYTEYPTISNYSVVVDS VKVLNTLYLIESKNGKIEA	213	Proteína hipotética KgORF25 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024456.1	7e-113 (213/213)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14HH

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TLSEDGEDLHEYISEEGYS VTDILNKFDDVEDLFDED DSLINFFSDIDEGKNKTIKS FIELVINLK								
134	61730	61500	1210	MDEKKESKPLNLQKIRVE KGHTLRSLASEIGVHYSLI SYWEYGKKKPRSANLMR LEKALNTPGKELFKELEE DDGE	76	ORF187 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241088.1	6e-36 (76/76)	Proteína de unión a ADN	HTH_XRE, proteínas similares a la familia XRE hélice-giro-hélice	cd00093	9,43e-07
135	61960	61733	1211	MNKFKRWFRINVLKKKETL LFKVYWRYESPSLKKPHV FHIELYAKSKAEARDKSH EYILKNAKASEDFKFLKV EEK	75	ORF190 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241089.1	2e-33 (73/75)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
136	62778	62071	1212	MKKTIFATLALGTAITFGG MATNEASADEIDYNKLAE QAKSNSVEVNTKPIQEGN YDFSFSDGEFTYHFYNYN GNFGYEYHSGSTQVDNT VSRLAGEEQTPEQKVDQQ QAQFDTQNKAVEQPKQE TTTQEAPKSVEAPKVETK TTATKSTGGSVAEQIRQA GGDEAMIEIAMRESTLNP NAVNPTSGAQGLFQGLG KSWSGGSIAEQTKGAKQY MIDRYGSTSGALNFHNAN GNY	235	Proteína hipotética KgORF26 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024457.1	3e-110 (201/235)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
137	63768	62974	1213	MRKSVVISGVIGFLAIIGFI ILLMCITKIPQGHVGVVYS VNGVKEDTKSPGWHLTA	264	Proteína MpbS de membrana hipotética [Fago A5W de	ACB89042.1	1e-137 (237/261)	Proteína MpbS de membrana	Dominio C de banda_7_Hfl de proteínas	cd03405	3,25e-11

FIG. 14II

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				PFDKVNKYPTKTQTHKY KDLNVATSDGKNLQMDI DVSYKVDATKAVDLFNR FGSADIEELEKGYLRSRV QDNVRQSVSKYSVIDAFG VKTGQIKKDTLDSLNDNL EKQGFVIEDIALSSPKADK NTQKAIDERVKANQELER TKVDKQIAEENAKKKEVE AKGEKKANDIRSESLTDE VLQQQLIEKWDGKQPIQI GGDGTIVDVTGK		Staphylococcus]				similares a flotilina (reggie)		
138	64077	63769	1214	MALFLTYFAIFIVFLVLVG FGMSYVFDFLSMREKKSN IRKQYRELVRQGTLEEYG LEQYVKYKKQFLNDRRQ SLVTKADKQEIDKEEKAL NSLIKEIEKGEM	102	Proteína hipotética KgORF29 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024460.1	3e-47 (94/102)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
139	64810	64190	1215	MENIIGKKIEKLFVEEYVG SDKIKGKLYLCLCDCGMD RVLSKSQLYYYKSCGCM KSRNGSKKHPEYTVWRK MKERCYNKNQDSYPYYG GRGIEVCDRWKNSFESFL YDMGKRPSDKYQLDRKD NDGNYSPENCRWTTRSEN IVNRPSKLEGLKNIQERTN GKYRVSITRNNIRYQSYQ VDSIKEAINLRDRMLKEY EETKSITIFK	206	Proteína hipotética KgORF27 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024458.1	3e-34 (88/211)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
140	66363	64873	1216	MAKTQAEINKRLDAYAK GTVDSPYRVKKATSYDPS	496	Lisina putativa [Fago K de	YP_024461.1	0,0	Endolisina	PGRP, proteínas de	cd0658	3,07e-

FIG. 14JJ

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				FGVMEAGAIDADGYYHA QCQDLITDYVLWLTDNK VRTWGNAKDQIKQSYGT GFKIHENKPSTVPKKGWI AVFTSGSYEQWGHIGIVY DGGNTSTFTILEQNWNGY ANKKPTKRVDNYYGLTH FIEIPVKAGTTVKKETAKK SASKTPAPKKKATLKVSK NHINYTMDKRGKKPEGM VIHNDAGRSSGQQYENSL ANAGYARYANGIAHYYG SEGYVWEAIDAKNQIAW HTGDGTGANSGNFRFAGI EVCQSMSASDAQFLKNEQ AVFQFTAEKFKEWGLTPN RKTVRLHMEFVPTACPHR SMVLHTGFNPVTQGRPSQ AIMNKLKDYFIKQIKNYM DKGTSSSTVVKDGKTSSA STPATRPVTGSWKKNQY GTWYKPENATFVNGNQPI VTRIGSPFLNAPVGGNLPA GATIVYDEVCIQAGHIWIG YNAYNGNRVYCPVRTCQ GVPPSHVPGVAWGVFKG		Staphylococcus]		(492/495)		reconocimiento de peptidoglicano (PGRP)	3	10
										Dominio CHAP	pfam05257	1,42e-15
										Dominio SH3 bacteriano	pfam08460	6,49e-14
141	66866	66363	1217	MANETKQPKVVGGINLST RTKSKTFWVAIISAVALFA NQITGAFGLDYSAQIEQG VNIVGSILTLLAGLGIIVD NNTKGLKDSDIVQTDYLK PRDSKDPNEFVQWQANA NNASTFEIDSYENNAEPDT DDSDEVPAIEDEIDGGSAP SQDEEDTEEHGKVFAEEE	167	Holina putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024463.1	6e-90 (165/167)	Holina	Holina 1 de fago	pfam04531	1,53e-25

FIG. 14KK

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				VK								
142	67136	66951	1218	MASAKQLYYTESLVGKAI INNKVSNKEEVWDKLELL PETKLEDLDNKQMSEVIK KLNQINE	61	ORF233 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241098.1	1e-25 (61/61)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
143	67369	67298	1219	ACACCCUUAGUAUAAUU AGUAGUACAAGGGUCUC CAAAACCCUUAGUCUUU GUGCAAAUCAAAGAGG GUGUG					ARNt3-Trp			
144	67448	67376	1220	GGUUUCUUAGCUCAGAU GGUAGAGCACUAGAUU GAAGCUCUAGGUGUCAU UGGUUCAAAUCCAAUAG AAACCA					ARNt2-Phe			
145	67528	67455	1221	GGCUCAUUGGUGUAACU GGUUAACACACUGCCCU GUCACGGCAGAGAGUAC GAGUUCGAGUCUCGUAU GGGUCG					ARNt1-Asp			
146	68901	68683	1222	MKRQKMFYSSLICKECGN VFKVPRKRANKREEGHIK DIYCIKCCKTTKHIEDNRS EAERRWDAIQEELTKDN	72	ORF200 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241099.1	1e-34 (72/72)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
147	69593	69384	1223	MSKHIEITMSSGAKYFLVS TDEKSYNRQDIDYMLRG MDETSIKVYTESAITSPQV YINPNRIESFKIVF	69	ORF207 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241100.1	1e-32 (69/69)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14LL

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
148	69939	69606	1224	LDKEINNLVSQVETIKSKI QEGNYIDRGTFKDLEVEV AELRKMIVSIDKDVAVNS EKQSAIYVQLERLDEKISE LAESTKTKDTKKKDTTEK VLLLVLGAILSFVFNKFA	110	ORF209 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241101.1	5e-53 (108/110)		PHA02414, proteína hipotética	PHA02414	8.04e-30
149	70277	69951	1225	LTKYKDILKLEFKDSLAH FKRDRRFFHMYRIDRLLIN GSIIYFDYYYLPSDDPNIVI KELDLQDFGKLRFEIDTK TSYGKVVTDNYMEIINDF LENYDIHSESETVRP	108	Proteína MpbC de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89047.1	6e-51 (100/108)	Proteína MpbC de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
150	70717	71103	1226	LNNNIAIFIFKTLVIIIFLLL FLSVVNSLSLIYSIRPSVV MAYFTFGGIVSDVALTMT DKFLLKKEDPLPEYVLKK VEINDKEISIIKKIIESNYDI TSEEIKVRAKAQQRLEED SKEEDNDENEERN	128	Proteína MpbD de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89048.1	7e-42 (112/128)	Proteína MpbD de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
151	71081	71359	1227	MKTKKEIKEQRKELKDG ATTVSLVKKGDKRIASPS RICSLCGQQLSGMSYTKG KALSKVNHFHLQYSKYIY FDICADINNCYKNLRKRG EMD	92	ORF161 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241104.1	3e-46 (90/92)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
152	71356	71766	1228	LSAENIRDIINKKKLEEED TRKYIADGFMNGIGKLMY EFNKKVDNKEIEVKDPND LYKLFVIFSQMQNMVNET SEGGAIPQLSRPQQELFEEI TTEDSNGESTVDLQKISE	136	ORF133 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241105.1	2e-69 (132/136)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14MM

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				MSAEDITEMISEKEKVMN EENSKTF								
153a	71782	72021	1229	MDGKELIKIAQETFQTEKI TREQIDHIINMLNPSTYML KYHTLRGHPITFSIPNRDR SKAQAHRPWQVRKHTMR TINLF	79	Proteína hipotética KgORF35 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024465.1	5e-34 (68/69)	Subunidad grande de terminasa	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
153b	72255	72398	1230	MIVNDTHPNKAVIKSRQL GLSEMGVMEMVHFADM HSYANAKCLYTFN	47			2e-19(45/45)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
154*	72647	73558	1231	MGKKLTNTEFLNRVFQLV SDEYSFLEEYKGRHTKLR CKHNLCSYEWDVEPGAF LGNKNKAGSRCPSCYGN VTKTTDKFKKEIYNLTKD EYRLLSEYTNAKTKVKIK HSKCGNTFSMTPNTFINGS RCPECNPQKPYNTDSAKD RINKETNGTFELVSEYKG CYELMKLKHHECGNIVEI NMQSIDSNRLNCPYCYNR SRGELLVSSFLLSKNIPFE VQKRFDGFKKYPYDFYIA DYNTVIEYHGEQHYKPIK FYGGEDRLVRQKNIDLKK KNFVEGKGINYLEIPYTLN NQNKVNEFLINYFK	303	ORF031 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238727.1	5e-49 (119/307)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
153c	73663	75123	1232	MKKFVQSRLNPVLEKEYF RDIVDWDKDSLGFKKIRN SSLFFRTSSKASTVEGVDI DYLSLDEYDRVNLLAESS	486	Proteína hipotética KgORF35 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024465.1	0,0 (486/486)	Subunidad grande de terminasa	Terminasa_GpA	pfam05876	5,63e-17

FIG. 14NN

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				ALESMSSSPFKIVRRWSTP SVPGMGIIHKLYQQSDQW YYGHRCQHCDYLNEMSY NDYNPDNLEESGNMLCV NPEGVDEQAKTVQNGSY QFVCQKCGKPLDRWYNG EWHCKYPERTKGNKGVR GYLITQMNAVWISADELK EKEMNTESKQAFYNYILG YPFEDVKLRVNEEDVYG NKSPIAETQLMKRDRYSH IAIGIDWGNTHWITVHGM LPNGKVDLIRLFSVKKMT RPDLVEADLEKIIWEISKY DPDIIIADNGDSGNNVLKL INHFGKDKVFGCTYKSSP KSTGQLRPEFNENNNRVT VDKLMQNKRYVQALKTK DISVYSTVDDDLKTFLKH WQNVVIMDEEDEKTGEM YQVIKRKGDDHYAQASV YAYIGLTRIKELLKEGNGT SFGSTFVSTDYNQEGNKQ FYFDE							
155	75116	75937	1233	MNRGEIDLTDKLFYGTIS NEEINKSVLNLLLGEELSL DYVSKNSDTLDVKYEHV YKSLGFDNFFDCFLYANR EPEIVHKGGDKNLGGLNK VKRTVIRNGKEMEMTVY EDGNKENDSKEKQEGKE EVSRSAVGARAISNGEEG KVNPKKVANSLSSLSKKG VDVSHINTNLSLYKEFVD DNGDTLGITSFKRTENDII	273	Proteína hipotética KgORF36 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024466.1	2e-150 (270/273)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 1400

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LESYASSPDSDGVGARAI MELLRLSIKENKNAVVYD IELPEAVEYLKTLGFKPNK DGYILRKKDVKQFLGDYS DFI								
156	75915	76097	1234	VIIVILFSTIVTYSIVFILYIV LKTIYIKSNMSRIDNTTEL LKILQEDIEGKIKKEGRNK	60	ORF235 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240894.1	4e-23 (56/60)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
157	76094	76573	1235	MTLEENKLTLEESITPLSK EEKEDSIKEFSSLLCEMVN RLYKSYNVFRQDPMDET QRLDGSLMVFQSRLNDPL TGDLHDKMYKLAFSKRID IFEANKQFRKDVEAGKAI ELGDVAIIDTALSNILSGN EFQGSISFMLRKDFEEKER IRKEEEEKLNNL	159	Proteína hipotética **KgORF37** [Fago K de Staphylococcus]	YP_024467.1	6e-86 (159/159)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
158	76615	77826	1236	LKKKPQGNEVIITITVMIA VFVVIMTIFFNKYQDAKE DKDRYQRLVEIYKKADD NDGETKKKYVKRLNKAE EELKKVKKETNYKDYNK KSSKERQKEDKETREKIY DVTGDDDLILVKNNIDFS DKVDKPEILISEDGIGTITV PVDSGYEKQTVGSIITSVL GSPFLSPGSNSIDGLSVIND NVYPNTVDSIVEDTKPSIN LPMDNPIITNPVEPTIPSDT IPPIDNPSVPVFPENPVDN NQGNTDNPNPPPPGYTDE DGGRGSGGGGGNSEPPSTE	403	Proteína MpbF de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89054.1	2e-163 (375/403)	Proteína MpbF de membrana	**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14PP

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				EPSDNCNTGGGDWEEKP DPGEEPSDNGNTGGNGGE VTPEPDPTPSEPEQPNENS DEGNEEKPSEPSDNPDEN GGWETEPTEPESPSEPDD KVDEEDKNEDTTDDKQP TEQPDDNNIDNEDKTEEE							
159	77969	78253	1237	MIFVHSKFSSKNVFVLYVI YAIIGIGTYIVLTMFQTTS VLIKNDVIDSIENTEHYIGF NDPIIIFTISFIGAILGGIWY KMMKIIKKSNFKDKK	94	Proteína MpbE de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89055.1	2e-45 (94/94)	Proteína MpbE de membrana	PHA02256, proteína hipotética	PHA02256	8.96e-22
160	78262	78642	1238	VNRLIFSKDKKWDEAKDF IKGQGMQDNWIEIVDYYR QIGGKHVAVFIALNKVKY MILEATKDNKVILVDKDN NILLEDYDIVMESKKMFY YIEEPFEVKINIPQHIRDVT YNNTVVLTTVRGSRGD	126	Proteína hipotética KgORF40 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024470.1	2e-64 (122/123)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
161	78646	80346	1239	LADLFKQFRLGKDYGNNS TIAQVPIDEGLQANIKKIE QDNKEYQDLTKSLYGQQ QAYAEPFIEMMDTNPEFR DKRSYMKNEHNLHIDVLK KFGNNPILNAIILTRSNQV AMYCQPARYSEKGLGFE VRLRDLDAEPGRKEKEE MKRIEDFIVNTGKDKDVD RDSFQTFCKKIVRDTYIYD QVNFEKVFNKNNKTRLE KFIAVDPSTIFYATDKKGK IIKGGKRFVQVVDKRVVA	566	Portal-Proteína putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024471.1	0,0 (555/566)	Portal-Proteína	Portal 1 de fago	pfam04860	1,00e-13

FIG. 14QQ

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SFTSRELAMGIRNPRTELS SSGYGLSEVEIAMKEFIAY NNTESFNDRFFSHGGTTR GILQIRSDQQQSQHALENF KREWKSSLSGINGSWQIP VVMADDIKFVNMTPTAN DMQFEKWLNYLINIISAL YGIDPAEIGFPNRGGATGS KGGSTLNEADPGKKQQQ SQNKGLQPLLRFIEDLVN RHIISEYGDKYTFQFVGG DTKSATDKLNILKLETQIF KTVNEAREEQGKKPIEGG DIILDASFLQGTAQLQQD KQYNDGKQKERLQMMM SLLEGDNDDSEEGQSADS SNDDKSNPEVGTDSQIKG DSNVYRTETSNKGQGKK GEKSSDFKH							
162	80364	81518	1240	MSVIYKDNNWIDLTNVPY LQKGDSGYRKDIPRKNW KKCLNTEVSFSYKGKKGL FYVTYRKEDKGKVKVEY DKYVKIIDPHDLKTLNINK IVNPPNKAKYREQEVING DTVRNIRKVKNTGIVYTM LCSEYEEEYDIRESDLLRG RGSPYKSGRKVCYNNSLY SVENLREYICDLEYAKTV TKFSHKDIKCKCPICSEEK VMKVNKLVNNGFSCHRC SSTITYPERLMIGLLELNN LNYEYQKVFKDLPNRKFD FYLPKLNMVIETHGLQHY RELNGYMNHEKTKESDL	384	Proteína de fágo conservada [Fago CNPH82 de Staphylococcus]	YP_950629.1	6e-53 (133/332)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14RR

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				EKYNYCKNNNIDYIEIDCS YSDLSFILSNVENSKLNSIL KNKNYDNLSNYIIRSKND DVKYNTYLDYCKGLSKKE LKDKYNKTSYYINRSIEIF KH								
163	81712	82485	1241	LEEIKFNAFVPMDLKKSV STASDTNEYSIVSGWASTP SMDLQNDIVNPKGIDIEYF KSQGTNYEHQSDKVVGI PTENCYVDIEKGLFIEAKL WKNDENVVKMLDLAEKL EKSGSGRRLGFSIEGAVK KRNINDNRVIDEVMITGV ALVKNPANPEATWESFM KSFLTGHGTSPDTQVDAG ALRKEEIASSITNLAYVTK IKDLKEFNDVWNGVVED LSKSNSMGYEESVLTLQL AKGLSRKDAELAVMDIN KQKLE	257	Proteína hipotética KgORF42 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024472.1	1e-146 (256/257)	Proteasa de procabeza	Peptidasa_ U35	pfam04 586	8.72e-05
164	82504	83460	1242	MSKEMQNILEEYDKLNA QEAVSKSVEDDEKNTVES TEEQVAETTEEPAKEPEK VSEEDAKEAQEQGEKVES EEVAEDNEDEEVEKSAKE SKDPVDQKDTKTENKDN EKRKNKKDKKEDSDSDD EDKDTDDDKDKKEDKKE KTSKSISDEDITTVFKSILT SFENLNKEKENFATKEDL SEVSKSINELSAKISEIQAE DVSKSVDTDEEAVEKSVT STNGEQEKVEGYVSKSVD	318	ORF029 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240902.1	9e-170 (317/318)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			

FIG. 14SS

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TEEQAETGEAKSEEAEEV QEDNTFKGLSQEERTKFM DSYKAQAKDPRASKHDL QSAYQSYLNINTDPTNAS EKDIKTVKDFAQI							
165	83376	84967	1243	MTIEKNLSDVQQKYADQF QEDVVKSFQTGYGITPDT QIDAGALRREILDDQITML TWTNEDLIFYRDISRRPAQ STVVKYDQYLRHGNVGH SRFVKEIGVAPVSDPNIRQ KTVSMKYVSDTKNMSIAS GLVNNIADPSQILTEDAIA VVAKTIEWASFYGDASLT SEVEGEGLEFDGLAKLID KNNVINAKGNQLTEKHL NEAAVRGKGFGTATDAY MPIGVHADFVNSILGRQM QLMQDNSGNVNTGYSVN GFYSSRGFIKLHGSTVME NELILDESLQPLPNAPQPA KVTATVETKQKGAFENEE DRAGLSYKVVVNSDDAQ SAPSEEVTATVSNVDDGV KLSISVNAMYQQQPQFVS IYRQGKETGMTFLIKRVP VKDAQEDGTIVFVDKNET LPETADVFVGEMSPQVVH LFELLPMMKLPLAQINASI TFAVLWYGALALRAPKK WARIKNVRYIAV	463	Proteína de cápside putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024474.1	0,0 (462/463)	Proteína de cápside	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
166	85059	85355	1244	MLYYKKLLDKKMATVY GTVEIDKDGVVKGLTKEQ EKEFANVPGFEFEEEKKT	98	ORF151 [Fago ϕ1 de Staphylococcus]	YP_240904.1	9e-46		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14TT

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TRKQSASTSKEEEPKEEEK KASTRKTTSTTRKSTARK TTAKKDENK				(97/98)				
167	85368	86276	1245	MVNSMFGGDLDPYEKSL NYEYPYHPSGNPKHIDVS EIDNLTLADYGWSPDAVK AYMFGIIVQNPDTGQPMG DEFYNHILERAVGKAERA LDISILPDTQHEMRDYHET EFNSYMFVHAYRKPILQV ENLQLQFNGRPIYKYPAN WWKVEHLAGHVQLFPTA LMQTGQSMSYDAVFNGY PQLAGVYPPSGATFAPQM IRLEYVSGMLPRKKAGRN KPWEMPPELEQLVIKYAL KEIYQVWGNLIIGAGIAN KTLEVDGITETIGTTQSAM YGGASAQILQINEDIKELL DGLRAYFGYNMIGL	302	Proteína hipotética KgORF45 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024475.1	3e-117 (301/302)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
168	86290	87168	1246	MEKPYMIGANSNPNVINK STTYTTTTQADEQDKPKY TTRLEFDTIDMIRFINDRGI KVLWEEAYFCPCLNPDTG HPRVDCPRCHGKGIAYLP PKETIMAIQSQEKGTNQL DIGILDTGTAIGTTQLEKRI SYRDRFTVPEVLMPQQMI YFVNKDRIKKGIPLYYDV KEVTYIATQDGTVYEEDY EIKNNRLYLNEKYENHTV TLKILMTLRYVVSDILKES RYQYTKFNQPKSKFENLP QKLLLKREDVIYLQDPYK	292	Proteína de cápside [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87113.1	1e-170 (291/292)	Proteína de cápside	**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14UU

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				VNDGIEEDLEIQVDDPKA SASNPSNLGGFFGGAFK									
169	87168	87788	1247	MPVHGKRPNLFKNKNYK QVGKRTIDGMRSEVLDKL QATAQQVENTSIKRMPTY LQITEKKLEKEGVVDLKK AFAHSSKKKTSKDGGWY LTVPIRIKTSRMNNSTYQD MRTLKVDKGTGSVSKITD YLEGRRKNVSHPSMKPEP MTHNMTKVKRGKQSSYF IFRTVSSKSPASSWILNRD KVNEDNFSKTTLKTVKQL MNWKMKNLN	206	Proteína hipotética KgORF47 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024477.1	1e-116 (206/206)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
170	87807	88643	1248	MAITSVDSYLLSEIKPRLN TVLENCYIIDEVLKDFDY QTRESFKEAFCGKNAQHE VTVGFNFPKFKNNYEAHY LIQLGQGQETKNSLGSIQS SYFEATGDTLVESSTAIRE DDKLVFTVSKPIGELIKVE DIEFAKYDNLQVEGNKVS FKYQTNEDYENYNANIIF TEKKNDSKGLVKGFTVEE QVTVVGLSFNVDVARCL DAVLKMILISMRDSIEEQQ TFQLQNLSFGDIAPIIEDG DSMIFGRPTIIKYTSSLDLD YTITQDINKLTFKERKDW K	278	Proteína hipotética KgORF48 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024478.1	4e-160 (278/278)		Crotono-betainil-CoA: carnitina CoA transferasa	PRK03525	8,14e-03
171	88645	88860	1249	MARKKTPENNTPKFNGY VHIDTFLDTAKTLFNMKD	71	ORF202 [Fago G1 de	YP_240909.1	2e-34		**No se han detectado dominios putativos conservados**			

FIG. 14VV

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SQVAGFKAYMEGSHYLFS EQEFLPSLEKYLGRKLDI		Staphylococcus]		(70/71)				
172	88887	90650	1250	MAVEPFRRPITRPHASIE VDTSGIGGSAGSSEKVFCL IGQAEGGEPNTVYELRNY AQAKRLFRSGELLDAIEL AWGSNPNYTAGKILAMRI EDAKPASAEIGGLKVTSKI YGNVANNIQVGLEKNTLS DSLRLRVIFQDDRFNEVY DNIGNIFTIKYKGEEANAT FSVEHDEETQKASRLVLK VGDQEVKSYDLTGGAYD YTNAIITDINQLPDFEAKL SPFGDKNLESSKLDKIENA NIKDKAVYVKAVFGDLE KQTAYNGIVSFEQLNAEG EVPSNVEVEAGEESATVT ATSPIKTIEPFELTKLTGGT NGEPPATWADKLDKFAH EGGYYTVPLSSKQSVHAE VASFVKERSDAGEPMRAI VGGGFNESKEQLFGRQAS LSNPRVSLVANSGTFVMD DGRKNHVPAYMVAVALG GLASGLEIGESITFKPLRVS SLDQIYESIDLDELNENGII SIEFVRNRTNTFFRIVDDV TTFNDKSDPVKAEMAVG EANDFLVSELKVQLEDQF IGTRTINTSASIIKDFIQSYL GRKKRDNEIQDFPAEDVQ VIVEGNEARISMTVYPIRS FKKISVSLVYKQQTLQA	587	Proteína de la vaina de la cola mayor [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87117.1	0,0 (584/587)	Proteína de la vaina de la cola mayor	Vaina 1 de fago	pfam04984	2.11e-07

FIG. 14WW

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
173	90723	91127	1251	MASEAKQTVHTGNTVLL MIKGKPVGRAQSASGQRE YGTTGVYEIGSIMPQEHV YLRYEGTITVERLRMKKE NFADLGYASLGEEILKKDI IDILVVDNLTKQVIISYHG CSANNYNETWQTNEIVTE EIEFSYL	134	Proteína de cápside [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87118.1	3e-73 (134/134)	Proteína de cápside	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
174	91547	92476	1252	MGKNQYTFNIKENKNKW YEWCKLQNVKPLVEYEN AQQIFYFEFLEGKFKGLIG KTYWASINRGSNMRMSC LTSESKDKYLKNLGKRKG IEVVEDYKGGRKLKHKFI VLEGKYQGCEGYITLNDL ENLGRVDNRSLSFKGRKQ YFDKQARLRDCIILEYPKD YRIKTKDKIVVKDKEGHV HNIIVQDFFEKSSLLELSC ASEGEKIVKEILTKNSIKFE KEKSFRNKEGKVQRFDFY INENNKEYAIEYNGAQHY IDSTGYLKDTLETTQKRD KLKKEYSKDKGINLLIIPY TITDKKEMEKIILNFLNK	309	ORF018 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238556.1	2e-19 (79/239)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
175	92534	92692	1253	MNNRQAKIKGYNQFHYY DFPTTKGKFKDIMKRKSR TELKKDLQKERKYYLDK	52	ORF245 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238558.1	5e-11 (36/52)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
176	92682	92822	1254	LTNKRKTIGKMSNTRAT WNINPVTKVKKDKTKYS RKNKHKGLDNYN	46	ORF293 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240912.1	1e-10 (44/46)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14XX

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
177	92864	93322	1255	MSTFWSERRTTNKDRQV KKHYTQMSMYERKKCVE LLQETITENRIINFTRHSAK KVKGKPTTNIPKLIGFIFK NKFAYENIIEYNNTDYNG NIERRIVVKHPKVITVEGK PSYQFLTISLEDARVITVW YNSVDDTHRTLDLNYYS KDLTIQ	152	Proteína hipotética KgORF51 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024481.1	2e-84 (152/152)		PHA02264, proteína hipotética	PHA02264	1.25e-30
178	93335	93526	1256	MGITIVNSYFILSNIFLIILTI LNGKGTVTRESLTMSKIL VVITSIQFLACLIINGIYWS LKF	63	ORF215 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240914.1	3e-25 (62/63)		No se han detectado dominios putativos conservados		
179	93599	93910	1257	MSQDKLRAIYTEMKVEL HKFPKEVDITSKSTAIAIN QILDKFKTLTEQAGKITRK YLEGQEILTIDYEYYDSLQ EYYIYLLRNSEKIEQSLQEI TKRTGEYVK	103	Proteína hipotética KgORF52 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024482.1	3e-51 (103/103)		PHA02265, proteína hipotética	PHA02265	2.50e-17
180	94042	94500	1258	MAEEIKKEQDVQETTKEE KKDVSKMTPEEIDKLKYQ DKQEKEQVINKVIKGVND TWEKEYNFEELDLRFKVK IKLPNAREQGNIFALRSAY LGGMDMYQTDQVIRAYQ MLATLQEVGIEVPKEFQD PDDIYNLYPLTVMYEDWL GFLNSFRY	152	Proteína hipotética KgORF53 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024483.1	2e-82 (152/152)		No se han detectado dominios putativos conservados		
181	94544	95080	1259	MESIVKQPLSRNLWAIMK EFNVLPTEQRFKDLDDYQ IEFIIGNMNRDVYEHNKQ	178	gp ORF080 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89073.1	1e-98 (178/178)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14YY

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LKQAQKGGKFDSQFEDD DSSWWNESHEDFDPVPDF LDADDLAQQVEAKLSDR DKEERAKRNDAELNDETE GLTTQHLAMMEYIRQKQ QELDDEVGNGKTSEEDAT ISQDSVNKALEDLDDDW YM								
182	95136	99191	1260	MAMNDDYRLVLSGDSSD LENSLKAIELYMDSLESK NIDAPLDNFLKKLKVIAK EVKNVQNAMDKQDGKS VISSKDMDESIKSTQSATK NINELKKALDDLQKENIS KGIAPDPEVEKAYAKMG KVVDETQEKLEKMSSQKI GSDASIQNRIKEMKTLNQ VTEEYNKISKDSSATKDY TKRLRANRNMTRGYMER SEGTGRLTYDQGARVRSE LGKISSYESQRKQNQRNL GQAREQYSNYRNQQQDL TKRRASGQINKAQYEQEL ASIKQEMKAREELISNYE KLGAELDKTVQYYKGSV QKDFQSRDVDQQRGTFG RMVQERLPSIGSHAMMG TTAMATGLYMKGASLSE TNRPMVTSLGQNSDNMDI DSVRNAYGDLSIDNKLGY NSTDMLKMATSYEASVG HKSDEDTMAGTKQLAIG GRSLGIRDQEAYQESMGQ IMHTGGVNSDNMKEMQD AFLGGIKQSGMVGRQDE	1351	ORF001 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240918.1	0,0 (1348/1351)		COG4372, proteína conservada no caracterizada en bacteria con el dominio similar a miosina	COG4372	9,12e-03

FIG. 14ZZ

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
183	99270	101696	1261	MRRIRRPKVRIEIVTDDNT FTLRFEDTRDYNGDEFGA KLLGFQTKNSMEDDSSVF QLKALGSIAEQSGEGRTL TKDQMSNLTAMQSTFAES GSKGLQGEQGANAINSID QGLKNGMNSSYARIAMG WGTQYQGLEGGYDLQKR MDEGISNPENLTDMADM ATQMGGSEKEQKYLFNR SMKEIGANLTMEQSDEIF KDAQSGKLSKEELAKKA KKMEKEGKKEGEDNATD YKESKSGKNDQNKSKTD DKAEDTYDMAQPLRDAH SALAGLPAPIYLAIGAIGA FTASLIASASQFGAGHLIG KGAKGLRNKFGRNKGGS SGGNPMAGGMPSGGGSP KGGGSPKGGGTRSTGGKI LDSAKGLGGFLVGGAGW KGMFGGESKGKGFKQTS KEAWSGTRKVFNRDNGR KAMDKSKDIAKGTGSGL KDIYNDSIFGKERRQNLG EKAKGFGGKAKGLYGKF ADKFGDGGKNGILSQSPK AGGSGIGKLGKLAGGLGK GAGVLGVATSALSLIPAL ASGDSKAIGGIGSMGGG MAGASAGASIGALFGGV GAIPGALIGGAIGSFGGGA VGEKVGDMAKKANTKEG WNLGWTNGDKDGKNKF QDSLLGKPI	808	Proteína hipotética KgORF56 [Fago K de	YP_024486.1	0,0 (806/808)	Cola de lisina	Dominio CHAP	pfam05257	1,02e-14

FIG. 14AAA

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				QINMAGDTYWDKLVMA NDIIRIFITPNDDPNDKEGR QERLIQVGMVSQVSKVGS YGNDQTQFRITGQSFVKP FMKFGLGVIQEVQAVLPE VGWLIDGDGDNEVKFTG SSAHEVMTGIIRRFIPYMK YNYTEKTYNTIDNYLDYD DLSSWDEFEKLTEVSAFT NFDGSLKQLMDMVTARP FNELFFKNSEKTPGKAQL VLRKTPFNPTEWRALDMI KVPTEDFIEEDVGKSDVE TYSIFTATPAGMLKELNG DVFSKPQFHPELTDRYGY TKFEVENIYLSTKSGSATE DSDSSGDDNGTERGTYSK IMKDLSNYGRDNISKGID KYTSKLSSKYKNLKKAQ AKKIIEKFVKEGKVTEKE YEKITGNKVDDELTSDNR PKLTKDKLKSILKEKFKT QDDFNNSKKKKKKAKTDA LKELTTKYRFGNKTHATT LLDEYIKYKGEPPNDEAF DKYLKAIEGVSNVATDTG SDASDSPLVMFSRMLFNW YHGNPNFYAGDIIVLGDP KYDLGKRLFIEDKQRGDT WEFYIESVEHKFDYKQGY YTTVGVTRGLKDAILEDG KGSPHRFAGLWNQSSDF MGGLMGEDTSKELKEKG VAEKQSSGGKDGGSDSG GAQDGGSLDSLKKYNGK LPKHDPSFVQPGNRHYKY		Staphylococcus						

FIG. 14BBB

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				QCTWYAYNRRGQLGIPVP LWGDAADWIGGAKGAG YGVGRTPKQGACVIWQR GVQGGSPQYGHVAFVEK VLDGGKKIFISEHNYATPN GYGTRTIDMSSAIGKNAQ FIYDKK								
184	101710	102597	1262	MATDKEAKDVIDKFIDNV FNFDVLTKERIKEKDEEIK KITTDDMYEKVVYIRPYV GVIQSLNPQHVQYESFSN NGYDIEAELSFRKVSYLV DKGSIPTDSLSLTLTVHLVE RNQELLIDYFDEIQDVLY GEYMEEEYVFDEDVPLST ILALDLNDNLKSLSNIKY MFKGAPKENPFGTDKDV YIDTYNLLYWLYLGEDEE LAYPMNINYFFTEGRFFTI FGKGHKYKVDVSKFIVGD ILFFGRSDTNIGIYVGDGE FISMMGKFPKDETPIGKY KLDDYWNEFNGRVMRFD EEVYI	295	Proteína hipotética KgORF57 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024487.1	4e-167 (295/295)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			
185	102597	105143	1263	MVVRFQSSMGRSLKRVD SDDLNVKGLYLATVSKIN YKYQSVEVKVNNLTLGS RIGDDGSLAVPYPKSFIGR TPEGSVFGTKPLITEGSVV LIGFLNDDINSPIILSVYGD NEQNKMINTNPLDGGKFD TESVYKYSSSLYEILPSLN YKYDDGEGTSIRTYNGKS FFSMTSGEEEKPQATDFY	848	Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024488.1	0,0 (845/848)	Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa	Como GDPD_SaGlpQ, dominio de glicerofosforil diéster fosfodiesterasa	cd08601	1,43e-60

FIG. 14CCC

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TGTEYQDLFTSYYGNKTL IEPRIQKAPNMLFKHQGV FYDDGTPDNHITTLFISER GDIRASVLNTETQKRTTQ EMSSDGSYRVIKQDDDDL MLDEAQVWIEYGISEDNK FYIKNDKHKFEFTDEGIYI DDKPMLENLDESIAEAMK NLNEIQKELDDINYLLEG VGKDNLEELIESTKESIEA SKKATSDVNRLTTQIAEV SGRTEGIITQFQKFRDETF KDFYEDASTVINEVNQNF PTMKTDVKTLKTKVDNL EKTEIPNIKTRLTELENNN NNADKIISDRGEHIGAMIQ LEENVTVPMRKYMPIPWS KVTYNNAEFWDSNNPTR LVVPKGITKVRVAGNVL WDSNATGQRMLRILKNG TYSIGLPYTRDVAISTAPQ NGTSGVIPVKEGDYFEFE AFQDSEGDRQFRADPYT WFSIEAIELETETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIKG YQMALDKGADYIELDLQ LTKDNKLLCMHDSTIDRT TTGTGKVGDMTLSYIQTN FTSLNGEPIPSLDDVLNHF GTKVKYYIETKRPFDANM DKELLTQLKAKGLIGIGSE RFQVIIQSFARESLINIHNQ FSNIPLAYLTSTFSESEMD DCLSYGSYAIAPKYTTITK ELVDLAHSKGLKVHAWT VNTKEEMQSLIQMGVDG							

FIG. 14DDD

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				FFTNYLDEYKKI								
186	105250	106041	1264	MPQSDGISNLHRIALRFPK EGGGYDMYRFKVNPENY TIDSPQRTTAIKTKSDIVIE DYGKDIEVINFTGTTGFRP VREADGLKTGKQKMEEL QSRVSEYAMQGGSGNVS GSYLQFFNFTDDSYYKVH LAPQGLKITRSKDEPLLFR YEITLVVIGSLTEADRSAV TTEEFGNVKPNASQRVDE GIKELDKNARKTRDRNNQ EISRRENTIPKSTGDNTNE GNRLKQSFPSSSIYNPRQS TNGLKGNIDNMALIIGYG DGGVSS	263	Proteína hipotética KgORF59 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024489.1	7e-151 (263/263)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
187	106041	106565	1265	MNNFIPQPQGLLRFLNAL DTDLTSSHMNLLDEEVSF VSKFYTPQLQLSELAKKV LTNIKTDDIPVLEREFNDN TIIHKANDTLLKVQAPRM YMILQSIVLEAYAIVNCFV ENPSSLKYLTEEDVSITRE NLNYVADYLGNYDDYNS VVLDLRDLDLCFSAIELQL PLIKKEANV	174	ORF078 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240925.1	3e-95 (174/174)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
188	106565	107269	1266	MRFKKHVVQHEETMQAI AQRYYGDVSYWIDLVEH NNLKYPYLVETDEEKMK DPERLASTGDTLIIPIESDL TDVSAKEINSRDKDVLVE LALGRDLNITADEKYFNE	234	Proteína de placa base de bacteriófago putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024491.1	2e-134 (234/234)	Proteína de placa base	COG3628, proteína W de montaje de placa base de fago	COG3628	1.50e-03

FIG. 14EEE

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				HGTSDNILAFSTNGNGDL DTVKGIDNMKQQLQARL LTPRGSLMLHPNYGSDLH NLFGLNIPEQATLIEMEVL RTLTSDNRVKSANLIDWK IQGNVYSGQFSVEIKSVEE SINFVLGQDEEGIFALFE								
189	107284	108330	1267	MKTRKLTNILSKLIDKTM AGTSKITDFTPGSASRSLL EAVSLEIEQFYILTKENID WGIQEGIIEAFDFQKRQSK RAYGDVTIQFYQPLDMR MYIPAGTTFTSTRQEYPQ QFETLVDYYAEPDSTEIV VEVYCKETGVAGNVPEG TINTIASGSSLIRSVNNEYS FNTGTKEESQEDFKRRFH SFVESRGRATNKSVRYGA LQIPDVEGVYVYYEETGHIT VFAHDRNGNLSDTLKEDII DALQDYRPSGIMLDVTGV EKEEVNVSATVTISNKSRI GDTLQKHIESVIRSYLNNL KTSDDLIITDLIQAIMNIDD VLIYDVSFDNLDENIVPP QGIIRAGEIKVELK	348	Proteína hipotética KgORF62 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024492.1	0,0 (348/348)		XrdT, homólogo no caracterizado de la proteína gp47 del fago Mu	COG3299	2,38e-05
190	108351	111410	1268	VANFLKNLHPLLRRDRNK KDNQDPNFALIDALNEEM NQVEKDAIESKLQSSLKTS TSEYLDKFGDWFGVYRK TDENDDVYRARIIKYLLL KRGTNNAIIDAIKDYLGR DDIDVSVYEPFTNIFYTNK SHLNGEDHLMGYYYRFA	1019	Proteína hipotética KgORF63 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024493.1	0,0 (1006/1019)		**No se han detectado dominios putativos conservados**			

FIG. 14FFF

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				VINVSIGDYFPVEIIDVINE								
				FKPAGVTLYVTYDGASTI								
				RGGAIIKWLDGLPKIETYQ								
				EFDRFTGYDDTFYGHINM								
				NQSKDTDNSSSDIFKTNHS								
				LINSLDVLTGSSSVGRQYI								
				NYGYVTSYVYNPGMTSS								
				VNQISASTEGRGQEVPTD								
				YYMYTSTKNNNTVELSM								
				QTTSGVSYLYNNFNFRDY								
				MSKYRPQVDLQSDEARRI								
				VSDYIKELSIDYYLSAVIPP								
				DESIEIKLQVYDFSINRWL								
				TVSINNLSFYEKNIGSNIG								
				YIKDYLNSELNMFTRLEIN								
				AGKRDSVDIKVNYLDLM								
				FYYYERGIYTIKPYKALIE								
				NYLDISRETYVEAFKIASL								
				SNGDIITKTGFQPIGYLKL								
				VGNYENTRPSTINIVAKDT								
				DNNPIESNELDVYNTVEN								
				RNLLQSYKGANTIAREITS								
				TKEFTVSGWAKEIYSTNY								
				LSKVLKPGKVYTLSFDIEI								
				TGNDLTLKSYSDNHGIYL								
				YSNTKGIVVNGVKSMERT								
				IGNKVSVTQTFTAPTITDH								
				RLLIYTGRYTSDGKASTPP								
				VFFNTVKITELKLSEGTSN								
				LEYSPAPEDKPNVIEKGIK								
				FNNILTNIQTLSINSDTILK								
				NVTLYYSYYGDNWVELK								
				TLGNISTGETTETNNLIDL								
				YGLQTVDYSNINPMSKVS								
				LRSIWNVKLGELNNQEGS								
				LSNMPNDYFNAVWQDID								

FIG. 14GGG

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KLSDIEIGSMRMVKDTEG GVFDGATGEIIKATLFNV GSYTDLDMLAYTLTNYTE PLTLGSSRLISELKEELLTS ESFNVDNRIKVIDSIYEELP NTSIIKNGFVEREVTGSKY LDYGLYEPIEDGTRYKLIV EGEFKDNIEFIYLYNSNPN FNETFIYPSEIINGVAEKEF IAKPSTEDKPRLNTDVRIY IRPYDSTISKVRRVELRKV								
191	111521	112042	1269	MAIATYNSHVELAKYLVS KADSVVLTIGKSTPWSNE TNPPQPDENATVLQEVIG YKKATKVTLVRPSKSPED DNKNLISYGNKSWVEVTP ENAKAEGAKWVYLESSIV GDELPLGTYRQVGFVMD LVAKSGISKFNLVPSEVES TGTLLFFDNKQFQNRSEQ TTAKERFIVEV	173.	Proteína hipotética KgORF64 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024494.1	6e-96 (173/173)		Bacteriófago T4, Gp8	pfam09215	2.26e-03
192	112063	115521	1270	MAINFKGSPYLDRFDPSK DRTKVLFNPDRPLQQAEL NEMQSIDQYYLKNLGDAI FKDGDKQSGLGFTLSEDN VLTVNPGYVYYINGKIRYY DNDDSVKITGVGKETIGIK LTERIVTPDEDASLLDQTS GVPSYFSKGADRLEEKMS LTVNDPTSATIYTFMDGD LYIQSTNAEMDKINKVLA ERTYDESGSYKVNGFELF SEGNAEDDDHVSVVVDA GKAYVKGFKVDKPVSTRI	1152	Proteína hipotética KgORF65 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024495.1	0,0 (1151/1152)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14HHH

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SVPKSYDLGTAENESTIFN KSNNSISLANSPVKEIRRV TGQVLIEKERVTRGAQGD GQDFLSNNTAFEIVKVWT ETSPGVTTKEYKQGEDFR LTDGQTIDWSPQGQEPSG GTSYYVSYKYNKRMEAG KDYEVTTQGEGLSKKWYI NFTPSNGAKPIDQTVVLV DYTYYLARKDSVFINKYG DIAILPGEPNIMRLVTPPL NTDPENLQLGTVTVLPDS DEAVCISFAITRLSMEDLQ KVKTRVDNLEYNQAVNA LDDGAMEGQNPLTLRSVF SEGFISLDKADITHPDFGIV FSFEDAEATLAYTEAVNQ PKIIPGDTTAHIWGRLISAP FTEERTIYQGQASETLNV NPYNIPNKQGVLKLTPSE DNWIDTENVTITEQKTKK VTMKRFWRHNESYYGET EHYLYSNLQLDAGQKWK GETYAYDREHGRTGTLLE SGGQRTLEEMIEFIRIRDV SFEVKGLNPNDNNLYLLF DGVRCAITPATGYRKGSE DGTIMTDAKGTAKGKFTI PAGIRCGNREVTLKNANS TSATTYTAQGRKKTVQDI IIRTRVTVNLVDPLAQSFQ YDENRTISSLGLYFASKG DKQSNVVIQIRGMGDQG YPNKTIYAETVMNADDIK VSNNASAETRVYFDDPM MAEGGKEYAIVITENSDY							

FIG. 14III

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TMWVGTRTKPKIDKPNE VISGNPYLQGVLFSSSNAS TWTPHQNSDLKFGIYTSK FNETATIEFEPIKDVSADRI VLMSTYLTPERTGCTWE MKLILDDMASSTTFDQLK WEPIGNYQDLDVLGLAR QVKLRATFES							
193	115570	115728	1271	MPREVRDPYSQAKLFIPT VEEKSIKELEKTYKEKIDE ATKLINELKKERGEK	52	ORF262 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240931.1	3e-20 (52/52)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
194	115729	117651	1272	MAFNYTPLTETQKLKDM YPKVNDIGNFLKTEVNLS DVKQISQPDFNNILASIPD SGNYYVTNSKGAPSGEAT AGFVRLDKRNVNYYKIY YSPYSSNKMYIKTYANGT VYDWISFKLDEGNLYNEG NTLNVKELTESTTQYATL VNPPKENLNTGWVNYKE SKNGVSSLVEFNPVNSTST FKMIRKLPVQEQKPNLLK DSLFVYPETSYSNIKTDN WDTPPFWGYSSNSGRSGV RFRGENTVQIDDGSNTYP LVVSNRFKMGKELSVGD TVTVSVYAKINDPALLKD NLVYFELAGYDTVDDTSK NPYTGGRREITASEITTEW KKYSFTFTIPENTIGASGV KVNYVSLLLRMNCSSSKG NGAVVYYALPKLEKSPK VTPFITHENDVRKYDEIW SNWQEVISKDELKGHSPV	640	Proteína hipotética KgORF66 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024496.1	0,0 (633/640)		PHA01818, proteína hipotética	PHA01818	5,89e-04

FIG. 14JJ

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				DIEYNDYFKYQWWKSEV NEKSLKDLAMTVPQGYH TFYCQGSIAGTPKGRSIRG TIQVDYDKGDPYRANKFV KLLFTDTEGIPYTLYYGG YNQGWKLLKQSETSTLL WEGTLDFGSTEAVNLNDS LDNYDLIEVTYWTRSAGH FSTKRLDIKNTSNLLYIRD FNISNDSTGSSVDFFEGYC TFPTRASVQPGMVKSITL DGSTNTTKVASWNEKERI KVYNIMGINRG								
195	117673	118044	1273	MAVKYDIGNNEIVLHLRE GKYITGFTTVGGYDKELG QVKVNREILPAYFFDNFA YERYLYYSKPEEVIENKN YVPPQINDDEESQQITVPK EQYDSLKEELELMRKQQE AMMEMLQKLLGQKG	123	Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024497.1	2e-63 (123/124)		DUF2977, proteína de función desconocida	pfam11192	2.73e-12
196	118051	119427	1274	MALNFTTITENNVIRDLTT QVNNIGEELTKERNIFDIT DDLVYNFNKSQKIKLTDD KGLTKSYGNITALRDIKEP GYYYIGARTLATLLDRPD MESLDVVLHVVPLDTSSK VVQHLYTLSTNNQIKML YRFVSGNSSSEWQFIQGLP SNKNAVISGTNILDIASPG VYFVMGMTGGMPSGVSS GFLDLSVDANDNRLARLT DAETGKEYTSIKKPTGTY TSWKKEFEPKDMEKYLLS SIRDDGSASFPLLVYTSDN	458	Proteína hipotética KgORF68 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024498.1	0,0 (448/458)		PHA01818, proteína hipotética	PHA01818	0.0e-00

FIG. 14KKK

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KTFQQAIIDHIDRTGQTTF TFYVQGGVSGSPMSNSCR GLFMSDTPNTSSLHGVYN AIGTDGRNVTGSVVGGN WTSPKTSPSHKELWTGAQ SFLSVGTTKNLADDISNYS YVEVYTKHKTVEKTKGN DDSGTICHKFYLDGSGTY VCSGTFVSGDRTDTKPPV TEFYRVGVSFKGSTWTLV DSAVQNSKTQYVTRIIGIN MP								
197	119517	121265	1275	MRLRIKNLYTYVEFEEDD KYLKDIFLKRVHTTIGAR QEGFQYSPAYKRGSWDG YVDFYVYEEDKFPTGLLF KIELLLGELQSRYNFQFET IDERDESFLSEEDIDDEITL LDNNVGQITLRDYQYEAV YNSLTFYNGIAHLATNGG KTEVASGIIDQLLPQLEKG ERVAFFTGSTEIFHQSADR LQERLNIPIGKVGAGKFD VKQVTVVMIPTLNANLK DPTQGVKVTPKQNISKKI AQEILPKFEGGTNQKKLL KVLLDNTTPKTKVEQNVL SALEIIYQNSKTDAEVLLN LRNHNAHFQKIVREKNEK KYDKYQDMRDFLDSVTV MIVDEAHHSKSDSWYNN LMTCEKALYRIALTGSID KKDELLWMRLQALFGNV IARTTNKFLIDEGHSARPTI NIIPIANPNDIDRIDDYREA	582	Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024499.1	0,0 (580/582)	Helicasa	HELICc, dominio terminal C de la superfamilia de helicasa	cd00079	1,74e-13

FIG. 14LLL

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				YDRGITNNDFRNKLIAKL TEKWYNQDKGTLIIVNFIE HGDTISEMLNDLDVEHYF LHGEIDSETRREKLNDMR SGKLKVMIATSLIDEGVDI SGINALILGAGGKSLRQTL QRIGRALRKKKDDNTTQI FDFNDMTNRFLYTHANER RKIYEEEDFEIKDLGK							
198	121277	122890	1276	MATKTQRKLYQYLEENA TENKFHISTKKELADSLG VSISALSNNLKKLEEENK VVTVSKRGKNGGVIITLV REYDTEELKEFNNSTDNII TSDLQYAKALREKHFPSY RYERKEQRRRTKIEMAQY NAIKDEKRRIIADMNFYSE GLPYPSKDIFNMSYDPEGF YKAYILCKLYDQYAISHM DAKHTSHLKAMSKATTK DEYDYHQHMSEYYRNK MIQNLPRNSVSDNFFGSK MFNTFYNFYLKIKDKNIN VFKYMQNVFKNVTFYYE NGMQPNPIPSPNFFSSDKY FKNYNNYIKGIKKGVNST NRHLGDTDSIINSSDYVK NPAVLHLHQLYTTGLNST LHDIDTMFEQALDLENAS YGLFGDMKHILLQYNSM IEEEIKNLPREEKDIINKYV KQCIINDYSPTSISPSARLS MFTMQKEHIVYNKQLNK GIKREDLLPLSLGGIVNKD SLSGMDIQNLEQNGNEYL	357	Proteína Rep putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024500.1	0,0 (536/537)	Proteína reguladora de transcripción	HTH_2, dominio hélice-giro-hélice	pfam12840	2.66e-03

FIG. 14MMM

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				YMRQHTSTYYILRMFGD YLGYEVNLREVKYIVEKY NLIDKIPLTKEGMLDYNK LIHLVEEEVNNYE								
199	122883	124325	1277	MSKKIKELILHKSMKDIHF AREVLDNLPKNLFSAESE DMGYLFTAIKRTAHISDK MSNEALAIKVEQLMGNN KEDEEKVTKTLTYLEDLY KVDVNEKDESVNYEIEKY IKTEMSKEVLVKFIAENK QEDSDNLHELVDKLKQIE VSDISGGNGEFIDFFEDTE KKQELLSNLATNKFSTGF TSIDNHEGGIARGEVGLII APTGRGKSLMASNLAKN YVKSGLSVLYIALEEKMD RMVLRAEQQMAGAEKSQ IVNQDMSLNNKVYDAIQN HYQKNRKLLGDFYISKH MPGEVTPNQLEQIIVNTTI KKDKNIDVVIIDYPHLMR NPYAKYHSESDAGGKLFE DIRRLSQQYGFVCWTLAQ TNRGAYGSDVITSEHVEG SRKIVNAVEVSLAVNQKD EEFKSGFLRLYLDKIRNSS NTGERFVNLKVEPTKMIV RDETPEEKQEHIQLLSDN GKEDTSKFQNKDNKIEAI NNTFGGLPGV	480	Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024501.1	0,0 (480/480)	Helicasa	Helicasa 41	PHA02542	1,01e-9
200	12440	12542	1278	MKFVFFTDSHFHLFTNYA KPDNEFVNDRFKEQIEAL QKVFDIAKKEEATVIFGG	341	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024502.1	2e-172	Exonucleasa	MPP_Mre11_N; Mre11	cd00840	1,01e-

FIG. 14NNN

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
	4	9		DLFHKRNSVDTRVYNKV FSTFAKNDEVPVLLLRGN HDATTNSLYTDSSIDTFEY LPNVSVIKSLNTILKDNVN IVFTAYGDETKEIKTYINS NYDKDMVNILVGHLGVE GSLTGKGSHRLEGAFGYQ DLLPDKYDFILLGHYHRR QYFQNPNHFYGGSLMQQ SFSDEQEANGVHLIDTEK MTTEFIPIHTRRFITIQGED1 PENFEQLIEEGNFIRVIGTA NHAKVLEMDDSMKDKN VEVQIKKEYTVEKRIDSD VSDDPLTIASTYAKQYSPE SEQEILECLKEVL				(295/345)		nucleasa, dominio N terminal de metalofosfatasa	0	20
201	125429	125806	1279	MKKYREYLNKTDAENLA EDWEKVTEDLWKVFKD MKPKINTLDISNVESKNL DKSKPILQFQDSDGVIENI CNVEGLEDGLSKMKKVF DDSNFEKHYYSRVVDHD EYYWIDYGSHHCFFRVTK GDK	125	Proteína hipotética KgORF73 [Fago K de Staphylococcus]	YP_0245031.1	7e-65 (121/125)		**PHA02275**, proteína hipotética	PHA02275	1,65e-21
202	125806	127725	1280	MVVFKQVEVNNFLAIKEA TLELDNRGLILIEGENKSN ESFHSNGSGKSTLISAITY ALYGKTEKGLKADDVVN NIEKKNTSVKLKFDIGEDS YLIERYRKDKENKNKVKL FVNEKEITGSTNDVTDKQI QDLFGIEFNTYVNAIMYG QGDIPMFSQATDKGKKEI LESITKTDVYKQAQDVAK	639	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024504.1	0,0 (638/639)	Exonucleasa	46, subunidad de endonucleasa	PHA02562	1,71e-21

FIG. 14000

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos:	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
203	127725	128321	1281	MKLKILDKDNATLNVFHR NKEHKTIDNVPTANLVD WYPLSNAYEYKLSRNGE YLELKRLRSTLPSSYGLD DNNQDIIRDNNHRCKIGY WYNPAVRKDNLKIIEKAK QYGLPVITEEYDANTVEQ GFRDIGVIFQSLKTIVVTR YLEGKTEEELRIFNMKSEE SQLNEALKESDFSVDLTY	198	Proteína hipotética KgORF75 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024505.1	2e-111 (197/198)		No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14PPP

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SDLGQIYNMLLLMKKISK								
204	128336	129403	1282	MRFEDFLTQELGEPKENTI GELRYCCPFCGEKSYKFY VKQALDSSNGQYHCKKC DESGNPITFMKTYYNITG KQAFDLLESKNIDIERAPL LTTNNKDLTESEKLILML RGVHQDKGTTSIKPPRLPE GYKLLKDNLNNKEIIPFLK YLKGRGITLEQINNNIGY VTNGSFYKVDGESKVSLR NSIIFFTYDNDGNYQYWN TRSIEKNPYIKSINAPAKQ DEVGRKDVIFNLNIARKK KFLVITEGVFDALTFHEY GVATLGKQVTENQIKKIID YVSIDTSIYIMLDTDALDN NIDLAYKLKTHFNKVYFV PHGDEDANDMGTRKAFE LLKQNRVLVTPESIQSYKI QQKLKL	355	Primasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024506.1	0,0 (354/355)	ADN primasa	dnaG, ADN primasa, núcleo catalítico	TIGR01391	1,95e-16
205	129469	129807	1283	MSNNKKDILEFVDEYITA LRVGNEQRQHQLEEMGK EETATLTDVAKAITNLML GVNEQMTDLEYNNELNL NILIDALYKAELINEDVLD YIQESIDKSQEEPKNEEEK GEQE	112	ORF127 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240943.1	7e-56 (112/112)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
206	129807	130259	1284	MEKNISTHTKGISQADME KWIEAVVQGTVDGKQVD EKTAKQLDRIGSRSVSLEE ATRIAKVLNAVTAQEVTG	150	ORF098 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240944.1	2e-78 (149/150)		PHA02277, proteína hipotética	PHA02277	9,45e-43

FIG. 14QQQ

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				DFNDAFNAIDLMMIIMED ELGVTQEKVGKAKDKLN EKREAYLKEKQEELRQKQ QEEAQKETESDSNEKVIQ LKKNDEQ								
207	130246	130854	1285	MTNSKKKGDTFERKJAKE LTAWWGYQFNRSPQSGG ASWGKDNNAVGDIVVPQ EANFPLVVECKHREEWTI DNVLLNNREPHTWWEQV INDSSKVNKTPCLIFTRNR AQSYVALPYNEKVYEDL RNNEYPVMRTDFIIDNIRK DKFFYDVLITTMNGLTSF TPSYIISCYDKKDIKPYKK VESNLSEVSKHEDELINDL LSDI	202	ORF064 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240945.1	2e-115 (201/202)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
208	130844	131263	1286	VIYKEGKISMTSKERPLIV YFSGTGQTERLVNKININN SFETFRVKSGKEKVNKPFI LITPTYKKGAIPKQIERFLE INGSPKEVIGTGNKQWGS NFCGASKKISEMFKIPLIA KVEQSGHFNEIQPILEHFS NKYKVA	139	Proteína NrdI putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024509.1	1e-68 (130/130)	Proteína de ribonucleótido reductasa	Flavodoxina_ Ndrl	pfam07972	1,62e-29
209	131278	133392	1287	MATYGKWIELNNEITQLD DNGKNKLYKDQEALDEY LKYIEDNTRKFNSEVERIR VLTKEGTYDKIFDKVPDTI IDEMTKLAYSFNFKFPSF MAGQKFYESYASKQYDE NKKPIFVEDYEQHNVRVA	704	Subunidad grande de ribonucleótido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_0245101	0,0 (699/704)	Subunidad grande de ribonucleótido reductasa	**PRK07632,** subunidad alfa de ribonucleótido reductasa	**PRK07632**	**0,0e-00**

FIG. 14RRR

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
210	133406	134455	1288	MDITQKVKQHNKNAVLK ATNWNIEDDGMSDIYWE QGISQFWTPEEFDVSRDLS LYLFQNDYVKARELLVQL MEQTFQPSTPTYNNSGQA NRGELSSCYLFVVDDSIES LNFVEDSVANASSNGGGV AIDLTRIRPKGAPVRNRPN SSKGVIAFAKAIEHKVSIY DQGGVRQGSGAVYLNIFH NDILDLLSSKKINASESVR LDKLSIGVTIPNKFMELVK EGRPFYTFDTYDINKVYG KYLDELNIDEWYDKLLD NDSIGKVKHDAREVMTDI AKTQLESGYPYVFYIDNA NDNHPLKNLGKVKMSNL CTEISQLQEVSEIYPYSYS NKNVINRDVVCTLGSLNL VNVVEKGLLNESVDIGTR ALTKVTDIMDLPYLPSVQ KANDDIRAIGLGSMNLHG LLAKNMISYGSREALDLV NSLYSAINFQSIKTSMLMA KETGKPFKGFEKSDYATG EYFVRYIRESNQPKTDKA KKVLDKVYIPTQDDWDE LAKAVKVHGLYNGYRKA EAPTQSISYVQNATSSIMP VPSAIENRQYGDMETYYP MPYLSPITQFFYEGETAYK IDNKRIINTSAVVQKHTDQ AVSTILYVESEIPTNKLVS LYYYAWEQGLKSLYYTR SRKLSVIECETCSV	349	Subunidad menor de ribonucleótido reductasa putativa	YP_024511.1	0,0 (348/349)	Subunidad menor de	NrdF, subunidad beta de	PRK09614	4,21e-80

FIG. 14SSS

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SWNSLTESEKNTYKKVLA GLTGLDTKQGGEGMNLV SYHEPRPKYQAVFAFMG GMEEIHAKSYSHIFTTLLS NKETSYLLDTWVEENDFL KVKAQFIGYYYDQLLKPN PTVFDRYMAKVASAFLES ALFYSGFYYPLLLAGRGQ MTQSGAIIYKITQDEAYH GSAVGLTAQYDYNLLTEE EKKQADKETYELLDILYT NEVAYTHSLYDPLELSED VINYVQYNFNRALQNLGR EDYFNPEPYNPIVENQTN VDRLRNVDFFSGKADYE KSTNIKDIKDEDFSFLDSK EYSTAKEFL		[Fago K de Staphylococcus]			ribonucleótido reductasa	ribonucleótido reductasa		
211	134473	134802	1289	MDRKEAMDLLSKAEILFK KHDEFSCVSDINDPMKLF SNSKDAKADDTSKSFQLE FMHDMTMYTLSYGSGQL KLIDLAEGYEAQKATVVN SFPEIIKTLEKDDSEDGKN E	109	Proteína hipotética KgORF82 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024512.1	1e-55 (107/109)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
212	134786	135106	1290	MEKMNSLVDLNTAIRQK KDVIVMITQDNCGKCEIL KSVIPMFQESGDIKKPILT LNLDAEDVDREKAVKLF DIMSTPVLIGYKDGQLVK KYEDQVTPMQLQELESL	106	Proteína similar a tiorredoxina [Fago K de Staphylococcus]	YP_024513.1	1e-53 (106/106)	Proteína similar a tiorredoxina	PHA02278, proteína similar a tiorredoxina	PHA02278	2,95e-30
213	13531	13590	1291	MDELISKSRRYIMRDENH YMLFNEKYNNDRLIEKVC	198	Proteína hipotética KgORF84	YP_024514.1	7e-109		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14TTT

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos:	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
	3	9		KHGGKVTYYTDSVLPYY VLKDLSSHPDSEVVYRMR NGFTAKEVDNIALSFMGT KVIIDISVVFPYVNPYDIIR SLHDIKTNVDEVHLSFPRI LEVDEKQEKFYFFDGEAY DLKPEYKVDFADKIRVSL SVWKMYIYILTSSRDFED VDNVITKLKQQRKIKI		[Fago K de Staphylococcus]		(196/198)				
214	13591 9	13622 4	1292	MSTANRRDIARKISENTG YYIQDVEEILSAETDAISD LLEEGYTKVKNHKFMQIE VIERKGKKAWDGLNKEY FHLPNRKAIKFKPLKELEE VIDRLNEEEK	101	Factor del huésped de integración putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024515.1	2e-51 (101/101)	Proteína de unión/ plegamiento de ADN	Bac_unión de ADN	pfam00216	4.57e-12
215	13630 0	13951 8	1293	MKVLILFDHIREEHFSVSK DGSVKSNVLNTPNGKTLK KLLEKCSNLKRDKTNRDY DIDFLYNAVPTPIRNDYG KIIKYQDVKQAEVKPYYE RMNNIIDNSYDMIIPVGK LGVKYLLNVTAIGKVRGV PSKVTIENGTSSHDVWVL PTYSIEYTNVNKNSERHV VSDLQTVGKFVEQGEEAF KPKEVSYELVDNIERVREI FNKEVKNDNYDGVDITA WDLETNSLKPDKEGSKPL VLSLSWRNGQGVTIPLYK SDFNWENGQDDIDEVLEL LKNWLASKEDIKVAHNG KYDIKFLMSTENFKDFESI QDTKVGWYLAVTQEVKE SLRLSDLAYEVTDVGGYD	1072	ADN polimerasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024516.1	0.0 (1065/1072)	ADN polimerasa	ADN_pol_A_pol_I_C, polimerasa I	cd08637	7.32e-72

FIG. 14UUU

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KPLEDFKLWFVTKLLRFF SDKIKEIQKENKKIAKKEY DVKAPEYKEWLENKLNE TVVELDDTEKKFRVSELE KKYIQLGLSPEIVNMNLV MNNDEFISIAEQSPEYMG LSDYAKSYTLNTAINLINE YRDVKDVVNDIDGGNFN YDWFPIELMHPYASGDTD VCRRIHCDVVKKLKEQDR PKSMHLLEVNYPRLTKSL ARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMAKNHATMRE HWAVKEFEEYQYNLYQM ALEEHEKKPKDRDKDIHQ YRDKFKDGKWMFSPSSG DHKGRVTYDILGIQLPYDK EYVKEKPFNANVKEADLT WQDYKTDKKAIGYALDN LELKDDVRELLELLKYHA SMQTKRNSFTKKLPNMIN KQKRTLHGSFSETGTETS RLSSSNPNLQNLPAHTSD VNKFDYKHPIKRSFVSRFE NGVLLGADYSALEMRIIG LFTKDPDMLQSFLNGEDI HKATASIVYNKPVEEVTK EERQATKAVNFGLAFGES PFSFAGKNNMEVSEAEEIF EKYFQTKPSVKTSIDNVH EFVQQYGYVDTMHGHRR FIRSAQSTDKKIKNEGLRQ SFNTIIQGSGSFLTNMSLT YLDDFIQSRNLKSKVIATV HDSILIDCPPEEAKIMAKV TIHIMENLPFDFLKAEIDG							

FIG. 14VVV

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KEVQYPIEADMEIGLNYN DMVEYDEEEIDT								
216	139588	139830	1294	VNTGEIRFNRSMDEWIITS MYQDELGEMNIVVTFYN REENKHGSTVLPTESSTGE VAEELASLEEEYPLALPLS SISVNI	80	ORF181 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240959.1	2e-36 (77/80)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
217	139847	140329	1295	MEIHIDSLDFTNFTIKDRN GNSQEFDITDELRITFEYTIQ EDFMQQSAKYAFWASILE KVRAYSEMEQRNLETIGS KLNLTIRQEYEQQGKKPT KDMIESSVYIHDSYQQQL KVVEAWNYKVKQLQYV VKAFETRRDMMIQLGAEL RQTNKNGGITNPFSH	160	Proteína hipotética KgORF91 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024519.1	6e-90 (160/160)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
218	140416	141687	1296	MDFNQFINNEASKLESNN SSFNNNVESYKPKNPVLR LGNIKDANGNKVVKENA FVRVLPPAQGTNVFFKEF RTTGINYSKKDGSQGFTG LTLPAEEGSSVLDPYIQD WITNGVQFSRFPNKPGVR YYIHVIEYFNNNGQIQPKT DAQGNVMIQPMELSNTG YKELLANLKDTMLKPSPN APHSFISANEAFLVNIVKA KKGEMSWKVSVYPNAPL GALPQGWEQQLSDLDQL AKPTEEQNPNFVNFLINN VNNTELSHDNFKFNRETN VLGEEPSEPKQAPTQQDV	423	Proteína hipotética KgORF92 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024520.1	0.0 (421/423)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		

FIG. 14WWW

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				DSQMPSNMGGQPNQPQQ GQVGQYAQQGQSNGQGQ QLQGTQQPINNTQFGQGT PSGQQPSNTGSVDWDNL AQQQSQPDSNPFNDFDVS SVDDSQVPFETQPQNTQQ APEPHQTTQEPPKQKQTQ SIDDVLGGLDLDNL							
219	141749	143014	1297	MARAKKGKEVDLTDLNT IDLGKELGLTLLSDSNRA DIKNIVPTMVPQYDRILGG GIPLGRLTEVYGLTGSGKS SFAVHLSRISTQLGVITIWI DIEGTADNNRMEQLGVD VSKLFSIQAGEGRLKNTV ELSVETVGKELDYWIDTF NEKAPGVPILFIWDSLGAT RTQAEIEEGVDHRKLGTK ATATQKVINAVSPKLNDT NTGLIVINQARDNLNMSN PYDDPIKSTGGRAFEHGA SLRLKITKGKESDLKQSDS MTGKPTYKGHVMRVETK KSKLSRPGQKAEADLLSG YEVGSGSDITQLNGIDPYH TIYKEAVERGLITKGTWR NYITLNGEEIKLYDKDWV PRLIDDHELYLELFSRVYG EHFPNGYSPLLNTKVIVTQ LEEYQALENYYEEWAKD NKQEEQEEESKGESQEKD SE	421	Proteína de reparación de ADN putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024521.1	0,0 (351/421)	Proteína de reparación de ADN	RecA	cd00983	6,13e-22

FIG. 14XXX

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
220	143018	143371	1298	MYNLIDKNMRQVKESLG NANSSDVLPLPYKDIAKK FEEVKEKGESIIIEEGGFPY TDSTVMYIEHVTDRWAG GYSLIRHEGEEVKVPKTIH FSDIYVKDKSHKVRIIFEG ANPYEEG	117	ORF121 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240963.1	2e-59 (114/116)		**No se han detectado dominios putativos conservados**		
221	143358	144020	1299	MKKAKNGNRYVIDIDGIP VDFERDLDSLLNRYKNLR WSLYHKYAGILSNDFERQ ELREYIDEQFIKLVKEYNI RSKVDFPGYIKAKLTLRV QNSYVKKNEKYKRTEIIG KKDYTVESLTEDLNEDFE DNQIMSYVFDDIEFTEVQS ELLKELLINPEREDDAFIV SQVAEKFDMKRKEVASE LTELRDYVRFKINAYHEY YAKKELNNHRVNTENHI WEN	220	Factor sigma putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024522.1	2e-121 (218/220)	Factor sigma	**No se han detectado dominios putativos conservados**		
1a	144114	144994	1300	VRIEKHKIKNNKVINEMSI TANNLYNHANFILRQNFF NNKTNKGYRKFLNYNTIH RILKNMNEENYIKLPRQTS QQVLRDLINNWSSFRKSE KDYFKNPNKYRNRPKPPK YKAKGGKGTIKFTNQQCR IHKKDGLIHLPTPLQDITIK PYKAKNIRELVCIPKSDYF EVLVCYKEENSNKTLNDN ENIASIDLGLDNLITMVSI VDKPIIINGKGLKSKNKYF NKKIRYYQSLLQNNSYSS KRILKYWEKRHNIILDYF	293	Elemento IS Dka2 orfB [Archaeal Virus 2 hipertermofílico]	YP_003773391.1	5e-18 (109/405)	Transposasa	orfB_IS605, transposasa probable	pfam01385	2.87e-36

FIG. 14YYY

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				HKATNEVVKYCVKNDIS KVVIGYNKQQKYKSKLK								

FIG. 14ZZZ