

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 956 367**

51 Int. Cl.:

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 20194660 (5)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **02.08.2023** **EP 3789031**

54 Título: **Fago antibacteriano, péptidos de fago y sus métodos de uso**

30 Prioridad:

17.09.2010 US 38401510 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
20.12.2023

73 Titular/es:

**TECHNOPHAGE, INVESTIGAÇÃO E
DESENVOLVIMENTO EM BIOTECNOLOGIA, SA
(100.0%)**

**Avenida Professor Egas Moniz, Edifício Egas
Moniz, Piso 2, Sala A8
1649-028 Lisboa, PT**

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**

ES 2 956 367 T3

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 sus métodos de uso

5 1. Lista de secuencias

La presente solicitud contiene un Listado de Secuencias que ha sido presentado en formato ASCII a través de EFS-Web. Dicha copia ASCII, creada el 14 de septiembre de 2011, lleva el nombre 16395US1.txt y tiene un tamaño de 3,295,858 bytes.

10

2. Aplicación relacionada

Esta solicitud reclama prioridad de la Solicitud Provisional de EE. UU. Nº 61/384,015, presentada el 17 de septiembre de 2010.

15

3. Campo de la invención

La presente invención se refiere al campo de la terapia de fagos para el tratamiento y control de infecciones bacterianas. En particular, la presente invención se refiere al nuevo bacteriófago F125/10, sus polipéptidos aislados, composiciones que comprenden uno o más de lo nuevo bacteriófago F125/10 y/o polipéptidos aislados; y métodos para el tratamiento y prevención de infecciones bacterianas causadas, e.g., por *Staphylococcus aureus*, ya sea solo o en combinación con otras terapias, e.g., antibióticos u otras terapias basadas en fagos.

20

4. Antecedentes

Los bacteriófagos (fagos) son virus que infectan y lisan específicamente bacterias. La terapia de fagos, un método que utiliza virus fagos completos para el tratamiento de enfermedades infecciosas bacterianas, fue introducida en la década de 1920 por Felix d'Herelle. Inicialmente, se investigó vigorosamente la terapia de fagos y se realizaron numerosos estudios para evaluar el potencial de esta terapia para el tratamiento de infecciones bacterianas en humanos y animales. El éxito inicial impulsó el desarrollo de múltiples preparaciones comerciales de fagos. Por ejemplo, en 1940 la compañía Eli Lilly produjo 7 productos de fagos para uso humano, incluyendo preparaciones de fagos para tratar diversas enfermedades causadas por *Staphylococcus sp.*, *E. coli* y otras bacterias patógenas. Estas preparaciones se utilizaron, e.g., para tratar infecciones que causan abscesos, heridas purulentas, vaginitis, infecciones agudas y crónicas de las vías respiratorias superiores, e infecciones de mastoides.

25

30

Sin embargo, con el desarrollo de los antibióticos en la década de 1940, el interés en las terapias basadas en fagos disminuyó en el mundo occidental. Uno de los factores más importantes que contribuyó a esta disminución fue la falta de protocolos de pruebas estandarizados y métodos de producción. La falta de desarrollo de estándares amplios de la industria para las pruebas de terapias de fagos interfirió con la documentación de los resultados de los estudios, lo que llevó a una percepción de falta de eficacia, así como problemas de credibilidad con respecto al valor de la terapia de fagos. Además, los problemas relacionados con la producción de muestras/especímenes de fagos complicaron el estudio e investigación inicial. Se utilizaron inicialmente diversos estabilizadores y conservantes en un intento de aumentar la viabilidad de las terapias de fagos. Sin embargo, debido a que la biología tanto del fago como de los diferentes estabilizadores se entendía mal, muchos de los ingredientes añadidos en un intento de prolongar la viabilidad de las preparaciones de fagos resultaron ser tóxicos para los humanos o afectaron negativamente el almacenamiento a largo plazo. Otro problema en la producción de fagos se relacionaba con el grado de pureza de las preparaciones comerciales de fagos. En ese momento, las preparaciones de terapia de fagos generalmente consistían en lisados crudos de bacterias hospedadoras que habían sido tratadas con el fago de interés. Por lo tanto, muchas preparaciones contenían componentes bacterianos no deseados, e.g., endotoxinas, que ahora se reconocen como tales. En consecuencia, a menudo se asociaban eventos adversos con las preparaciones, especialmente en pacientes que las recibían por vía intravenosa. No obstante, en Europa del Este y la antigua Unión Soviética, donde el acceso a los antibióticos era limitado, el desarrollo y uso de la terapia de fagos continuaron conjuntamente con, o en lugar de, los antibióticos.

35

40

45

50

Sin embargo, con el aumento de las cepas de bacterias resistentes a los antibióticos, el interés en las terapias basadas en fagos ha regresado al mundo occidental. Aunque pueden desarrollarse nuevas clases de antibióticos, la perspectiva de que las bacterias eventualmente desarrollarán 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 de fagos en un entorno clínico: 1) administrar fagos virulentos; 2) utilizar endolisinas o lisinas purificadas codificadas por el bacteriófago; 3) utilizar proteínas estructurales del fago como inhibidores metabólicos de enzimas bacterianas clave, como las enzimas que sintetizan el peptidoglicano.

55

El documento WO2003080823 revela 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 que incluye un panel de bacteriófagos. Un método para identificar un bacteriófago adecuado para eliminar una bacteria mediante la obtención de una muestra de la bacteria de un paciente o sitio infectado con la bacteria, identificando una o más características de sensibilidad del fago de la bacteria, comparando las características de la etapa de identificación con el rango de hospedadores conocido de cada biblioteca de bacteriófagos, la biblioteca de bacteriófagos que 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

60

65

identificando uno o más bacteriófagos del panel adecuados para eliminar la bacteria. Sin embargo, WO2003080823 no revela un bacteriófago cuyo genoma comprenda una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1 o SEQ ID NO: 560, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluya dicho bacteriófago, o un método para diagnosticar un agente causal de una infección bacteriana que comprenda un paso de contacto del mencionado bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

El documento WO2002076483 se refiere a una composición que comprende bacteriófagos y endotoxinas así como a un medicamento que contiene dicha composición. El documento del estado de la técnica también se relaciona con el uso de dicho medicamento para el tratamiento de enfermedades bacterianas, infecciones fúngicas y/o inflamaciones. La composición del estado de la técnica también puede utilizarse como agente de limpieza y/o desinfectante. Sin embargo, WO2002076483 no revela un bacteriófago cuyo genoma comprenda una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluya dicho bacteriófago o un método para diagnosticar un agente causal de una infección bacteriana que comprenda un paso de contacto del mencionado 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 refiere al uso de un nuevo polipéptido antibacteriano derivado del bacteriófago F87s/06 y sus construcciones quiméricas, y su uso para el tratamiento y control de infecciones causadas por bacterias grampositivas, incluyendo *Staphylococcus aureus*. Sin embargo, WO2010041970 no revela un bacteriófago cuyo genoma comprenda una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluya dicho bacteriófago, o un método para diagnosticar un agente causal de una infección bacteriana que comprenda un paso de contacto del mencionado bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

El documento US20100172918 se refiere a una proteína lisina de origen bacteriófago, más precisamente una proteína lisina que no es dañina para humanos y animales, que comprende células eucariotas debido a su especificidad hacia las bacterias y tiene una amplia actividad antibacteriana, y una composición farmacéutica para la prevención y tratamiento de enfermedades infecciosas causadas por bacterias que contiene dicha proteína lisina como ingrediente activo. Sin embargo, US20100172918 no revela un bacteriófago cuyo genoma comprenda una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1, una proteína aislada de un bacteriófago F391/08, una composición farmacéutica que incluya dicho bacteriófago o un método para diagnosticar un agente causal de una infección bacteriana que comprenda un paso de contacto del mencionado bacteriófago o proteína aislada con el agente causal.

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

5. Sumario de la invención

La presente invención se dirige a bacteriófagos aislados y a polipéptidos antibacterianos aislados de origen bacteriófago para el tratamiento, prevención o manejo de condiciones asociadas con la infección por bacterias Gram positivas o Gram negativas. En particular, el bacteriófago aislado o los polipéptidos de la invención pueden ser utilizados en composiciones farmacéuticas para el tratamiento, profilaxis o manejo de infecciones por patógenos nosocomiales, e.g., bacterias Gram negativas, incluyendo pero no limitándose a *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*; y bacterias Gram positivas, incluyendo pero no limitándose a *Staphylococcus aureus*. En ciertas formas de realizaciones, las composiciones farmacéuticas de la invención son útiles en el tratamiento de condiciones asociadas con infecciones por cepas resistentes a antibióticos de bacterias, e.g., cepas resistentes a la meticilina de *Staphylococcus aureus* (**MRSA**). En formas de realizaciones particulares, el bacteriófago aislado o los polipéptidos de la invención se utilizan para el tratamiento tópico de infecciones por patógenos nosocomiales en un sujeto que lo necesite. En otras formas de realizaciones, el bacteriófago aislado o los polipéptidos de la invención se utilizan para el diagnóstico del agente infeccioso en una muestra (e.g., tejido, sangre, orina, muestra de esputo) obtenida de un paciente. En otras formas de realizaciones, el bacteriófago aislado o los polipéptidos de la invención se utilizan como desinfectante profiláctico o antiinfeccioso para la preparación de superficies sólidas, incluyendo piel u otras superficies epidérmicas.

La invención proporciona un bacteriófago aislado, F125/10, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*.

La invención también comprende bacterias aisladas infectadas con el bacteriófago de la invención. En formas de realizaciones específicas, la invención proporciona un *S. aureus* aislado infectado con uno o más bacteriófagos que tienen un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074.

La presente invención comprende polipéptidos aislados o derivados del bacteriófago F125/10, los cuales polipéptidos

exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más especies o cepas de bacterias Gram-positivas, e.g., *S. aureus*.

En ciertas formas de realizaciones, un polipéptido de la invención comprende o consiste en una lisina aislada, o fragmento de la misma (e.g., un dominio CHAP) que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias, e.g., bacterias Gram-positivas, como *S. aureus*. En realizaciones específicas, el polipéptido de la invención es una proteína lisina aislada, e.g., una endolisina o lisina de cola, que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, o SEQ ID NO: 1261. Las funciones previstas de dichas proteínas de lisina incluyen, e.g., una endolisina (SEQ ID NO: 598), endolisina (SEQ ID NO: 1216), y lisina de cola (SEQ ID NO: 1261).

En otras formas de realizaciones, un polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado de SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 o SEQ ID NO: 1261, donde dicho fragmento, variante o derivado tiene actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, e.g., actividad de muerte lítica, contra una o más cepas de *S. aureus*. En ejemplos específicos de acuerdo con esta realización, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 y/o SEQ ID NO: 1261 exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (e.g., actividad de muerte 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: 1074.

En específicas formas de realizaciones, el polipéptido aislado de la invención comprende o consiste en el dominio CHAP de SEQ ID NO: 598. En aún otras realizaciones, un polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado del dominio CHAP de SEQ ID NO: 598, donde dicho fragmento, variante o derivado tiene actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, e.g., actividad de muerte lítica, contra al menos una o más cepas de *S. aureus*.

En otras formas de realizaciones, un polipéptido de la invención comprende o consiste en una proteína de cola aislada (e.g., componente de cola, proteína de fibra de cola, proteína de medida de longitud de cola, proteína de cola asociada a adsorción, proteína de cola principal, proteína de vaina de cola principal, subunidad de cuña de placa base), o fragmento de la misma, que tiene una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica), que está dirigida contra al menos una o más especies o cepas de *S. aureus*.

En realizaciones específicas, el polipéptido de la invención es una proteína de cola aislada que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: w. En otras realizaciones, un polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado de SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 o SEQ ID NO: 1266, donde dicho fragmento, variante o derivado exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica), que está dirigida contra una o más cepas de *S. aureus*.

Las funciones previstas de dichas proteínas de cola incluyen, por ejemplo, una proteína principal de cola (SEQ ID NO: 1077), proteína principal de vaina de cola (SEQ ID NO: 1250), holina (SEQ ID NO: 1217), y proteína de placa base (SEQ ID NO: 1266).

En ciertas formas de realizaciones, la invención comprende una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 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 (e.g., actividad de muerte lítica), que está dirigida contra una o más cepas de *S. aureus*.

En ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona polipéptidos aislados que muestran actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de eliminación lítica) contra una o más cepas de bacterias, e.g., bacterias Gram-positivas (e.g. *S. aureus*), o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas, em que los polipéptidos aislados tienen una secuencia de aminoácidos con 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 a una segunda secuencia de aminoácidos de la misma longitud (i.e., que consiste del mismo número de residuos), siendo esta segunda secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 598, 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 su fragmento.

La invención además proporciona polipéptidos aislados que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos de cualquiera de SEQ ID NOs: 561-780, SEQ ID NOs: 782-1073, y SEQ ID NOs: 1075-1300. En otras formas de realizaciones, se proporcionan polipéptidos aislados de la invención fusionados recombinantemente o conjugados químicamente (e.g., conjugación covalente o no covalente) a agentes terapéuticos (e.g., polipéptidos heterólogos o moléculas pequeñas).

La invención también comprende polinucleótidos que codifican los polipéptidos de la invención. En una forma de realización específica, la invención proporciona un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de cualquiera de los SEQ ID NOs: 561-780 y SEQ ID NOs: 1075-1300. En otras realizaciones, la invención proporciona un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el

- polipéptido de cualquiera de los SEQ ID NO: 598, 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 su derivado, que polipéptido o fragmento activo, variante o derivado exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se aísla y/o deriva, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica). La invención también se relaciona con un vector que comprende uno o más de dichos ácidos nucleicos. En una realización específica, dicho vector es un vector de expresión. La invención también proporciona células huésped que contienen un vector que comprende uno o más polinucleótidos que codifican uno o más de los polipéptidos de la invención.
- La presente invención abarca métodos para la producción de polipéptidos de la invención o sus fragmentos activos, en particular para su uso en composiciones farmacéuticas, i.e., composiciones antimicrobianas. Por ejemplo, los polipéptidos de la invención pueden aislarse directamente de cultivos celulares (e.g., cultivos celulares bacterianos) infectados con bacteriófago F125/10. Alternativamente, los polipéptidos de la presente invención pueden derivarse por medios recombinantes utilizando vectores de expresión que comprenden secuencias de ácido nucleico que codifican los polipéptidos de la invención, e.g., SEQ ID NO: 598, 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 sus variantes. Los polipéptidos de la invención o sus fragmentos pueden producirse por cualquier método conocido en la técnica para la producción de un polipéptido, en particular, por síntesis química o por técnicas de expresión recombinantes.
- En formas de realizaciones específicas, la invención proporciona un método para producir recombinantemente una proteína de fago, e.g., una proteína lisina, proteína de cola, o un fragmento activo, variante o su derivado, dicho método comprende: (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: 598, 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 su fragmento; y (ii) la recuperación de dicha proteína del mencionado medio. En ciertas formas de realizaciones, la secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de la invención está operativamente vinculada 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 los polipéptidos de la invención pueden utilizarse para ayudar en la determinación de las especies de bacterias en una muestra de paciente al establecer la susceptibilidad de las bacterias en la muestra al bacteriófago y/o polipéptidos de la invención. Estos métodos también abarcan 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 por cualquier método conocido en la técnica y/o descrito aquí. En ciertas formas de realizaciones, la actividad antibacteriana y/o la susceptibilidad se evalúa cultivando bacterias conocidas y/o tejido de paciente, sangre, fluido o muestras de hisopos según técnicas estándar (e.g., en cultivo líquido o en placas de agar), poniendo en contacto el cultivo con el bacteriófago y/o polipéptidos de la invención y monitoreando el crecimiento celular después de dicho contacto. Por ejemplo, en un cultivo líquido, las bacterias (e.g., *S. aureus*) pueden ser cultivadas hasta una densidad óptica ("OD") representativa de un punto medio en el crecimiento exponencial de la cultura; la cultura se expone a una o más concentraciones de uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención y se monitorea la OD en relación con una cultura control. Una OD disminuida en relación con una cultura control es representativa de un bacteriófago y/o polipéptido que muestra actividad antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica) contra la muestra probada o especie bacteriana y/o cepa en la cultura. De manera similar, se pueden permitir que se formen colonias bacterianas en una placa de agar, se expone la placa a un bacteriófago o polipéptido de la invención, y se evalúa el crecimiento subsiguiente de las colonias en relación con las placas de control. Un tamaño reducido de colonias, o un número total reducido de colonias, indica un bacteriófago y/o polipéptido con actividad antibacteriana contra la muestra probada y/o especie o cepa cultivada.
- La presente invención también está dirigida 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: 1074. En ciertas formas de 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: 1074, además de uno o más otros bacteriófagos. El uno o más otros bacteriófagos pueden ser uno o más bacteriófagos de la invención (e.g., que tienen un genoma que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074), una o más de sus cepas, o pueden ser uno o más bacteriófagos conocidos en la técnica distintos de un bacteriófago que tiene un genoma según SEQ ID NO: 1074. Además, el uno o más bacteriófagos en la composición farmacéutica de la invención pueden dirigirse a la misma o diferentes especies o cepas de bacterias. En ciertas formas de realizaciones, las composiciones farmacéuticas que comprenden uno o más bacteriófagos de la invención también comprenden uno o más polipéptidos de la invención y/o otros productos de fagos según se describe aquí o según se conoce en la técnica.
- En ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona composiciones farmacéuticas que comprenden polipéptidos, o sus fragmentos activos, 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: 1074. En realizaciones específicas, las composiciones farmacéuticas de la invención comprenden uno o más polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 598, 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 otras realizaciones, las composiciones farmacéuticas de la invención comprenden un polipéptido que es una variante, derivado o fragmento de SEQ ID NO: 598, 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 donde la variante, derivado o fragmento retiene una función biológica del polipéptido del cual se deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica), preferentemente contra una o más cepas de *S. aureus*.

5 Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden adicionalmente comprender un portador, excipiente o estabilizador farmacéuticamente aceptable. En ciertas formas de realizaciones, las composiciones farmacéuticas de la invención son composiciones antibióticas (en el sentido de que exhiben actividad antibacteriana) o composiciones terapéuticas para el tratamiento, prevención y/o alivio de los síntomas de una enfermedad o trastorno asociado con la infección por bacterias en un sujeto que lo necesite. En formas de realizaciones específicas, las composiciones
10 farmacéuticas de la invención son composiciones antibacterianas o composiciones terapéuticas para el tratamiento, prevención y/o alivio de los síntomas de una enfermedad o trastorno asociado con la infección por *S. aureus*. En ciertas formas de realizaciones, el sujeto que recibe una composición farmacéutica de la invención es un mamífero (e.g., bovino, ovino, caprino, equino, primate (e.g., humano), roedor, lagomorfo o aviar (e.g., pollo, pato, ganso)).

15 La presente invención proporciona métodos para el tratamiento o prevención de infecciones bacterianas que comprenden la administración a un sujeto que lo necesite de una composición farmacéutica que comprende uno o más bacteriófagos o productos de fagos (e.g., un polipéptido de bacteriófago aislado o un fragmento activo, variante o su derivado), opcionalmente además de uno o más otros bacteriófagos u otros productos de fagos, según se describe aquí. En el contexto de la presente invención, "tratamiento" se refiere tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas
20 o preventivas, donde el objeto es eliminar, disminuir, disminuir la gravedad de, ralentizar la progresión de o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (e.g., infección bacteriana) asociada con la condición patológica o trastorno. Las composiciones farmacéuticas descritas aquí pueden utilizarse en el tratamiento o manejo de infecciones asociadas con cualquier infección bacteriana, incluyendo, pero no limitado a *S. aureus*, así como, en ciertas formas de realizaciones, *S. epidermidis*, *S. auricularis*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *M. luteus*,
25 *B. subtilis*, *B. pumilus*, *E. faecalis*, *E. hirae*, *E. faecium*, *E. avium*, y sus combinaciones. En ciertas formas de realizaciones, las composiciones farmacéuticas pueden utilizarse para tratar condiciones o trastornos asociados con infecciones bacterianas, incluyendo, pero no limitado a, endoftalmitis post-operatoria, endocarditis, infecciones del sistema nervioso central, neumonía, osteomielitis, infecciones de heridas (e.g., úlceras de pie diabético), mastitis, septicemia, intoxicación alimentaria, meningitis, infecciones de la piel, abscesos, síndrome de shock tóxico, bacteriemia, y/o otras condiciones
30 asociadas con infecciones bacterianas nosocomiales.

En ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona el uso de un bacteriófago o un producto de fago aislado (e.g., un polipéptido de fago aislado o un fragmento activo, variante o su derivado) como terapia de un solo agente. En otras formas de realizaciones, la invención proporciona el uso de un bacteriófago, o producto de fago (e.g., un polipéptido de fago aislado o un fragmento activo, variante o su derivado), en combinación con un tratamiento estándar o experimental
35 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 (e.g., penicilina, penicilinas sintéticas, bacitracina, metilicina, nafcillina, oxacilina, cloxacilina, vancomicina, teicoplanina, clindamicina, cotrimoxazol, cefalosporina, polimixina, cefaclor. Cefadroxilo, cefamandol nafato, cefazolina, cefixima, cefmetazol, cefonoid, cefoperazona, ceforanida, cefotaxima, cefotetán, cefoxitina, cefpodoxima proxetilo, ceftazidima, ceftizoxima, ceftriaxona, ceftriaxona moxalactam, cefuroxima, cefalexina, cefalosporina C, cefalosporina C sal
40 sódica, cefalotina, cefalotina sal sódica, cefapirina, cefradina, cefuroximaaxetil, dihidratocefalotina, moxalactam, loracarbef mafate y agentes quelantes), agentes anestésicos locales y/o corticosteroides. En otra forma de realización, las composiciones de la presente invención pueden combinarse con uno o más bacteriófagos o productos de fago 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
45 tratamiento general.

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

60 Las composiciones farmacéuticas de la presente invención también pueden utilizarse para usos tradicionalmente no terapéuticos, como agentes antibacterianos en cosméticos, o en aerosoles o soluciones para usar en superficies sólidas para prevenir la colonización de bacterias (i.e., como desinfectantes).

65 La invención también proporciona métodos para la detección de péptidos con actividad antibacteriana. El método comprende el cribado de secuencias contiguas de aminoácidos de al menos 6, 10, 15, 20 o 25 residuos de longitud que están codificadas por los marcos de lectura abiertos de la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1074, para la actividad antibacteriana, dicha actividad antibacteriana se mide por la capacidad de los péptidos para inhibir el crecimiento

bacteriano, e.g., en cultivo de agar o líquido.

5.1 definiciones

5 Tal como se utiliza aquí, 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 residuos de aminoácidos contiguos, 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 forma de realización específica, el fragmento es un fragmento funcional en que retiene al menos una función de la proteína de la cual se aísla (e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., muerte celular lítica)).

Tal como se utiliza aquí, los términos "productos bacteriófagos activos" y "productos bacteriófagos" se refieren a polipéptidos, o fragmentos, variantes o derivados de estos, aislados de un bacteriófago de la invención, que el polipéptido, o fragmento, variante o derivado de este, exhibe una función biológica o actividad asociada con el bacteriófago del cual fue aislado o derivado (e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., muerte celular lítica)).

Tal como se utiliza aquí, 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 célula o tejido del que se deriva, o sustancialmente libre de precursores químicos u otros productos químicos cuando se sintetiza químicamente. La expresión "sustancialmente libre de material celular" incluye preparaciones de un péptido, polipéptido o proteína de fusión en las que el péptido, polipéptido o proteína de fusión se separa de los componentes celulares de las células de las que se aísla o se produce recombinantemente. 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 tiene menos de aproximadamente el 30%, 20%, 10% o 5% (en peso seco) de proteína heteróloga (también referida aquí como una "proteína contaminante"). Cuando el péptido, polipéptido o proteína de fusión se produce recombinantemente, también es preferiblemente sustancialmente libre de medio de cultivo, i.e., el medio de cultivo representa menos de aproximadamente el 20%, 10% o 5% del volumen de la preparación de la 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, i.e., se separa de los precursores químicos u otros productos químicos que intervienen en la síntesis del péptido, polipéptido o proteína de fusión. En consecuencia, tales preparaciones de un péptido, polipéptido, proteína de fusión o anticuerpo tienen menos de aproximadamente el 30%, 20%, 10%, 5% (en peso seco) de precursores químicos o compuestos distintos del péptido, polipéptido o proteína de fusión de interés.

Tal como se utiliza aquí, el término "aislado" en el contexto de 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", como una molécula de DNAC, está sustancialmente libre de otro material celular, o medio de cultivo cuando se produce por técnicas recombinantes, o sustancialmente libre de precursores químicos u otros productos químicos cuando se sintetiza químicamente y puede estar libre de otras moléculas de DNAC u otras moléculas de ADN genómico, e.g., donde se ha aislado de otros clones en una biblioteca de ácido nucleico.

El término "purificado" significa que la concentración del péptido, polipéptido, proteína de fusión o molécula de ácido nucleico ha aumentado mediblemente mediante cualquier proceso de purificación, incluyendo, pero no limitado a, cromatografía en columna, HPLC, precipitación, electroforesis, etc., eliminando parcialmente, sustancialmente, casi completamente o completamente impurezas, como precursores u otros productos químicos involucrados en la preparación del péptido, polipéptido, proteína de fusión o molécula de ácido nucleico. Un experto en la materia apreciará la cantidad de purificación necesaria para un uso dado. Por ejemplo, una proteína aislada destinada a ser utilizada en composiciones terapéuticas para su administración a humanos normalmente debe ser de alta pureza de acuerdo con las normas regulatorias y los buenos procesos de fabricación.

Como se usa aquí, el término "derivado" en el contexto de polipéptidos se refiere a un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que ha sido alterada mediante la introducción de sustituciones, eliminaciones o adiciones de residuos de aminoácidos. El término "derivado" también se refiere a un polipéptido que ha sido modificado, i.e., mediante la unión covalente de cualquier tipo de molécula al polipéptido. Por ejemplo, pero sin limitación, un polipéptido puede ser modificado, e.g., mediante glicosilación, acetilación, pegilación, fosforilación, amidación, derivatización con grupos de protección/bloqueos conocidos, escisión proteolítica, enlace a un ligando celular u otra proteína, etc. Un polipéptido derivado puede ser producido por modificaciones químicas utilizando técnicas conocidas por aquellos con habilidad en la técnica, incluyendo, pero no limitado 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 de polipéptido posee una función similar o idéntica a la del polipéptido del cual se derivó. El término "derivado", en referencia a un polipéptido "derivado" de un organismo, también puede referirse a la aislación de un polipéptido directamente de

dicho organismo (e.g., células bacterianas o fagos).

Como se utiliza aquí, el término "célula huésped" se refiere a la célula sujeto particular que ha sido transfectada con una molécula de ácido nucleico y la progenie o potencial progenie de dicha célula que contiene la molécula de ácido nucleico o una versión de la misma integrada en el cromosoma. La progenie de tal célula puede no ser idéntica a la célula madre transfectada con la molécula de ácido nucleico debido a mutaciones o influencias ambientales que pueden ocurrir en las 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 de bacteriófagos, la célula huésped preferiblemente no es de la misma especie o cepa de la que se aisló o cultivó el bacteriófago.

Como se utiliza aquí, 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 los agentes profilácticos y/o terapéuticos a un sujeto con una enfermedad o trastorno. Un primer agente profiláctico o terapéutico puede ser administrado antes de (e.g., 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 antes), de forma concomitante con, o posterior a (e.g., 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 que lo necesite, e.g., un sujeto con una enfermedad o trastorno.

Como se utiliza aquí, los términos "ácidos nucleicos" y "secuencias de nucleótidos" incluyen moléculas de ADN y/o ARN de una sola hebra y de doble hebra, o combinaciones de estos. Como se utiliza aquí, 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 inversa complementaria de la secuencia de ácido nucleico referenciada utilizando el código genético estándar (i.e., tripletes de codones estándar) como es bien conocido en la técnica.

Como se utiliza aquí, los términos "agente profiláctico" y "agentes profilácticos" se refieren a bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención, que pueden utilizarse en la prevención, tratamiento, manejo o mejoramiento de uno o más síntomas de una enfermedad o trastorno, en particular, una enfermedad o trastorno asociado con una infección bacteriana.

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

Como se utiliza aquí, el término "cantidad terapéuticamente efectiva" se refiere a la cantidad de un agente terapéutico suficiente para resultar en la mejoría de uno o más síntomas de una enfermedad o trastorno, en particular, una enfermedad o trastorno asociado con una infección bacteriana.

Como se usa aquí, los términos "tratar", "tratamiento" y "tratando" se refieren a la mejoría 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 mencionó anteriormente, "tratamiento" y términos relacionados se refieren tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas o preventivas, en las que el objetivo es eliminar, reducir, disminuir la gravedad de, retrasar la progresión de, o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (e.g., infección bacteriana) asociada con la condición patológica o trastorno.

Como se usa aquí, los términos "actividad antibacteriana" y "actividad antimicrobiana" con referencia a un bacteriófago, proteína de bacteriófago aislada (o su variante, derivado o fragmento) o producto de bacteriófago, se utilizan indistintamente para referirse a la capacidad de matar y/o inhibir el crecimiento o reproducción de un microorganismo, en particular, las bacterias de la especie o cepa que el bacteriófago infecta. En ciertas formas de realizaciones, la actividad antibacteriana o antimicrobiana se evalúa cultivando bacterias, e.g., bacterias Gram-positivas (e.g. *S. aureus*), bacterias Gram-negativas (e.g. *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 (e.g., en cultivo líquido o en placas de agar), poniendo en contacto el cultivo con un bacteriófago o polipéptido de la invención y monitorizando el crecimiento celular después de dicho contacto. Por ejemplo, en un cultivo líquido, las bacterias pueden ser cultivadas 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 se monitorea la OD con relación a un cultivo control. Una OD disminuida con relación a un cultivo control es representativa de un bacteriófago o polipéptido que exhibe actividad antibacteriana (e.g., exhibe actividad de muerte lítica). De manera similar, se pueden permitir que las colonias bacterianas se formen en una placa de agar, la placa se expone a un bacteriófago o polipéptido de la invención, y se evalúa el crecimiento subsiguiente de las colonias en relación con las placas de control. Un tamaño disminuido de las colonias, o un número total disminuido de colonias, indica un bacteriófago o polipéptido con actividad antibacteriana.

Como se usa aquí, un "dominio CHAP" se refiere a un dominio de amidasa conservado encontrado en varias hidrolasas de peptidoglicano codificadas por fagos y se traduce como "cisteína, histidina dependientes de amidohidrolasas/peptidasas." Véase, e.g., Rigden D, et al., Trends Biochem Sci. 2003 May 28(5): 230-4. Se encuentra en

una superfamilia de amidasas, incluyendo amidasa GSP e hidrolasas de peptidoglicano. La familia incluye al menos dos tipos diferentes de actividades de escisión de peptidoglicano: amidasa L-muramoil-L-alanina y actividad endopeptidasa D-alanil-glicil. Los dominios CHAP generalmente contienen residuos conservados de cisteína e histidina e hidrolizan sustratos que contienen γ -glutamil. 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 a menudo se encuentran en asociación con otros dominios que cortan el peptidoglicano, e.g., actuando de manera cooperativa para cortar sustratos especializados. Ver también, Bateman A, et al., Trends Biochem Sci. 2003 May 28(5): 234-7.

6. Breve descripción de las figuras

FIGS. 1A-1B: Esquema de la organización del genoma F391/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1. Los marcos de lectura abiertos ("ORFs") 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. Codificación de colores: Negro - ORFs para los cuales se pudo asignar una función basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos similares a proteínas de función desconocida; Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. Los ORFs con funciones asignadas también están enumerados en la figura. La información en la figura también está incluida en forma de tabla en la FIG. 2.

Las FIGS. 2A-2II muestran las características del genoma del bacteriófago F391/08, incluyendo los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORFs del genoma y proporciona para 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 ORFs 1-172 listados en la FIG. 2 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:5-176, respectivamente.

FIG. 3: Esquema de la organización del genoma F394/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 2. Los marcos de lectura abiertos ("ORFs") 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. Codificación de colores: Negro - ORFs para los cuales se pudo asignar una función basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos similares a proteínas de función desconocida; Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. Los ORFs con funciones asignadas también están enumerados en la figura. La información en la figura también está incluida en forma de tabla en la FIG. 4.

Las FIGS. 4A-4K muestran las características del genoma del bacteriófago F394/08, incluyendo los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORFs del genoma y proporciona para 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 ORFs 1-47 listados en la FIG. 4 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO: 177-223, respectivamente.

Las FIGS. 5A-5B: Esquema de la organización del genoma F488/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3. Los marcos de lectura abiertos ("ORFs") predichos en el genoma de aproximadamente 167kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Codificación por colores: Negro - ORFs para los cuales se podría hacer una asignación funcional de productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. Los ORFs asignados funcionalmente también se enumeran en la figura. La información en la figura también se incluye en forma de tabla en la FIG. 6.

Las FIGS. 6A-6DDD: muestran las características del genoma del bacteriófago F488/08, incluyendo los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORFs del genoma y proporciona para 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 ORFs 1-283 listados en la FIG. 6 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:224-506, respectivamente.

FIG. 7: Esquemático de la organización del genoma de F510/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:4. Los marcos de lectura abierta ("ORFs") predichos en el genoma de aproximadamente 43kb están representados por flechas y numerados en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de colores: Negro - ORFs para los cuales se pudo asignar una función a los productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORFs a los que se les asignó una función también están listados en la figura. La información en la figura también se incluye en forma tabular en la FIG. 8.

FIGS. 8 A-8S: Características del genoma del bacteriófago F510/08, incluyendo productos génicos y asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORFs del genoma y proporciona para 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 ORFs 1-53 listados en la FIG. 8 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:507-559, respectivamente.

FIG. 9: Esquema de la organización del genoma de F44/10, que comprende la secuencia de ácidos nucleicos de SEQ ID NO:560. Los marcos de lectura abiertos ("ORF") predichos en el genoma de aproximadamente 137kb se representan con flechas y se numeran en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Codificación de colores: Negro - ORF para los cuales se podría hacer una asignación funcional de productos basada 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 homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. Los ORF con asignación funcional también se enumeran en la figura. La información en la figura también se incluye en forma de tabla en la FIG. 10.

FIGS. 10A-10QQ: Características del genoma del bacteriófago F44/10, incluyendo productos génicos y asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORF del genoma y proporciona para 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 ORFs 1-216, incluyendo ORFs 1a, 1b, 82a, 82b, 82c, 114a, y 114b, listados en la FIG. 10 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:561-780, respectivamente.

FIG. 11: Esquema de la organización del genoma de F387/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:781. Los marcos de lectura abiertos ("ORFs") predichos en el genoma de aproximadamente 167 kb se representan con flechas y se numeran en negro. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Codificación por colores: Negro - ORFs para los cuales se pudo hacer una asignación funcional de productos basada en las funciones conocidas de las proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con las proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORFs a los que se les asignó una función también están listados en la figura. La información en la figura también se incluye en forma de tabla en la FIG. 12.

FIGS. 12A-12AZ: Características del genoma del bacteriófago F387/08, incluyendo productos génicos y asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORFs del genoma y proporciona para 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 ORFs 1-292 listados en la FIG. 12 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO: 782-1073, respectivamente.

FIGS. 13A-13B: Esquema de la organización del genoma del bacteriófago F125/10, que comprende la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1074. Los marcos de lectura abiertos ("ORFs") 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 colores: Negro - ORFs para los cuales se pudo hacer una asignación funcional de los productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos similares a proteínas de función desconocida; Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. Los ORFs con asignación funcional también se enumeran en la figura. La información en la figura también se incluye en forma de tabla en las FIGS. 14A-14ZZZ.

FIGS. 14A-14ZZZ: Características del genoma del bacteriófago F125/10, incluyendo los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de los ORFs del genoma y proporciona para 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 ORFs 1b-221, 1a listados en esta figura codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:1075-1300, respectivamente, incluyendo 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 *S. aureus*. En una realización, se proporcionan bacteriófagos o polipéptidos aislados que exhiben actividad antimicrobiana y/o antibacteriana contra cepas resistentes a la metilicina de *S. aureus* (MRSA). Además, los bacteriófagos y polipéptidos de la invención pueden exhibir actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más especies o cepas de bacterias patógenas, incluyendo pero no limitado a, *S. epidermidis*, *S. auricularis*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *Micrococcus luteus*, *Bacillus subtilis*, *B. pumilus*, *E. hirae* y *E. avium*.

En algunas formas de realizaciones, la invención proporciona un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074. Un ejemplo específico de acuerdo con esta realización es el bacteriófago aislado F125/10, que se dirige a varias cepas de especies de *Staphylococcus*, incluyendo *S. aureus*. Se

proporciona una organización esquemática del genoma FI25/10, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074, en la FIG. 13. Los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma FI25/10 se proporcionan en la FIG. 14. También se proporcionan las posiciones de los ORFs dentro del genoma, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs, proteínas homólogas o similares y dominios conservados dentro del polipéptido codificado, y la asignación de funciones putativas. Los ORFs 1-221, incluyendo la, lb, 36a, 36b, 68a, 68b, 153a y 153b, enumerados en la FIG. 14, codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NOs: 1075-1300, como se indica en la figura.

Staphylococcus aureus es una bacteria Gram-positiva esférica facultativa anaerobia, que crece en racimos similares a uvas con un color dorado característico, y es la causa más común de infecciones por estafilococos. Frecuentemente es parte de la flora de la piel humana y es responsable de una variedad de infecciones, incluyendo granos, forúnculos, síndrome de la piel escaldada, neumonía, gastroenteritis, meningitis, osteomielitis, endocarditis, síndrome de shock tóxico, bacteriemia y sepsis. Continúa siendo una de las cinco causas más comunes de infecciones nosocomiales, causando a menudo infecciones en heridas postquirúrgicas. Se ha estimado que aproximadamente 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). MRSA permaneció como un fenómeno poco común en el entorno hospitalario hasta la década de 1990, cuando hubo una explosión en la prevalencia de MRSA en hospitales, donde ahora se considera endémica, especialmente en el Reino Unido. Johnson AP., et al., *J. Antimicrobial Chemotherapy*, 48(1): 143-144 (2001). *S. aureus* ha demostrado ser una bacteria muy resistente, y se mostró en un estudio que podría sobrevivir en poliéster durante casi tres meses, siendo el poliéster el material principal utilizado en las cortinas de privacidad en los hospitales. Neely, AN., et al., *J. Clin. Microbiol.*, 38(2): 724-726 (2000).

Los siguientes organismos fueron depositados el 16 de septiembre de 20011, con NCIMB Limited, ubicada 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 Patentes ("Tratado de Budapest") y NCIMB ha asignado los números de acceso correspondientes de NCIMB 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; fago de *Pseudomonas aeruginosa* F770/05, NCIMB 41864; fago de *Acinetobacter baumannii* FI245/05, NCIMB 41865; fago de *Staphylococcus aureus* FI25/10, NCIMB 41866; fago de *Staphylococcus aureus* F44/10, NCIMB 41867; y fago de *Pseudomonas aeruginosa* F510/08, NCIMB 41868.

En ciertas formas de realizaciones, el bacteriófago de la invención comprende o consiste en un genoma con una identidad de secuencia de al menos 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% o al menos 99% con la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074, el cual bacteriófago exhibe al menos una actividad biológica, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica), de uno o más de los bacteriófagos F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, FF44/10 y FI25/10. Alternativamente o además, el bacteriófago de la invención puede tener un genoma que comprenda un fragmento funcional de la secuencia de ácido nucleico de 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 provee bacterias aisladas infectadas con uno o más de los bacteriófagos de la invención. En ciertas formas de realizaciones, la invención provee *S. aureus* aisladas infectadas con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 560 y/o SEQ ID NO: 1074.

La invención proporciona métodos de producción y aislamiento de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074.

En aún más realizaciones, 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 SEQ ID NO: 1074 que comprende (i) obtener una cultura de *S. aureus*, (ii) infectarla con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa de la cultura; y (iv) aislar de la cultura el bacteriófago.

Los bacteriófagos pueden ser aislados de una muestra bacteriana utilizando cualquier método descrito aquí o conocido en la técnica (véase, e.g., Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," *In*, Kurter y Sulakvelidze (Eds) *Bacteriófagos: Biología y Aplicaciones*, 5ª ed. CRC Press (2005)).

En formas de realizaciones específicas, el polipéptido de la invención es una lisina aislada de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en SEQ ID NO: 1074 (e.g., bacteriófago FI25/10). En realizaciones específicas, el polipéptido de la invención es una lisina, e.g., una endolisina o lisina de cola, que tiene la secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, o SEQ ID NO: 1261. Las funciones previstas de dichas lisinas incluyen, por ejemplo una endolisina (SEQ ID NO: 598), endolisina (SEQ ID NO: 1216), y lisina de cola (SEQ ID NO: 1261).

En otras formas de realizaciones, el polipéptido aislado de la invención es un fragmento, variante o derivado de una endolisina o lisina aislada de un bacteriófago de la invención, el cual fragmento, variante o derivado exhibe al menos una actividad biológica, preferiblemente actividad antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica), de la endolisina, lisina o

bacteriófago del cual está aislado o derivado. Por lo tanto, en ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona polipéptidos aislados que son fragmentos, variantes o derivados de endolisinas o lisinas aisladas de un bacteriófago de la invención, los cuales fragmentos, variantes o derivados exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana (por ejemplo, actividad lítica) contra *S. aureus*. En otras realizaciones, los polipéptidos aislados son fragmentos, variantes o derivados de endolisinas o lisinas aisladas de un bacteriófago de la invención que exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana (e.g., actividad de muerte lítica) contra una o más especies de bacterias distintas de *S. aureus*. En ciertas formas de realizaciones, el polipéptido de la invención comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 598, o un fragmento, variante o su derivado, el cual polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *S. aureus*. En aún más realizaciones, el polipéptido de la invención comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1216 y/o SEQ ID NO: 1261, o un fragmento, variante o su derivado, el cual polipéptido exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más cepas de *S. aureus*, e.g., contra el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1074.

En ciertas formas de realizaciones, el polipéptido de la invención comprende o consiste en un dominio CHAP aislado de una endolisina o lisina del bacteriófago FI25/10. Se ha demostrado que los dominios CHAP aislados retienen la actividad antibacteriana, e.g., la actividad lítica, de la endolisina o lisina de la cual se derivan; los dominios CHAP pueden ser identificados y aislados mediante métodos rutinarios en la técnica (véase, e.g., Rigden et al., 2003, *Trends Biochem. Sci.* 28:230-234; Bateman et al., 2003, *Trends Biochem. Sci.* 28:234-237). En realizaciones específicas, el polipéptido de la invención comprende o consiste en un dominio CHAP aislado de un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, o SEQ ID NO: 1261. En otras realizaciones, la invención proporciona un fragmento, variante o derivado de un dominio CHAP aislado de una endolisina o lisina de bacteriófago FI25/10, el cual fragmento, variante o derivado exhibe al menos una actividad biológica, e.g., la actividad lítica celular, del dominio CHAP del cual se derivó.

En ciertas formas de realización, un polipéptido de la invención comprende o consiste en una proteína de cola (por ejemplo, componente de cola, proteína de fibra de cola, proteína de cola asociada a la adsorción, proteína de medida de cinta de longitud de cola, subunidad de cuña de placa base), o fragmento, variante o su derivado, aislado de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en **SEQ ID NO: 1074** (e.g., FI25/10 respectivamente), en donde la proteína de cola, o fragmento, variante o derivado de la misma tiene una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, por ejemplo, antimicrobiana o actividad antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica). En formas de realización específicas, la actividad antimicrobiana o antibacteriana de la proteína de cola se dirige contra al menos una o más especies o cepas de *S. aureus*. En formas de realización específicas, el polipéptido de la invención es una proteína de cola que tiene la secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 o SEQ ID NO: 1266. En otras formas de realización, el polipéptido aislado de la invención es un fragmento, variante o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 o SEQ ID NO: 1266, que fragmento, variante o derivado exhibe al menos una actividad o función biológica del bacteriófago del cual se aísla o deriva, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de muerte lítica). En las formas de realización preferidas, la al menos una actividad o función biológica del fragmento, variante o derivado se dirige contra una o más cepas de *S. aureus*.

Las funciones previstas de dichas proteínas de cola incluyen, por ejemplo, una proteína principal de cola (SEQ ID NO: 1077); holina (SEQ ID NO: 1217); proteína principal de la vaina de la cola (SEQ ID NO: 1250); y proteína de la placa base (SEQ ID NO: 1266).

En ciertas formas de realización, la invención abarca una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de 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 (e.g., actividad de muerte lítica), que función se dirige contra una o más cepas de *S. aureus*.

En ciertas formas de realización, el polipéptido aislado de la invención es una variante de un polipéptido de bacteriófago, que 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 SEQ ID NO: 598, 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 donde la variante exhibe al menos una función o actividad biológica del bacteriófago del cual se derivó (por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (por ejemplo, actividad de muerte lítica)) contra una o más cepas de bacterias, por ejemplo, bacterias Gram-positivas (e.g., *S. aureus*), bacterias Gram-negativas (e.g., *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa*) o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas.

En ciertas formas de realización, la invención proporciona un polipéptido aislado que tiene una secuencia de aminoácidos de cualquiera de, SEQ ID NOs: 561-780, y SEQ ID NOs: 1075-1300 y sus fragmentos biológicos activos. En las formas de realización preferidas, el polipéptido variante de la invención exhibe al menos una actividad biológica asociada con el polipéptido o bacteriófago del cual fue aislado o derivado, por ejemplo, actividad lítica dirigida contra al menos una o más cepas de *S. aureus*.

En otras formas de realización, la invención proporciona una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica la secuencia de aminoácidos de una de, SEQ ID NOs: 561-780, y SEQ ID NOs: 1075-1300 y sus fragmentos activos. En otras formas de realización, 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.

En ciertas formas de realización, los polipéptidos de la presente invención están fusionados recombinantemente o conjugados químicamente (incluyendo conjugaciones tanto covalentes como no covalentes) a agentes terapéuticos, por ejemplo, polipéptidos heterólogos o moléculas pequeñas, para generar proteínas de fusión o polipéptidos quiméricos. La fusión no necesita ser necesariamente directa, sino que puede ocurrir a través de secuencias de enlace o mediante conjugación química. Ejemplos no limitantes de agentes terapéuticos a los cuales pueden ser conjugados los polipéptidos de la invención son citotoxinas peptídicas o no peptídicas (incluyendo antimicrobianos y/o antibióticos), moléculas trazadoras/marcadoras (por ejemplo, radionúclidos y fluoróforos) y otros compuestos antibióticos o antibacterianos conocidos en la técnica.

6.2 composiciones antibióticas

El bacteriófago aislado o los polipéptidos de la presente invención pueden administrarse solos o incorporarse en una composición farmacéutica para su uso en el tratamiento o profilaxis de infecciones bacterianas, e.g., infecciones causadas por bacterias que incluyen, pero no se limitan a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus*. Los polipéptidos pueden combinarse con un portador, excipiente o estabilizador farmacéuticamente aceptable. Los ejemplos de portadores, excipientes y estabilizadores farmacéuticamente aceptables incluyen, pero no se limitan a, tampones como fosfato, citrato y otros ácidos orgánicos; antioxidantes como ácido ascórbico; polipéptidos de bajo peso molecular; proteínas, como albúmina sérica y gelatina; polímeros hidrofílicos como polivinilpirrolidona; aminoácidos como glicina, glutamina, asparagina, arginina o lisina; monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos que incluyen glucosa, manosa o dextrinas; agentes quelantes como EDTA; alcoholes de azúcar como manitol o sorbitol; contraiones formadores de sal como sodio; y/o tensioactivos no iónicos como TWEEN™, polietilenglicol (PEG) y PLURONICS™. Las composiciones farmacéuticas de la presente invención (e.g., composiciones antibacterianas) también pueden incluir un lubricante, un agente humectante, un edulcorante, un agente saborizante, un emulsionante, un agente suspensor y un conservante, e.g., además de los ingredientes anteriores.

El bacteriófago y/o los 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 describe aquí y/o conocidos en la técnica (e.g., una o más lisinas). Por lo tanto, las composiciones farmacéuticas de la invención pueden comprender 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 conocidos en la técnica. En formas de realizaciones específicas, los componentes terapéuticos de una combinación se dirigen a dos o más especies o cepas de bacterias o exhiben una actividad enzimática diferente. Por ejemplo, las lisinas en general exhiben una de las actividades de amidasa, endopeptidasa, muramidasa o glucosamidasa. En consecuencia, la combinación de lisinas que exhiben diferentes actividades puede proporcionar un refuerzo sinérgico a la actividad terapéutica de la composición farmacéutica de la invención.

En algunas formas de realizaciones, se combinan varios bacteriófagos para proporcionar un "cóctel de fagos". En algunas formas de 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 formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende de 2 a 20 fagos, de 2 a 15 fagos, de 2 a 10 fagos, de 3 a 8 fagos o de 4 a 6 fagos.

En algunas formas de realización, al menos un fago del cóctel es un fago con actividad antibacteriana contra al menos una bacteria Gram-negativa, incluyendo pero no limitado a *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*; y/o contra al menos una bacteria Gram-positiva, incluyendo pero no limitado a *Staphylococcus aureus*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F391/08, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumoniae*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F394/08, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:2 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F488/08, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Escherichia coli*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F510/08, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:4 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F44/10, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:560 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F387/08, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:781 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumoniae*. En ciertas formas de realización, al menos un fago del cóctel es F125/10, con un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1074 y que exhibe actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Staphylococcus aureus*.

- En ciertas formas de realizaciones, al menos un fago del cóctel es F170/08, teniendo un genoma como se divulga en WO 2010/090542, y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Enterococcus faecalis* o *faecium*. En ciertas formas de realizaciones, al menos un fago del cóctel es F168/08, teniendo un genoma como se divulga en WO 2010/090542, y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Enterococcus faecalis* o *faecium*. También se describe aquí que al menos un fago del cóctel es F770/05, teniendo un genoma como se divulga en WO 2010/090542, y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginos*. En ciertas formas de realizaciones, al menos un fago del cóctel es F1245/05, teniendo un genoma como se divulga en WO 2010/090542, y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*.
- En ciertas formas de realizaciones preferidas, la invención proporciona un cóctel que comprende un fago con actividad biológica contra *Acinetobacter*. Por ejemplo, el cóctel puede contener F394/08 y/o F1245/05, que exhiben 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 un fago adicional 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 pneumoniae* 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 un fago adicional seleccionado de F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F1245/05, F170/08, F168/08, F770/05, y F125/10. En ciertas formas de realizaciones, 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. Por ejemplo, el cóctel de fagos comprende F488/08 en combinación con al menos un fago adicional seleccionado de F391/08, F510/08, F44/10, F394/08, F387/08, F170/08, F168/08, F1245/05, F770/05, y F125/10.
- En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos 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 un fago adicional seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F1245/05, y F125/10. En ciertas formas de realización, 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 formas de realización, el cóctel de fagos comprende F44/10 y/o F125/10 en combinación con al menos un fago adicional seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05, y F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, 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, en ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F170/08 y/o F168/08 en combinación con al menos un fago adicional seleccionado de F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08, F770/05, F1245/05, y F125/10.
- En ciertas formas de realizaciones, 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. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F488/08 y F510/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F44/10, F387/08, F170/08 y F168/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos se compone de F391/08, F394/08, F770/05 y F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, 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. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F387/08 y/o F170/08. En ciertas formas de realizaciones, 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. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F391/08, F394/08, F770/05 y F1245/05.
- En ciertas formas de realizaciones, un cóctel de fagos comprende F125/10, F391/08, F394/08 y F488/08. En ciertas formas de realizaciones el cóctel de fagos que comprende F125/10, F394/08, F488/08 y F510/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F125/10, F488/08, F510/08 y F44/10. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F125/10, F44/10, F387/08 y F170/08. En ciertas formas de realizaciones el cóctel de fagos comprende F125/10, F170/08, F168/08 y F770/05. En ciertas formas de realizaciones el cóctel de fagos comprende F125/10, F770/05, F1245/05 y F391/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F125/10, F510/08, F44/10, F387/08. En ciertas formas de realizaciones el cóctel de fagos que comprende F125/10, F387/08, F170/08, F168/08. En ciertas formas de realizaciones el cóctel de fagos que comprende F125/10, F168/08, F770/05 y F1245/05. En ciertas formas de realizaciones el cóctel de fagos que comprende F125/10, F1245/05, F391/08 y F394/08.
- En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/08, F510/08 y/o F44/10. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/08, F44/10 y/o F387/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/08, F387/08 y/o F170/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/08, F170/08 y/o F168/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/08, F168/08 y/o F770/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/08, F770/05 y/o F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/08, F1245/05 y/o F391/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos

- comprende F488/08, F510/08, F44/10 y/o F387/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F387/08 y/o F170/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F170/08 y/o F168/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F168/08 y/o F770/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F770/05 y/o F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F1245/05 y/o F391/08. En ciertas formas de realizaciones el un cóctel de fagos que comprende F488/08, F510/08, F391/08 y/o F394/08.
- En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F168/08 y/o F770/05. También se describe aquí un cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F770/05 y/o F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F1245/05 y/o F391/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F391/08 y/o F394/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F394/08 y/o F488/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F488/08 y/o F510/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F510/08 y/o F44/10. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F44/10 y/o F387/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F387/08 y/o F170/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F170/08 y/o F168/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F168/08 y/o F770/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F770/05 y/o F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F1245/05 y/o F391/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F391/08 y/o F394/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F394/08 y/o F488/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F387/08, F170/08, F488/08 y/o F510/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F387/08, F170/08, F510/08 y/o F44/10.
- En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F387/08 y/o F170/08. En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F170/08 y/o F168/08. En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F168/08 y/o F770/05. En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F770/05 y/o F1245/05. En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F1245/05 y/o F391/08. En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F391/08 y/o F394/08. En algunas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F510/08, F44/10, F394/08 y/o F488/08.
- En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F170/08, y/o F168/08. En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F168/08 y/o F770/05. En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F770/05, y/o F1245/05. En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F1245/05, y/o F391/08. En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F391/08, y/o F394/08. En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F394/08 y/o F488/08. En algunas formas de realización, el fago comprende F44/10, F387/08, F488/08 y/o F510/08.
- En algunas formas de realización, la composición del cóctel de fagos puede o no implicar fagos seleccionados para aumentar la vida media *in vivo*, e.g., según lo revelado en US 5,688,501.
- En ciertas formas de realizaciones, un cóctel comprende uno o más polipéptidos aislados de uno o más fagos, y/o un fragmento, variante, o su derivado, en particular un polipéptido, fragmento, variante, o su derivado que tiene actividad antibacteriana o antimicrobiana. El polipéptido, o fragmento, variante, o su derivado descrito aquí comprende o consiste en una lisina (o fragmento de la misma, e.g., un dominio CHAP) y/o una proteína de cola. El polipéptido descrito aquí corresponde a un polipéptido aislado, fragmento, variante, o su derivado, tal como se describe aquí y/o en WO 2010/090542. En algunas formas de realización, el cóctel se administra en ausencia de un polipéptido aislado, como en ausencia de una liasa.
- Otros ejemplos de otros agentes terapéuticos que pueden utilizarse en combinación con el polipéptido de la invención incluyen, pero no se limitan a, antibióticos estándar, agentes antiinflamatorios, agentes antivirales, anestésicos locales y corticosteroides. En algunas formas de realización, el cóctel se administra en ausencia de un antibiótico.
- Antibióticos estándar que pueden utilizarse con composiciones farmacéuticas que comprenden un bacteriófago y/o polipéptido de la invención incluyen, pero no se limitan a, amikacina, gentamicina, kanamicina, neomicina, netilmicina, paromomicina, rodoestreptomina, estreptomina, tobramicina, apramicina, rifamicina, naftomicina, mupirocina, geldanamicina, ansamitocina, carbacefems, imipenem, meropenem, ertapenem, faropenem, doripenem, panipenem/betamipron, biapenem, PZ-601, cefalosporinas, cefacetilo, cefadroxilo, cefalexina, cefaloglicina, cefalonio, cefaloridina, cefalotina, cefapirina, cefatrizina, cefazaflur, cefazedona, cefazolina, cefradina, cefroxadina, ceftazolidina, cefdinir, cefditoren, cefetamet, cefixima, cefmenoxima, ceftazidima, ceftazidima latamoxef, cefclidina, cefepima, cefluprenam, cefoselis, cefozopran, cefpirome, cefquinoma, flomoxef, ceftobiprol, azitromicina, claritromicina, diritromicina, eritromicina, roxitromicina, aztreonam, penicilina y derivados de penicilina, actinomicina, bacitracina, colistina, polimixina B, cinoxacina, flumequina, ácido nalidixico, ácido oxolínico, ácido piromídico, ácido pipemídico, rosóxacin, ciprofloxacina, enoxacina, fleróxacin, lomefloxacina, nadifloxacina, norfloxacina, ofloxacina, pefloxacina, rufloxacina, balofloxacina, gatifloxacina, grepafloxacina, levofloxacina,

- moxifloxacin, pazufloxacin, sparfloxacin, temafloxacin, tosufloxacin, clinafloxacin, garenoxacin, gemifloxacin, stifloxacin, trovalfloxacin, prulifloxacin, acetazolamida, benzolamida, bumetanida, celecoxib, clortalidona, clopamida, diclorfenamida, dorzolamida, etoxizolamida, furosemina, hidroclorotiazida, indapamida, mafendina, mefrusida, metolazona, probenecida, sulfacetamida, sulfadimetoxina, sulfadoxina, sulfanilamidas, sulfametoxazol, sulfasalazina, sultiam, sumatriptán, xipamida, tetraciclina, clortetraciclina, oxitetraciclina, doxiciclina, limeciclina, meclociclina, metaciclina, minociclina, rolitetraciclina, meticilina, nafcilina, oxacilina, cloxacilina, vancomicina, teicoplanina, clindamicina, co-trimoxazol, y cualquier su combinación en cantidades que sean efectivas para mejorar de forma aditiva o sinérgica el efecto terapéutico del bacteriófago y/o polipéptido de la invención para una infección dada.
- 10 Anestésicos locales que pueden usarse en las composiciones farmacéuticas de la presente invención incluyen tetracaína, clorhidrato de tetracaína, lidocaína, clorhidrato de lidocaína, clorhidrato de dimetisoquin, dibucaína, clorhidrato de dibucaína, butambenpicrato y clorhidrato de pramoxina. Una concentración ejemplar de anestésico local es de aproximadamente el 0,025% hasta alrededor del 5% en peso de la composición total.
- 15 Los corticosteroides que pueden ser útiles en combinación con los polipéptidos, bacteriófagos y/o composiciones farmacéuticas de la invención incluyen betametasona, dipropionato, fluocinolona, actínido, valerato de betametasona, actínido de triamcinolona, propionato de clobetasol, desoximetasona, diacetato de diflorasona, amcinonida, flurandrenolida, valerato de hidrocortisona, butirato de hidrocortisona y desonida. Una concentración ejemplar de corticosteroide es de aproximadamente el 0,01% hasta alrededor del 1% en peso de la composición total.
- 20 En ciertas formas de realizaciones, una formulación que comprende un bacteriófago y/o polipéptido de la invención también incluye el tampón SM (0.05 M Tris-HCl (pH 7.4-7.5); 0.1 M NaCl; 10 mM MgSO₄). En otras formas de realizaciones, la formulación incluye adicionalmente el tampón SM y 10 mM MgCl₂. En aún otras formas de realizaciones, la formulación incluye además el tampón SM y aproximadamente 20% o 30% de etanol.
- 25 Las composiciones farmacéuticas que comprenden un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención pueden formularse en una dosis unitaria o formulación de dosis múltiple. Las formulaciones adecuadas pueden seleccionarse del grupo que consiste en ungüentos, soluciones, suspensiones o emulsiones, extractos, polvos, granulados, aerosoles, pastillas, tabletas o cápsulas; y adicionalmente pueden incluir un agente dispersante o un agente estabilizador.
- 30 Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden administrarse por inhalación, en forma de supositorio o pesario, tópicamente (e.g., en forma de loción, solución, crema, ungüento o polvo para espolvorear), epi o transdérmicamente (e.g., mediante el uso de un parche para la piel), por vía oral (e.g., como una tableta, que puede contener excipientes como almidón o lactosa), como cápsula, óvulo, elixires, soluciones o suspensiones (cada una opcionalmente conteniendo
- 35 saborizantes, colorantes y/o excipientes), o pueden ser inyectadas parenteralmente (e.g., intravenosa, intramuscularmente o subcutáneamente). 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 la solución isotónica con la sangre. Para la administración bucal o sublingual, las composiciones pueden administrarse en forma de tabletas o pastillas que se pueden formular de manera convencional. En una forma de
- 40 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 antibióticos, según se describe aquí o se conoce en la técnica.
- Un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención también puede administrarse de manera dérmica o transdérmica. Para la aplicación tópica en la piel, el bacteriófago y/o los polipéptidos de la presente invención pueden combinarse con
- 45 uno o una combinación de portadores, que pueden incluir pero no se limitan a, un líquido acuoso, un líquido a base de alcohol, un gel soluble en agua, una loción, un ungüento, una base líquida no acuosa, una base de aceite mineral, una mezcla de aceite mineral y petrolato, lanolina, liposomas, portadores de proteínas como albúmina sérica o gelatina, carmel de celulosa en polvo, y sus combinaciones. Un modo de administración tópico puede incluir una mancha, un aerosol, un vendaje, un parche de liberación retardada, una toallita absorbente de líquido, y sus combinaciones. El bacteriófago y/o
- 50 polipéptido de la invención puede aplicarse a un parche, toallita, vendaje, etc., ya sea directamente o en un portador(es). Los parches, toallitas, vendajes, etc., pueden estar húmedos o secos, donde el bacteriófago y/o polipéptido (e.g., una lisina) está en una forma liofilizada en el parche. Los portadores de composiciones tópicas pueden comprender vehículos semi-sólidos y similares a un gel que incluyen un espesante polimérico, agua, conservantes, tensioactivos activos, o emulsionantes, antioxidantes, protectores solares, y un sistema de solvente o solvente mixto. La Patente de EE.UU. No.
- 55 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, e.g., como se revela en US 2008/0260697. El portador puede o no implicar bacteriófago adsorbido en una matriz, e.g., como se describe en cualquiera de US 2008/0038322, US 2008/0138311, US 2009/0130196, EP 1 812 025, EP 1 817 043, y EP 1 833 497. En algunas formas de realizaciones, el portador puede o no implicar una formulación viscosa, e.g., un gel, e.g., como se revela en US
- 60 2009/0191254.
- Para la administración intranasal o por inhalación, el bacteriófago y/o polipéptido de la invención se entrega convenientemente en forma de un inhalador de polvo seco o una presentación de aerosol desde un recipiente a presión, bomba, aerosol o nebulizador con el uso de un propulsor adecuado, e.g., diclorodifluorometano, triclorofluorometano, diclorotetrafluoroetano, un hidrofluoroalcano como 1,1,1,2-tetrafluoroetano (HFA 134A.TM.) o 1,1,1,2,3,3,3-heptafluoropropano (HFA 227EA.TM.), dióxido de carbono u otro gas adecuado. En el caso de un aerosol a presión, la

unidad de dosis puede determinarse proporcionando una válvula para entregar una cantidad medida. El recipiente a presión, la bomba, el aerosol o el nebulizador pueden contener una solución o suspensión del compuesto activo, e.g., utilizando una mezcla de etanol y el propulsor como solvente, que además puede contener un lubricante, e.g., sorbitán trioleato. Las cápsulas y los cartuchos (hechos, e.g., de gelatina) para su uso en un inhalador o insuflador pueden formularse para contener una mezcla de polvo del bacteriófago y/o polipéptido de la invención y una base de 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, ungüento o polvo para espolvorear. Las composiciones de la invención también pueden administrarse por la vía ocular. Para uso oftálmico, las composiciones de la invención pueden formularse como suspensiones micronizadas en solución salina isotónica, ajustada al pH, estéril, o, preferiblemente, como soluciones en solución salina isotónica, ajustada al pH, estéril, opcionalmente en combinación con un conservante como cloruro de benzilalconio. Alternativamente, pueden formularse en un ungüento como petrolato.

Las dosis y las concentraciones de medicamento 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 las habilidades de un médico ordinario. Los experimentos con animales pueden proporcionar orientación confiable para la determinación de dosis efectivas en la terapia humana. La escala interspecies de dosis efectivas puede ser realizada por una persona con habilidades ordinarias en la materia siguiendo los principios descritos por Mordenti, J. y Chappell, W. "El uso de la escala interspecies en toxicocinética" en Toxicocinética y Desarrollo de Nuevos Medicamentos, 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*, e.g., como se describe en las Tablas 1-7, en los Ejemplos a continuación. Por lo tanto, las composiciones de la presente invención pueden ser útiles en métodos para prevenir y/o tratar infecciones asociadas con *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus* en humanos y animales. En otras formas de realizaciones, las composiciones de la presente invención pueden usarse para tratar infecciones asociadas con especies o cepas relacionadas con estas bacterias, incluyendo, pero no limitado a *S. epidermidis*, *S. auricularis*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *Micrococcus luteus*, *Bacillus subtilis*, *B. pumilus*, *E. hirae*.

En formas de realizaciones específicas, el sujeto que recibe una composición farmacéutica de la invención es un mamífero (e.g., bovino, ovino, caprino, équido, primate (e.g., humano), roedor, lagomorfo o ave (e.g., pollo, pato, ganso)). En el contexto de la presente invención, "tratamiento" se refiere al tratamiento terapéutico, donde el objetivo es eliminar, disminuir, disminuir la gravedad de, mejorar, ralentizar la progresión o prevenir los síntomas o la causa subyacente (e.g., infección bacteriana) asociada con la condición patológica o trastorno. "Tratamiento" se refiere tanto al tratamiento terapéutico como a las medidas profilácticas o preventivas, donde el objetivo es eliminar, disminuir, disminuir la gravedad de, ralentizar la progresión o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (e.g., infección bacteriana) asociada con la condición patológica o trastorno. También se contempla que un bacteriófago y/o polipéptido de la invención actúa como una medida profiláctica o preventiva, previniendo la aparición de una infección causada por una o más bacterias.

pneumoniae, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y *S. aureus* son responsables de muchas infecciones oportunistas graves, particularmente en individuos con sistemas inmunológicos comprometidos. Se contempla que las composiciones farmacéuticas de la presente invención se utilicen para tratar cualquier infección asociada con *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, o asociada con otras especies o cepas de bacterias, incluyendo, pero no limitado a, infecciones de la piel (incluyendo pero no limitado a úlceras cutáneas, carbuncos, úlceras por presión, y úlceras del pie diabético), infecciones en y alrededor de heridas, infecciones postoperatorias, infecciones asociadas con 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 ocurre en aproximadamente el 15% de todos los pacientes diabéticos y resulta en aproximadamente el 85% de todas las amputaciones de la extremidad inferior. (Brem, et al., J. Clinical Invest., 2007, 117(5):1219-1222). La diabetes mellitus impide los pasos normales del proceso de curación de las heridas. Las úlceras diabéticas crónicas que no cicatrizan a menudo se tratan con terapia de reemplazo de la matriz extracelular, terapia avanzada de heridas húmedas, sustitutos de tejido o piel bioingenierizados, factores de crecimiento, desbridamiento, revascularización arterial y/o terapia de heridas con presión negativa. (Blume et.al, Diabetes Care, 2008, 31: 631-636). Las úlceras pueden infectarse con bacterias oportunistas, lo que agrava aún más la condición. Por lo tanto, las úlceras del pie en la diabetes también requieren a menudo antibióticos, e.g., contra *Staphylococcus*, así como otras bacterias anaeróbicas, como *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli* y/o *Pseudomonas aeruginosa*.

Una o más composiciones de la presente invención se utilizan en el tratamiento de la úlcera del pie diabético. Por ejemplo, un fago o polipéptido aislado de la invención se puede utilizar para el tratamiento de infecciones asociadas con la úlcera del pie diabético, en un sujeto que lo necesite. En determinadas formas de realización, la composición utilizada para tratar

la úlcera del pie diabético es una composición tópica, formulada para administración tópica, e.g., una composición para aplicación directa a una úlcera, herida, lesión y/o llaga asociada con la úlcera del pie diabético.

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

En ciertas formas de realización, se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, e.g., donde 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. En formas de realización 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 formas de realización particularmente preferidas, el cóctel de fagos comprende F44/10 y/o F125/10 en combinación con uno, dos, tres o más otros fagos seleccionados de F391/08, F387/08, F488/08, F510/08 y/o F770/05.

En ciertas formas de realizaciones, una composición para uso en relación con la úlcera del pie diabético comprende F391/08 aislado y/o F387/08, teniendo un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 781, respectivamente, y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Klebsiella pneumoniae*. Se describe aquí que se utiliza una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F391/08 y/o F387/08, o un fragmento, variante o su derivado, el cual polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *K. pneumoniae*. En ciertas formas de realización, el polipéptido, o fragmento, variante o su derivado, es una lisina, un dominio CHAP, o una proteína de cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *K. pneumoniae*. En ciertas formas de realización, se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, e.g., donde 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 una bacteria diferente. Se describe aquí 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 aquí que el cóctel de fagos comprende F391/08 y/o F387/08 en combinación con uno, dos, tres o más otros fagos seleccionados de F44/10, F488/08, F510/08 y/o F770/05.

En ciertas formas de realizaciones, una composición para uso en relación con la úlcera del pie diabético comprende F488/08 aislado, teniendo un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3 y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Escherichia coli*. También se describe aquí que se utiliza una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F488/08, o un fragmento, variante o su derivado, el cual polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *E. coli*. El polipéptido, o fragmento, variante o su derivado descrito aquí, es una lisina, un dominio CHAP, o una proteína de cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *Escherichia coli*. Se describe aquí que se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, e.g., donde 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 formas de realización 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 formas de realización particularmente preferidas, el cóctel de fagos comprende F488/08 en combinación con uno, dos, tres o más otros fagos seleccionados de F391/08, F387/08, F44/10, F125/10, F510/08 y/o F770/05.

En ciertas formas de realizaciones, la composición para uso en relación con la úlcera del pie diabético comprende F510/08 y/o F770/05 aislados, teniendo un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:4 o como se divulga en WO 2010/090542, respectivamente, y exhibiendo actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. Se describe aquí que se utiliza una composición que comprende un polipéptido aislado del bacteriófago F510/08 y/o F770/05, o un fragmento, variante o su derivado, el cual polipéptido, fragmento, variante o derivado exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *P. aeruginosa*. Se describe aquí que el polipéptido, o fragmento, variante o su derivado, es una lisina, un dominio CHAP, o una proteína de cola, que exhibe actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. Se describe aquí que se utiliza una composición que comprende un cóctel de fagos, e.g., donde 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 aquí 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 aquí un cóctel de fagos que comprende F510/08 y/o F770/05 en combinación con uno, dos, tres o más 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 están asociados con infecciones que involucran sistemas de órganos que tienen un alto contenido de líquido, y se contempla que los bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención tienen uso terapéutico en la prevención y tratamiento de estas infecciones. Por ejemplo, las composiciones farmacéuticas de la invención pueden ser utilizadas para la prevención o tratamiento de infecciones del tracto respiratorio, del líquido cefalorraquídeo, del líquido peritoneal y del tracto urinario. Las composiciones de la invención también pueden ser utilizadas para prevenir y/o tratar la neumonía nosocomial, las infecciones asociadas con la diálisis peritoneal ambulatoria continua (CAPD), la bacteriemia asociada a catéter, y la meningitis nosocomial.

En una forma de realización preferida, un bacteriófago y/o polipéptido de la invención se utiliza profilácticamente en un entorno hospitalario, especialmente para prevenir infecciones asociadas con heridas, úlceras y aberturas en la piel, e.g., debido a la cateterización y otros procedimientos o dispositivos médicos.

En ciertas formas de realizaciones, un bacteriófago y/o polipéptido de la invención se utiliza como 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 formas de realizaciones de la invención, un bacteriófago y/o polipéptido de la invención se utiliza en combinación con otros agentes, incluidos otros bacteriófagos (e.g., que apuntan a una especie o cepa diferente de bacterias), o con antibióticos que apuntan a bacterias del mismo tipo o diferentes, incluyendo bacterias seleccionadas de cualquier bacteria grampositiva, cualquier bacteria gramnegativa y cualquier otro grupo de bacterias que no esté clasificado como grampositivo o gramnegativo. Las composiciones de la invención también pueden utilizarse en combinación con cualquier otro medio para tratar infecciones bacterianas conocido por una persona con habilidades en el técnica.

También se contemplan en la invención métodos para prevenir y tratar una infección causada por bacterias, incluyendo, pero no limitado a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, que comprenden la administración a un mamífero que lo necesite una composición que contiene un lisina que comprende o consiste en la 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**, **SEQ ID NO: 1261**, o un fragmento, variante o su derivado, en donde el fragmento, variante o derivado muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana contra la especie de bacterias de la cual fue aislado el bacteriófago parental. 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 la administración a un mamífero que lo necesite una composición que contiene un dominio CHAP aislado de una lisina, o un fragmento, variante o su derivado que muestra al menos una actividad biológica del dominio CHAP del cual fue aislado (e.g., muerte lítica de células).

En ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona métodos para prevenir y/o tratar una infección causada por bacterias, incluyendo, pero no limitado a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, que comprende la administración a un mamífero que lo necesite una composición que contiene una proteína de cola que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de **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** o **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**, **SEQ ID NO: 1266**, o un fragmento, variante o su derivado, en donde el fragmento, variante o derivado muestra una actividad biológica asociada con el bacteriófago del cual fue derivado.

En otras formas de realizaciones, la invención proporciona métodos para prevenir y/o tratar una infección causada por bacterias, incluyendo, pero no limitado a, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*, que comprende la administración a un mamífero que lo necesite una composición que contiene bacteriófagos con un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de **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 contemplan combinaciones de las lisinas (o fragmentos, variantes o derivados de las mismas como se describió anteriormente) y proteínas de cola (o fragmentos, variantes o derivados de las mismas como se describió anteriormente), opcionalmente con uno o más bacteriófagos de la invención o con otros tratamientos, como antibióticos, así como métodos para tratar y/o prevenir una infección bacteriana utilizando una o más de las combinaciones descritas aquí.

Como se usa aquí, 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 los agentes profilácticos y/o terapéuticos a un sujeto con una enfermedad o trastorno. Un primer agente profiláctico o terapéutico puede administrarse antes (e.g., 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 antes),

concomitantemente o posteriormente (e.g., 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) a 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 de desinfectantes y antiinfecciosos

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

Los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención pueden ser utilizados en composiciones antiinfecciosas para controlar el crecimiento de bacterias (e.g., bacterias Gram positivas (e.g., *S. aureus*), bacterias Gram negativas (e.g., *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli* y *P. aeruginosa*), o bacterias no clasificadas como ni Gram positivas ni Gram negativas), con el fin de prevenir o reducir la incidencia de infecciones nosocomiales. Además de su uso en composiciones para su aplicación en membranas mucosas, un bacteriófago y/o polipéptido de la presente invención también puede ser incorporado en formulaciones como geles, cremas, ungüentos o aerosoles para controlar o prevenir la colonización de bacterias en superficies corporales (e.g., piel y membranas mucosas) (e.g., para la esterilización de campos quirúrgicos o de las manos y piel expuesta de trabajadores de la salud y/o pacientes) y otras superficies sólidas (e.g., electrodomésticos, mostradores y, en particular, equipo hospitalario).

6.5 Uso en nanotecnología

Los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención también pueden ser utilizados en nanotecnología, e.g., en el desarrollo de dispositivos a escala nanométrica. La combinación de nanotecnología y biología molecular ha llevado a una nueva generación de dispositivos basados en nanotecnología, como conductores a escala nanométrica. Los sistemas biológicos funcionan basados en la estructura de macromoléculas, principalmente proteínas y ácidos nucleicos, que están organizadas estructuralmente a nivel nanométrico. Por lo tanto, las macromoléculas biológicas pueden encontrar uso en aplicaciones a escala nanométrica. En particular, las proteínas con estructuras altamente organizadas pueden ser utilizadas en el desarrollo de dispositivos a escala nanométrica.

En ciertas formas de realizaciones, un polipéptido de la invención comprende o consiste en una proteína de cola (e.g., componente de cola, proteína de fibra de cola, proteína de cola asociada a la adsorción, proteína de medida de cinta de cola, subunidad de cuña de placa base) o un fragmento, variante o derivado de la misma, aislado de un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en 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 (e.g., bacteriófago F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 o F125/10, respectivamente), que puede ser utilizado en aplicaciones nanotecnológicas. Por ejemplo, las proteínas de cola de las fibras de cola del fago pueden tener estructuras altamente organizadas y pueden encontrar uso en conductores a escala nanométrica. Tales conductores pueden ser utilizados, e.g., para depositar oro y/u otros iones.

En ciertos modos de realización específicos, el polipéptido de la invención utilizado en nanotecnología 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 formas de realizaciones el polipéptido descrito aquí comprende un fragmento, variante o derivado de 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, donde dicho fragmento, variante o derivado posee una estructura altamente organizada. Dichos polipéptidos encuentran uso, e.g., en conductores a escala nanométrica, como se describió anteriormente.

6.6 Métodos de diagnóstico

En la presente invención también se abarcan métodos diagnósticos para determinar el agente causante de una infección bacteriana. En ciertos modos de realización, el diagnóstico del agente causante en una presentación de infección

bacteriana se realiza mediante (i) el cultivo de muestras de tejido, sangre o fluidos de un paciente según técnicas estándar; (ii) el contacto del cultivo con uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención; y (iii) la monitorización del crecimiento celular y/o evidencia de lisis después de dicho contacto. Debido a que la actividad de los bacteriófagos y/o sus productos aislados (e.g., polipéptidos o fragmentos, variantes o sus derivados biológicamente activos) tiende a ser específica de especies o cepas, la susceptibilidad o falta de susceptibilidad a uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención puede ser indicativa de la especie o cepa de la bacteria infecciosa. Por ejemplo, el decrecimiento del crecimiento de cultivos de prueba después del 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 de este o derivado de él, puede ser indicativo de que la muestra de prueba contiene *K. pneumoniae*. De manera similar, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 2, o un polipéptido aislado o derivado de este, 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 polipéptido aislado o derivado de este, puede usarse para identificar la infección por *E. coli*; mientras que aquel que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 4, o un polipéptido aislado o derivado de este, puede usarse para identificar la infección por *P. aeruginosa*; y aquel que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 560 o 1074, o un polipéptido aislado o derivado de este, puede usarse para identificar la infección por *S. aureus*.

Además, en ciertas formas de realizaciones, bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención pueden ser utilizados en biosensores en el ámbito de los diagnósticos. Como se utiliza aquí, "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 los receptores bacterianos pueden ser utilizadas en el desarrollo de biosensores diagnósticos.

En ciertas formas de realizaciones, un polipéptido descrito aquí comprende o consiste en una proteína de cola (e.g., componente de cola, proteína de fibra de cola, proteína asociada a la adsorción de cola, proteína de medida de longitud de cola, subunidad de cuña de placa base), o fragmento, variante o su derivado, aislado de un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en 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 (e.g., bacteriófago F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 o F125/10, respectivamente), puede ser utilizado en aplicaciones de biosensores. Por ejemplo, una proteína de cola de fago puede reconocer específicamente una o más especies y/o cepas bacterianas, y por lo tanto puede ser útil en diagnósticos mediante biosensores. La detección de ciertas especies y/o cepas bacterianas por uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención puede indicar la especie o cepa de la bacteria infectiva.

En formas de realizaciones específicas, el polipéptido descrito aquí utilizado 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 otros modos de realización, el polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado de 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, donde dicho fragmento, variante o derivado es capaz de reconocer específicamente una bacteria, e.g., una especie específica y/o una o más cepas específicas de la bacteria. Dichos polipéptidos pueden utilizarse, e.g., en biosensores para detectar bacterias específicas y/o diagnosticar ciertas infecciones, como se describió anteriormente.

Generalmente, la proteína de cola del fago para usar en un biosensor detectará su bacteria huésped, o una o más especies específicas y/o cepas específicas de la bacteria huésped. En consecuencia, en ciertos modos de realización, la invención abarca una proteína de cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, o SEQ ID NOs: 32-35, o una variante, fragmento o derivado de la misma, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *K. pneumoniae*. Dicha detección puede ser indicativa de una infección por *K. pneumoniae*. En ciertos modos de realización, la invención abarca una proteína de cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, o SEQ ID NO: 190, o una variante, fragmento o su derivado, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *A. baumannii*. Dicha detección puede ser indicativa de una infección por *A. baumannii*. En ciertos modos de realización, la invención abarca una proteína de cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de 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 o SEQ ID NO: 496, o una variante, fragmento o derivado de la misma, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *E. coli*. Dicha detección puede ser indicativa de una infección por *E. coli*.

En ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona una proteína de cola correspondiente a la secuencia de

aminoácidos de SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549 o SEQ ID NO: 551, o una variante, fragmento o derivado de la misma, 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 aquí una proteína de cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de 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 de la misma, que reconoce y puede detectar una o más cepas de *S. aureus*. Dicha detección puede ser indicativa de una infección por *S. aureus*. También se describe aquí una proteína de cola correspondiente a la secuencia de aminoácidos de 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 su derivado, 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 formas de realizaciones, la invención abarca el uso de más de una proteína de cola, e.g., una combinación de dos o más de las proteínas de cola proporcionadas anteriormente, en un biosensor para detectar más de una especie y/o cepa bacteriana. El biosensor también puede incluir proteínas adicionales y/o otros agentes para detectar las mismas o diferentes bacterias.

6.7 Variantes de aminoácidos

Las variantes de secuencia de aminoácidos de los polipéptidos de la invención pueden ser creadas. En algunas modalidades, pueden ser variantes sustitucionales, insertionales y/o delecciones. Las variantes delecciones carecen de uno o más residuos de la proteína nativa que típicamente no son esenciales para su función (e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana). Los mutantes insertacionales implican típicamente la adición de material en un punto no terminal del polipéptido. Las variantes de sustitución implican típicamente el intercambio de un aminoácido por otro en uno o más sitios dentro del polipéptido, y pueden estar diseñadas para modular una o más propiedades del polipéptido, como la estabilidad contra la clivaje proteolítico, preferiblemente sin pérdida (o pérdida sustancial) de otras funciones o propiedades. Las sustituciones de este tipo preferentemente son conservadoras, i.e., se reemplaza un aminoácido por otro de forma y carga similares. Las sustituciones conservadoras son bien conocidas en la técnica e incluyen, e.g., cambios de: alanina a serina; arginina a lisina; asparagina a glutamina o histidina; aspartato a glutamato; cisteína a serina; glutamina a asparagina; glutamato a aspartato; glicina a prolina; histidina a asparagina o glutamina; isoleucina a leucina o valina; leucina a valina o isoleucina; lisina a arginina; metionina a leucina o isoleucina; fenilalanina a tirosina, leucina o metionina; serina a treonina; treonina a serina; triptófano a tirosina; tirosina a triptófano o fenilalanina; y valina a isoleucina o leucina.

Una vez que se identifican áreas generales del gen que codifican una actividad antibacteriana particular, e.g., como una lisina según se describe aquí, se puede emplear la mutagénesis puntual para identificar con mayor precisión qué residuos de aminoácidos son importantes en la actividad antibacteriana. Por lo tanto, una persona experta en la técnica podrá generar, e.g., cambios de una sola base en la hebra de ADN para obtener un codón alterado y/o una mutación con cambio de sentido que preserve la función deseada.

Preferentemente, 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 en la estructura de una proteína sin una pérdida detectable o sustancial de la función (e.g., actividad antibacteriana o antimicrobiana). Al hacer tales cambios, se puede tener en cuenta el índice hidropático de los aminoácidos. La importancia del índice hidropático de los aminoácidos para conferir una función biológica interactiva a una proteína es ampliamente comprendida en el campo. Se acepta que el carácter hidropático relativo de los aminoácidos contribuye a la estructura secundaria de la proteína resultante, lo que a su vez define la interacción de la proteína con otras moléculas, e.g., la interacción con un peptidoglicano en la capa externa de una bacteria grampositiva. A cada aminoácido se le ha asignado un índice hidropático en función 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 el campo que la sustitución de aminoácidos similares puede realizarse de manera efectiva en función de la hidrofiliidad. Al igual que con la hidrofobicidad, se han asignado valores de hidrofiliidad 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). Moléculas equivalentes pueden obtenerse mediante la sustitución de un aminoácido por otro cuando sus índices hidropático y/o hidrofílico están dentro de ± 2 , preferiblemente ± 1 , o más preferiblemente dentro de ± 5 entre sí.

En ciertas formas de realizaciones, la invención proporciona péptidos aislados que comprenden 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más modificaciones de aminoácidos (e.g., inserción, sustitución, delección, etc.) con respecto a una secuencia de aminoácidos revelada aquí. En formas de realizaciones preferidas, las mutaciones se realizan de manera que la actividad biológica del polipéptido en particular se conserve o se conserve sustancialmente. Por ejemplo, la presente invención abarca polipéptidos aislados de los bacteriófagos F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/068, F44/10 y/o F125/10, que han sido mutados para comprender 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más modificaciones de aminoácidos con respecto a una secuencia de aminoácidos enumerada aquí, y que exhiben actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias Gram-positivas o Gram-negativas, e.g., contra *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *E. coli*, *P. aeruginosa*

y/o *S. aureus*. Los polipéptidos descritos aquí derivados de F387/08 o F391/08 muestran actividad antibacteriana o antimicrobiana, e.g., actividad de lisis, contra al menos *K. pneumoniae*; aquellos derivados de F394/08 muestran actividad contra al menos *A. baumannii*; aquellos derivados de F488/08 muestran actividad contra al menos *E. coli*; aquellos derivados de F510/08 muestran actividad contra al menos *P. aeruginosa*, y aquellos derivados de F44/10 o F125/10 muestran actividad contra al menos *S. aureus*.

6.8 Polinucleótidos que codifican 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 hibridan bajo condiciones de alta rigurosidad, intermedias o de baja rigurosidad de hibridación, e.g., como se define *supra*, con polinucleótidos que codifican un polipéptido de la invención y que codifican polipéptidos modificados que tienen actividad antibiótica y/o otra actividad biológica.

Los polinucleótidos pueden obtenerse, y la secuencia de nucleótidos de los polinucleótidos puede determinarse, mediante cualquier método conocido en la técnica. Por ejemplo, un polinucleótido que codifica un polipéptido de la invención puede generarse a partir de ácido nucleico de una fuente adecuada (e.g., bacteriófago F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 y/o F125/10). Las secuencias de nucleótidos pueden aislarse de los genomas de fagos mediante métodos rutinarios conocidos en la técnica (véase, e.g., Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," *In*, Kutter y Sulakvelidze (Eds) *Bacteriophage: Biología y Aplicaciones*, 5ª ed. **CRC Press** (2005)). Si no se dispone de una fuente que contenga un ácido nucleico que codifique un polipéptido en particular, pero se conoce la secuencia de aminoácidos del polipéptido de la invención, el ácido nucleico que codifica el polipéptido puede sintetizarse químicamente y clonarse en vectores de clonación replicables utilizando cualquier método bien conocido en la técnica.

Una vez que se determina la secuencia de nucleótidos del polipéptido de la invención, la secuencia de nucleótidos del polipéptido puede manipularse utilizando métodos bien conocidos en la técnica para la manipulación de secuencias de nucleótidos, e.g. técnicas de ADN recombinante, mutagénesis dirigida por sitios, **PCR**, etc. (véase, por ejemplo, las técnicas descritas en Sambrook et al., 1990, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, 2ª 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 con una secuencia de aminoácidos diferente, por ejemplo, para crear sustituciones, delecciones e inserciones de aminoácidos.

En ciertas formas de realizaciones, se proporciona una secuencia de nucleótidos que codifica uno o más ORFs de las Figuras 2, 4, 6, 8, 10, 12 y 14. En algunas formas de realizaciones, se proporciona una secuencia de nucleótidos que codifica una variante, fragmento o derivado de uno o más ORFs de las Figuras 2, 4, 6, 8, 10, 12 y 14, donde la variante, fragmento o derivado exhibe actividad antibacteriana o antimicrobiana (e.g., actividad de lisis) 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 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; 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*, e.g., 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 (e.g., un polipéptido), el vector para la producción de las moléculas puede ser producido mediante tecnología de ADN recombinante utilizando técnicas bien conocidas en el campo. Métodos que son bien conocidos por aquellos expertos en la técnica pueden ser utilizados para construir vectores de expresión que contengan las secuencias de codificación para las moléculas de la invención y las señales adecuadas de control de la transcripción y traducción. Estos métodos incluyen, e.g., técnicas *in vitro* de ADN recombinante, técnicas sintéticas y recombinación genética *in vivo*. (véase, e.g., las técnicas descritas en Sambrook et al., 1990, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, 2da Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY y Ausubel et al. eds., 1998, *Current Protocols in 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 contiene la secuencia de nucleótidos de una molécula identificada mediante los métodos de la invención puede ser transferido a una célula huésped mediante técnicas convencionales (e.g., electroporación, transfección liposomal y precipitación con fosfato de calcio), y las células transfectadas son luego cultivadas mediante técnicas convencionales para producir las moléculas de la invención. En formas de realizaciones preferidas, la célula huésped es de una especie diferente a la de la bacteria progenitora de la cual se derivó el bacteriófago que contiene la secuencia. En formas de realizaciones específicas, la expresión de las moléculas de la invención está regulada por un promotor constitutivo, inducible o específico de tejido. En formas de realizaciones específicas, el vector de expresión es pQE-30 (Qiagen) o pET-29(a) (Novagen).

Las células huésped utilizadas para expresar las moléculas identificadas mediante los métodos de la invención pueden ser células bacterianas (preferiblemente no susceptibles a la proteína del bacteriófago o variante, derivado o fragmento de la invención). Se pueden utilizar una variedad de sistemas de vectores de expresión huésped para expresar las moléculas identificadas por los métodos de la invención. Estos sistemas de expresión huésped representan vehículos mediante los cuales se pueden producir y posteriormente purificar las secuencias de codificación de las moléculas de la invención, pero también representan células que, cuando se transforman o transfieren con las secuencias de codificación de nucleótidos apropiadas, expresan las moléculas de la invención *in situ*. Estos incluyen, entre otros, microorganismos como bacterias que no son susceptibles a la proteína del bacteriófago o variante, derivado o fragmento de la invención (e.g., *B. subtilis*) transformadas con ADN recombinante del bacteriófago, ADN plasmídico o ADN cosmidio de vectores de expresión que contienen secuencias de codificación para las moléculas identificadas por los métodos de la invención; levaduras (e.g., *Saccharomyces Pichia*) transformadas con vectores de expresión de levadura recombinante que contienen secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; sistemas de células de insectos infectadas con vectores de expresión de virus recombinantes (e.g., baculovirus) que contienen las secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; sistemas de células vegetales infectadas con vectores de expresión de virus recombinantes (e.g., virus del mosaico de coliflor (CaMV) y virus del mosaico del tabaco (TMV)) o transformadas con vectores de expresión plasmídica recombinante (e.g., plásmido Ti) que contienen secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; o sistemas de células de mamíferos (e.g., células COS, CHO, BHK, 293, 293T, 3T3, células linfocíticas) (véase, U.S. 5,807,715), Células Per C.6 (células retinianas humanas desarrolladas por Crucell) que albergan construcciones de expresión recombinante que contienen promotores derivados del genoma de células de mamíferos (por ejemplo, el promotor de metalotioneína) o de virus de mamíferos (por ejemplo, el promotor tardío del adenovirus; el promotor 7.5K del virus de la viruela) conteniendo secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención.

En sistemas bacterianos no susceptibles a la proteína del bacteriófago o variante, derivado o fragmento de la invención, se pueden seleccionar ventajosamente diversos vectores de expresión dependiendo del uso previsto para la molécula a expresar. Por ejemplo, cuando se desea producir una gran cantidad de dicha proteína, para la generación de composiciones farmacéuticas de un polipéptido, pueden ser deseables vectores que dirijan la expresión de altos niveles de productos de proteínas de fusión que sean fácilmente purificados. Tales vectores incluyen, entre otros, el vector de expresión de *E. coli* pUR278 (Ruther et al., 1983, *EMBO J.* 2:1791), en el cual la secuencia de proteínas puede ser ligada individualmente en el vector enmarcada con la región de codificación de lac Z para que se produzca una proteína de fusión; vectores pIN (Inouye & Inouye, 1985, *Nucleic Acids Res.* 13:3101-3109; Van Heeke & Schuster, 1989, *J. Biol. Chem.* 24:5503-5509); y similares. También se pueden usar vectores pGEX para expresar polipéptidos extranjeros como proteínas de fusión con la glutatión S-transferasa (GST). En general, tales proteínas de fusión son solubles y se pueden purificar fácilmente a partir de células lisadas mediante adsorción y unión a una matriz de cuentas de agarosa de glutatión, seguido de la elución en presencia de glutatión libre. Los vectores pGEX están diseñados para incluir sitios de clivaje de la proteasa trombina o de la proteasa factor Xa, de modo que el producto del gen diana clonado puede ser liberado de la porción de GST.

En un sistema de insectos, el virus de la poliedrosis nuclear de *Autographa californica* (AcNPV) se utiliza como vector para expresar genes extranjeros. El virus crece preferentemente en células de *Spodoptera frugiperda*. La secuencia codificante del polipéptido puede ser clonada individualmente en regiones no esenciales (e.g., el gen de la poliedrina) del virus y colocada bajo el control de un promotor de AcNPV (e.g., el promotor de la poliedrina).

Una vez que una molécula de la invención (i.e., polipéptidos) ha sido expresada recombinantemente, puede ser purificada mediante cualquier método conocido en la técnica para la purificación de polipéptidos, por ejemplo, mediante cromatografía (e.g., cromatografía de intercambio iónico, de afinidad y de tamaño), centrifugación, solubilidad diferencial, o cualquier otra técnica estándar para la purificación de polipéptidos o anticuerpos.

Ciertas modificaciones y mejoras se producirán a aquellos expertos en la técnica tras la lectura de la descripción anterior.

7. Ejemplos

Se entiende que los siguientes ejemplos y formas de realización descritas aquí son solo con fines ilustrativos.

7.1.1 Purificación de fago

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

Las preparaciones de stock de bacteriófagos fueron concentradas mediante precipitación con PEG siguiendo el protocolo descrito en Carlson y Yamamoto et al., 2004, *PNAS* 101:6415-6420. En resumen, la preparación de stock fue incubada en NaCl 1 M durante una hora a 4°C con agitación. A continuación, se agregó gradualmente PEG 8000 (AppliChem, Cheshire, MA) hasta alcanzar una concentración final del 10% (p/v). La composición fue incubada durante la noche a 4°C. Después del período de incubación, la composición fue centrifugada a 10000 x g durante 30 minutos a 4°C. El sedimento fue luego re-suspendido en tampón SM (Tris-HCL 0.05 M a pH 7.4, NaCl 0.1 M, MgSO4 10 mM) con gelatina al 1% (p/v).

y centrifugado nuevamente a 1000 rpm a 4°C durante 10 minutos. El sobrenadante que contenía el fago suspendido fue guardado para su posterior purificación. El sobrenadante fue purificado utilizando un gradiente de CsCl según los métodos descritos en Carlson.

El CsCl fue eliminado de la preparación de fagos purificados y concentrados mediante diálisis. Se preparó una membrana de diálisis, Cellu.Sep H1 High Grade Regenerated Cellulose Tubular Membrane (Cellu.Sep, River Street, USA), siguiendo 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 fue retirado del interior de la bolsa de diálisis y almacenado a 4°C.

7.1.2 Extracción de adn del fago

A 5 ml de las muestras de bacteriófagos purificados y concentrados se les añadió 20 mM de EDTA 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 56°C durante una hora. Se realizaron extracciones sucesivas en fenol:cloroformo:alcohol en proporciones de 25:24:1 hasta que la interfase entre las fases acuosa y orgánica estuviera clara. La fase acuosa fue tratada entonces con un volumen igual de cloroformo y centrifugada a 13,000 x g durante 10 minutos a 4°C. La fase acuosa fue retirada nuevamente y el ADN fue precipitado añadiendo dos volúmenes de etanol absoluto e incubando durante treinta minutos a 20°C. Las muestras fueron centrifugadas a 11,000 x g durante 30 minutos a 4°C. El pellet fue lavado con etanol al 70% a temperatura ambiente y resuspendido 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 de fagos aislado fue analizada mediante electroforesis en un gel de agarosa al 1%.

7.1.3 Análisis de genomas de fagos

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

7.2 Ejemplo 1: bacteriófago f391/08

La comparación de los ORFs 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 ($\leq 11\%$ de cobertura del genoma) mostraron homología con secuencias conocidas. Se proporciona una organización esquemática del genoma F391/08 en la FIG. 1. Los ORFs de F391/08, sus secuencias de aminoácidos codificadas y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 2. La predicción de ORFs se realizó integrando 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 llevaron a cabo 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 conservados de proteínas fueron predichos utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. *Nucleic Acids Res.*, 35: 237-240). Los ORFs cuyos productos presentaban homología con la(s) misma(s) proteína(s) están indicados con el mismo número con la adición de una letra minúscula en la FIG. 2. La identificación de posibles genes de transferencia de ARN (tRNA) 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 pruebas de mancha que evaluaron el rango de hospedadores 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 iba desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). Las manchas que provienen de placas de fagos aislados se indican como (ufc) 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 (ufp/ml)	Sensibilidad a los fagos (%) de <i>Klebsiella sp.</i> cepas (n=100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F391/08	2,72x10 ¹⁰	3	26	8	11	0	52	48
	2,72x10 ⁸	1	5	6	1	0	87	13
	2,72x10 ⁶	0	1	3	1	1	94	6
	2,72x10 ⁴	0	0	0	0	3	97	3

7.3 Ejemplo 2: bacteriófago f394/08

La comparación de los putativos ORFs 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, excepto por pequeñas porciones del genoma ($\leq 1\%$ de cobertura del genoma). Se proporciona una organización esquemática del genoma de F394/08 en la FIG. 3. Los ORFs de F394/08, sus secuencias de aminoácidos codificadas y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 4. La predicción de ORFs se realizó integrando 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 (Alschul, 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 conservados de las proteínas fueron predichos utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). Los ORFs cuyos productos presentaron homología con la(s) misma(s) proteína(s) se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la FIG. 4. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (RNAT) se llevó a cabo utilizando el programa RNATscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

Tabla 2 a continuación proporciona los resultados de pruebas de manchas que evaluaron el rango de hospedador y la actividad del bacteriófago F394/08 contra 100 cepas de *Acinetobacter* sp. (93 cepas de *A. baumannii*; 6 cepas de *A. calcoaceticus*; y 1 cepa de *A. lwoffii*) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 μ l de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparada a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en una escala relativa que va desde turbio (+) hasta halo de lisis claro (++++). Los puntos que provienen de placas de fagos aislados se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por el fago se indica como (-). El porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular también se indica.

25

Tabla 2

fago	Título (ufp/ml)	Sensibilidad a los fagos (%) de <i>Acinetobacter</i> sp. cepas (n=100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F394/08	2,2x10 ⁹	67	3	1	0	0	29	71
	2,2x10 ⁸	66	1	2	1	0	30	70
	2,2x10 ⁶	9	38	8	0	0	45	55
	2,2x10 ⁴	0	7	1	0	32	60	40

7.4 Ejemplo 3: Bacteriófago F488/08

La comparación de los posibles ORFs 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 Enterobacteriaceae RB14, con identidades individuales de ORF que van desde el 70% al 100%. Una organización esquemática del genoma F488/08 se proporciona en la FIG. 5. Los *orfs* de F488/08, sus secuencias de aminoácidos codificadas y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 6. La predicción de ORFs se realizó integrando 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 (Alschul, 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 conservados de proteínas se predijeron utilizando BLAST especializado de NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res., 35: 237-240). Los *orfs* cuyos productos presentaron homología con la misma(s) proteína(s) se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula en la FIG. 4. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (tRNA) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

La Tabla 3 a continuación proporciona resultados de pruebas de puntos que evaluaron el rango de hospedadores y la actividad del bacteriófago F488/08 contra 100 cepas de *Escherichia coli* (ECO) aisladas de muestras clínicas. Cada punto contenía 5 μ l de suspensión de bacteriófagos con las dosis indicadas, preparadas 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 iba desde halos de lisis turbios (+) hasta halos de lisis claros (++++). Los puntos originados a partir de placas de fagos aislados se indican como (ufc) y la resistencia a la infección del fago se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un determinado fenotipo de sensibilidad.

50

55

Tabla 3

fago	Título (ufp/ml)	Sensibilidad a los fagos (%) de cepas <i>ECO</i> (n=100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F488/08	1x10 ¹⁰	0	60	1	2	0	37	63
	1x10 ⁸	0	42	15	0	0	43	57
	1x10 ⁶	0	8	10	7	0	75	25
	1x10 ⁴	0	0	0	0	10	90	10

7.5 Ejemplo 4: Bacteriófago F510/08

5 Comparación de los posibles ORFs 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 LUZ19 de *Pseudomonas*, con identidades individuales de ORFs que van desde el 89 al 97%. Se presenta una organización esquemática del genoma F510/08 en la FIG. 7. Los ORFs de F510/08, sus secuencias de aminoácidos codificadas y proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 8. La predicción de ORFs se realizó integrando 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 llevaron a cabo con el programa BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. *Nucleic Acids Res.*, 25: 3389-33402) utilizando la base de datos de secuencias de proteínas no redundantes del NCBI. Se predijeron los dominios conservados de proteínas utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. *Nucleic Acids Res.* 35: 237-240). Los ORFs cuyos productos presentaban homología con la(s) misma(s) proteína(s) se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula en la FIG. 8. La identificación de genes putativos de ARN de transferencia (tRNA) se realizó utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. *Nucleic Acids Res.*, 25: 955-964).

20 Tabla 4 a continuación proporciona los resultados de pruebas de puntos que evaluaron el rango de hospedadores y la actividad del bacteriófago F510/08 contra 100 cepas de *Pseudomonas aeruginosa* (PSA) aisladas de muestras clínicas. Cada punto 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 una escala relativa que varía desde halos de lisis turbios (+) hasta claros (++++). Los puntos originados a partir de placas de fagos aislados se indican como (pfu) y la resistencia a la infección del fago se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 4

fago	Título (ufp/ml)	Sensibilidad a los fagos (%) de cepas de <i>PSA</i> (n=100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F510/08	5,7x10 ¹⁰	35	18	4	10	3	30	70
	5,7x10 ⁸	18	25	6	9	4	38	62
	5,7x10 ⁶	13	14	4	2	4	63	37
	5,7x10 ⁴	10	12	0	1	10	67	33

7.6 Ejemplo 5: Bacteriófago F44/10

30 La comparación de los posibles ORFs 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 *Staphylococcus K*, con identidades individuales de ORFs que van desde el 80 al 99%. Se proporciona una organización esquemática del genoma F44/10 en la FIG. 9. Los ORFs de F44/10, sus secuencias codificantes de aminoácidos y las proteínas homólogas conocidas se encuentran en la FIG. 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 (Alschul, 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 conservados de proteínas se predijeron utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. *Nucleic Acids Res.* 35: 237-240). Los *orfs* cuyos productos presentan homología con la misma(s) proteína(s) se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula en la FIG. 10. Como se informó previamente para el fago *Staphylococcus K*, el gen de la polimerasa putativo (orf114a, orf114b) puede contener una secuencia similar a un intrón (O'Flaherty et al., 2004). La identificación de los genes putativos de ARN de transferencia (tRNA) se realizó utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. *Nucleic Acids Res.*, 25: 955-964).

45 La Tabla 5 a continuación muestra los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron el rango de hospedadores y la actividad del bacteriófago F44/10 contra 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 por CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en una escala relativa que va desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). Las manchas originadas a partir de placas de fago aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección del fago se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 5

fago	Título (ufp/ml)	Sensibilidad a los fagos (%) de cepas STA (n=100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F44110	2,25x10 ¹¹	53	35	10	1	1	0	100
	2,25x10 ¹⁰	35	52	10	2	1	0	100
	2,25x10 ⁸	19	51	5	5	1	19	81
	2,25x10 ⁶	5	22	0	0	34	39	61
	2,25x10 ⁴	0	0	0	0	42	58	42

7.7 Ejemplo 6: Bacteriófago F387/08

La comparación de los ORFs supuestos del genoma del bacteriófago F387/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que no existen homologías significativas con secuencias conocidas, excepto pequeñas porciones del genoma ($\leq 12\%$ de cobertura del genoma). Se proporciona una organización esquemática del genoma F387/08 en la Figura 11. Los ORFs asignados funcionalmente se indican a la derecha y en las Figuras 11B-C. Las búsquedas de homología de ADN se realizaron 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 ORFs de F387/08, sus secuencias de aminoácidos codificadas y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la Figura 12. La predicción de los ORFs se realizó integrando 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 llevaron a cabo con el programa BLASTP (Alschul, 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 conservados de proteínas fueron predichos utilizando BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240).

Tabla 6: Resultados de las pruebas de mancha que evaluaron el rango de hospedadores y la actividad del bacteriófago F387/08 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 punto contenía 5 μ l 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 una escala relativa que varía desde halos de lisis turbios (+) hasta halos de lisis claros (++++). Los puntos que provienen de placas de bacteriófagos aislados se indican como (pfu) y la resistencia a la infección por el bacteriófago se indica como (-). El porcentaje de cepas que muestran un fenotipo particular de sensibilidad también se indica.

Tabla 6

fago	Título (ufp/ml)	Sensibilidad a fagos (%) de cepas KLE (n=100)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F387/08	1,0x10 ¹⁰	1	38	20	9	0	32	68
	1,0x10 ⁸	0	10	14	9	0	67	33
	1,0x10 ⁶	0	2	2	0	1	95	5
	1,0x10 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 bacteriófago de Staphylococcus A5W, con identidades ORF individuales que varían del 77 al 99%. Se proporciona una organización esquemática del genoma F125/10 en la FIG. 13. Los ORF de F125/10, sus secuencias de aminoácidos codificadas y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 14. La predicción de los orfs se realizó integrando 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 (Alschul, 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 proteínas conservados se predijeron utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids

Res. 35: 237-240). Los orfs cuyos productos presentaron homología con la misma proteína(s) se indican con el mismo número con la adición de una letra minúscula, en la FIG. 14. Como se informó anteriormente para el bacteriófago de *Staphylococcus* K (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 interrumpiendo genes implicados en el metabolismo del ADN; y el gen putativo de la subunidad grande de terminasa (orf153a, orf153b) puede contener una secuencia similar a un intrón (orf154*).

La Tabla 7 a continuación proporciona los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron el rango de huéspedes 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 bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en base a una escala relativa que varía desde halos de lisis turbios (+) hasta claros (++++). Las diluciones de fagos originadas de placas de fagos aisladas se indican como (pfu) y la resistencia a la infección del fago se indica como (-). También se indica el porcentaje de cepas que muestran un fenotipo de sensibilidad particular.

Tabla 7

fago	Título (ufp/ml)	Sensibilidad a fagos (%) de cepas STA (n=198)						Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	pfu	-	
F125/10	8,30x10 ⁹	49	27	12	10	0	0	100
	8,30x10 ⁸	21	38	21	16	0	2	98
	8,30x10 ⁶	4	29	27	15	0	23	77
	8,30x10 ⁴	0	9	20	10	22	37	62

REIVINDICACIONES

1. Bacteriófago aislado designado F125/10 que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1074.
2. Composición farmacéutica que comprende el bacteriófago de la reivindicación 1 y un portador farmacéuticamente aceptable.
3. Composición farmacéutica de la reivindicación 2, que además comprende una o más cepas adicionales de bacteriófago efectivas contra *Staphylococcus aureus* o una o más cepas adicionales de bacteriófago efectivas contra bacterias diferentes a *Staphylococcus aureus*.
4. Cantidad terapéuticamente efectiva de la composición farmacéutica de cualquiera de las reivindicaciones 2-3 para su uso en el tratamiento o prevención de una infección bacteriana en un sujeto que lo necesite; donde dicha infección bacteriana es una infección por *Staphylococcus aureus*, donde la infección es una infección de la herida; o donde la infección es una infección nosocomial, preferiblemente una neumonía nosocomial; o donde la infección es una infección del tracto respiratorio; y/o donde el sujeto es un mamífero, preferiblemente un humano.
5. Cantidad terapéuticamente efectiva de la composición farmacéutica de las reivindicaciones 2-3 para uso según la reivindicación 4, donde la infección de la herida es una úlcera del pie diabético.
6. 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 del paso (i) con el bacteriófago de la reivindicación 1, y
 - (iii) monitorear en busca de evidencia de crecimiento o lisis del cultivodonde la evidencia de lisis del cultivo indica que el cultivo comprende una especie o cepa de bacteria que se sabe que es susceptible al bacteriófago o polipéptido utilizado en el paso (ii); preferiblemente donde la muestra de tejido es una muestra de sangre, orina, esputo, biopsia de tejido o hisopo recogido del dicho paciente.
7. Método in-vitro para reducir o inhibir la colonización o crecimiento de *Staphylococcus aureus* en una superficie sólida que comprende poner en contacto dicha superficie con el bacteriófago de la reivindicación 1.
8. Bacteriófago de la reivindicación 1 para su 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 esta; preferiblemente donde dicha membrana mucosa es la piel o una membrana mucosa de un mamífero, o la piel o una membrana mucosa de un humano.
9. Cantidad terapéuticamente efectiva de la composición farmacéutica de cualquiera de las reivindicaciones 2-3, para su uso de acuerdo con la reivindicación 4 caracterizada por la composición se administra por inhalación o intranasalmente, preferiblemente como un inhalador de polvo seco o un aerosol, y/o preferiblemente administrado desde una bomba a presión, spray, nebulizador, inhalador o insuflador.
10. Bacteriófago de la reivindicación 1, para su uso de acuerdo con la reivindicación 8, donde dicha membrana mucosa es una membrana mucosa del tracto respiratorio superior o inferior.

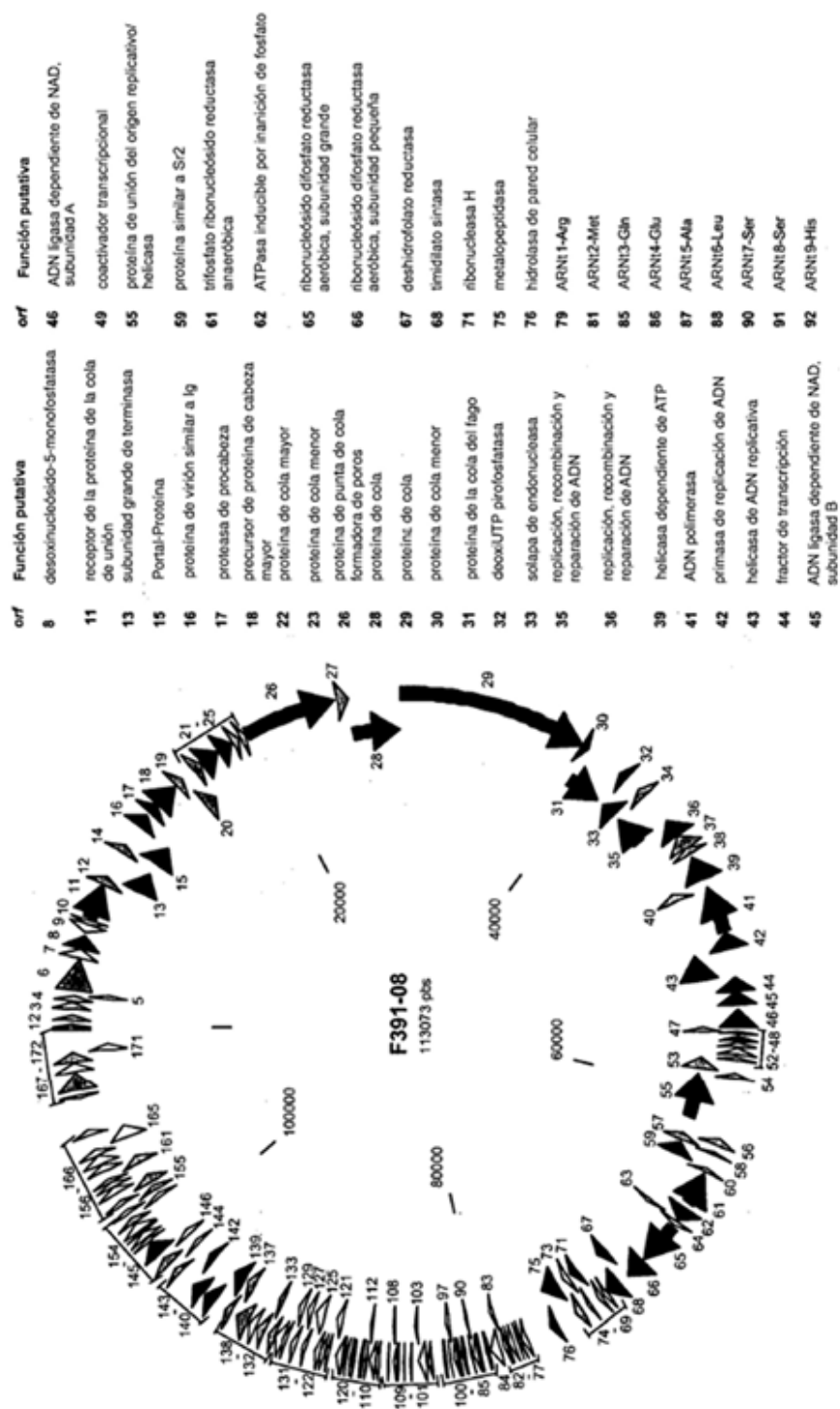


Figura 1A

Figura 1B

<i>orf</i>	Función putativa
93	ARNi10-Arg
94	ARNi11-Gln
95	ARNi12-Met
98	ARNi13-Ile
99	ARNi14-Met
100	ARNi15-Val
104	ARNi16-Asp
105	ARNi17-Asn
106	ARNi18-Cys
108	ARNi19-Lys
109	ARNi20-Phe
113	ARNi21-Leu
114	ARNi22-Pro
115	ARNi23-Thr
116	ARNi24-Gly
119	ARNi25-Trp
139	deoxinucleósido-5'-monofosfato quinasa
140	Cip 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	MKRFVSSKPAALKNMASSELVK MORDMARRYRSYQGGQGLPMI WDNMIMRYLKSQNNV	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	MONVKTPIGDSVFIPYTGDSKP GENEKIGYKGAAMIPFDKINAYVKE TEKAKNSDAKIYSVRVDSGVVYVI RKDDKWLA	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 KIASDGLLEVANSQGLIDIAKAVGAE SHVKVRSKLSAKVYQKSDKPRKV GGSSLRKAHYVRVLTQHAADGLI DDADGLASLEQMKLDQLDVIARV GVQDEVKSAE	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 NKVMTTPSPVKVPEYVWLVNPDAD TFGMNINREVFKEPMLELSSREYLL NYAFSVEEKEVVK	89	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
5	1745	1972	9	MIFFPTESLIIAGFFAAACLYGYYN FMEIGSEOTDLRRDFWFKKASICR RWSIIFILAVTFGISAIIPAV	75	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2056	3732	10	MIAIEKOKAILTAANLNFWRKRLR AKKLEICDELKSEHYGTAKHSSEIC DWLDSNKPVPKPAAEKRAQRVAVE DSRPVAAAGOLNSSVESWKVIPGRR FLTSIQNNTFPHANFWKTOEAAK YLGATLLVSKYAYNKKGFQNGQGN DELKYDDAFSDFICDENVFLGNRET GFAPMAENILPTADFFLSGFGETAT AYGLKGLAIGHAKITAESVPAMKGD TVRRMYSTGTATLKNYIQOKAGOK AEALHNYGALLVEIDDNGNFFARQI ETMDESIMFYDLNHNKFTVNGGEE VTGHVAALQYGDIAHAEKLDHAVAFA SWGPCDDSLVNLPRYQIVHDVH DFTSRNHHNRASGVFLAKQYAAGR DKVIDDLIDTGRVLEAMERFSQTVI VESNHLALSRWLDOSKANIQQDP ANAHLYYRLNAAIYEAIENKDDTFN VLDYALRNVAAGCDFAAIFLTDES KIAGIECGSHGHNGINGARGNPKG FRKLGKMTGHTHTPSIYGGVYTA GVAGSLDMGYNIGASSWSQTHLIT	558	A1 [Enterobacteria phage T5]	YP_006832.1	0.0 (402/559)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 2A

7	3801	4253	11	YENGQRTLIDFKDGVFFA MKLTIYNNRKSFTASNVJENSLVIS RDEGRPHVSYQKNTVDGTVLK ALAILPRPAEFKSGVSQLVAADS ILYEADICEVEIDAAAAGLMFVYSE NDYDDTYLLGDVMDYSSEYTPPL AIVPMATRIPKPAELADALTLFF	150	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
8	4327	5043	12	MAFNKLAIKAKLWLDGTVINSFAR VFPCMDKGNLDLNMREKACVH DAIMTDLLPLVEYMRASLNDPTVL NIIVTRYMGKSDYFLRKQIRAG RGNQILSRDLHRYIGDADYKEV YYSKDGKTHYFEMLKAEPNATI TMIDONRGVLAAGAAAGLQTMDAT AINDILSIGVRLAGESFIDEALDDDN DYOYLCERLAHWCWEGMTEERSD YGIKPOQFIQSIAAS	238	Desoxinucleósido [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006829.1	20-51 (142/231)	Desoxi- nucleósido -5'-mono- fosfatasa	No se han detectado dominios putativos conservados
9	5660	5199	13	MTVLITFTFFLAAYVFGVRAHDLR NAVVAADLRNKSLEHIOETRAER QVAISKHQRVMNDLRNDPSNPYYI PVVTPQVAKRKOKRAGSDNSRKVS GSPSSNSGSSRSDGDTAAIATTA AVATYSGYDSSGSSYCDGSSSSSF DSGCSF	153	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
10	5888	5664	14	MEVWIGALVLLSIVLTVTKQKKAIR QLERTNGVLQKSYDNQTRLHLKAQ LNLSECKAELESANKYITKGMV	74	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
11	6002	7978	15	MGFYAGRIGDKKVLSTSGNNKDV NNHTNPGWOTIFSDMPHVVLLET HERDLWDGWDYRCTRMPDRRIQ VLSADYDRVLTVEFEDEGTRRFY GTLGSGAKAYNAYFSNTVGSQAS AGTMASMTNVCASADLHMDISFY FEETPGTINEKLRDGTGCMYTWGV NSEWGDGPGPPVGAPRPNFETII KAGWVLYRGAFSGNIAGSVSPNIR PLTIGVDAMRHPWMTTGVNSICL RGETLNRNMYGHMGPRYGSSNP VGGPYAHNIQTESYQEVQYKAGFF RGPPNFMGMWENTONNAGSGW GNNAYRDNFRVPRVRYITNM KYNQGGFYAENVFGSRNOEIKISP REFIVNGINLMTGWKFNQNDINY SPGNRPDIRVIATNVARFSGNPTVG NGYVHFNQPLTRPONGAEFGGG NVSEMHVTTVGYYNFRSDAQWYV KSNPPEIGNQWGPWSESTRPLRL VGGTGSADIGGNLRTSGNASHHLA	658	Receptor de la proteína P95 de la cola de unión [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006985.1	10-127 (269/674)	receptor de la proteína de la cola de unión	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2B

12	7989	8462	16	TLWLGVNNSRNGACVTLDWKND EWIAAGIGCYNPLEDLTQWSEVD SRLRIFGNHFKRVHQMCLPVNM CVPFHFRGTGTQCGVIPGNNAIQ MKAMWAPTTTNSATQGDYAIYWLI ARADGSVEWVNVVEMSNIMMRVI LPEVRIAVQRLA	157	Proteína T5.156 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006984.1	2e-42 (98/159)	No se han detectado dominios putativos conservados				
13	8462	9778	17	MSNDLVPTMTSPGMLVIEAYLES GSDVAKAALAVGMEEPKFREIMRK PEVKAYLTIDIFMESGFRNRDKFFGI LOTVLTMKMEELDETMGSEMMDIM DILKLMHKMKMDKMKQIEYEYKVK QAKAPHQNTQINLAGGHDSTNYT 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	pfam032 37	2e- 24	
14	9970	10452	18	MEISRSYINTDWDFGVDRKFFKF PVSGLLATEGVPRGPQCAINALE PRHFRVTACVSRVGVKSFIAITLGF LKLEPNVAVLVVAPNYSANIGWA QIKGLIKYGLQTERENAKOKEIELA NGSLFKLASAAQADSAGRSYDFII FDEAASIDVGGDAFDIQLRPTLDKP NSKALFISTPRGGNWFKRYEQGF REDLPQWVSHGTIRDNPRVSLADI EEARKTVSKNYFKQYEADSVFE GQIYDTFSVSEHVQDLAGMGHFFA ADHEFETILGIDVGYRDPDTAVLTIKY HYDQVYVILEEYQQAETTAQHA MYIQHCIDRYNDRIFVDSAAQFR QDLAYEHEISSAPAKKSVLDGLACL AALFQGGKIIVDASCTALIHALQNYK WDFQEGEEKLSREKPRHDANSHL CDALRYGISISRGK	160	Proteína T5.153 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006981.1	6e-53 (95/145)	No se han detectado dominios putativos conservados				
15	10452	11663	19	LASNKYKRDASIMRDGKAKYKR GNCCACDSDQENLELHHYSTVALLV KNFAKEQLDFTDSEVLSNRDKF YKHYWHELVEDTVTLGVFHHQTLH KVYTKPEPLFSANKOKIWEKORE RCMNPAPRTSNTGERSGFAKWL PTDVKTEKSGFARFL	403	Portal-Proteína [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837086.1	0,0 (314/396)	Portal-Proteína	Fago de Portal-Proteína	pfam048 60	3e- 23	
				MAIRDWLVTKLNRGQRIROLEDVS HRTNVKPTTGKAYSIELNRSAN MVIDSAAECSTYVGEQYKTTITYGTI RSKLTLETLLNVRPNPMDSTFRRL IVSDLLFEGCAYIHWGSSLYHLPA ALMEVKADDDKFKVNFVFNMDY RVDEIIFIKONGONGINSQITGQSR VATVNSLTKREKMLEFEKEFDNG TVIGLILETDEILNKKLRERKQEELO									

Figura 2C

16	11660	12379	20	LDYNPSTGQSTVLIDGGMKAKPY SQISSFKDLDFENDIARFNKDVCIAL GVPLLIDGGNNANIRPNIELFYIM TIVPMLNKVCSSTLFFFQKVTPTNT KDVVALTPDKEKEAKFVTLVNNGI LTGNEGRIELGYEELADEQMKKIRI PANVAGSATGVSGQEGGAPNKDE EKO	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	MIDYKALKALFPNGLPEAHNVFATV KAHLTYOILRKEYGYAATNSKTWD QFKEAYAEATKVPVAVASVITGAPA SLDYTKTVQLAATVLPNADNKTVT WKTSDATLATVSSSTGLVTALSKAGT VKITATAGKSSSESVIQKAPVAV TGVNMSPKTITIEAGKTGKLTGIVA PANATNKSVTYTSADITTKATVAAD GTVTVPANLAADSTVITVKTAGDN KTDTAIVTVKVTAGV	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	MSYDIAQLSKDLGIDIAELKGLT ASQKAEERKFAAEQAEAKELKRM DLVAKATGEDRKNLAELVKNLD EKSQSAEAFVKAMNSQEEITGL KEEIKSLLAARENGRSFVADGVAKA MFGKQEDFEDEVEKLVLLSYVMQK DVFGTKRGEAHLKAVNGSSSIEVST EAYETIFSLRLRDIOAKLIIGTMFEE LPMSSKLLTMMVEPEAGEASWVDA STYGTPTVGAEDKTKLSEITFKY KLAAYMTDETEEDAIFLLPIMRR RLIEAHIAIEKAFLTGTGAAGTPKG LIQFADQDGKVATTAKADGSVKVT AKEIHLRRLSRHGLDLNKLALV SMDAYYDLIEDEEFQDVAVQTATTA IKLQGVGRYGLPVLVSEFFPAKA ASAEFCVVYVRDNFVPRQRAITVE KERQAEQRDAYVYTORLNLIRFF ENGWAGAYAA	460	Precursor de proteína de cabeza mayor [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837083. 1	0,0 (325/460)	Precursor de proteína de cabeza mayor	No se han detectado dominios putativos conservados	No se han detectado dominios putativos conservados		
19	14627	15139	23	MOFMTDSWRTYGGGLKRPDLESNI PMLIKAAANLITQLGIDDTANVVDV LPTKPARKKYFLSSPVPSTITKTIIND	170	Proteína T5.148 hipotética [Fago T5 de	YP_006976.1	3e-65 (115/170)					

Figura 2D

20	15139	15900	24	QEKDSQYKYNPDGTLILLKFSPPG YMEVEFTQTGTSPDDLVLAACFL VDHWWKDYRESRTFGGETVTFNT TKSGVPEHRTIEVYRRL VALGDLARQVKEQLDMGSGSHST KNTVYSAETMDNHKDGITGKVSFR FTKPVSEDLNNVRTSSILKAVSSSLN LEGDVGVNDLNSITGKSKIGRKR STGRVEVNFQPSDADNGYAGAIS GASGRFVSNTNLRALLELVAKLEYLV KONKKAGAPLKFTGRFANSILKIKD VLLREDAGAKTPDLNITYNYMLKPY SVFNPAVSTYRGLSLRPFPGARNP QKLIGEAIKAAARDLIHSRYRIRVNQ GT	253	Proteína T5,147 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006975.1	1e-106 (185/256)	No se han detectado dominios putativos cnservados
21	15900	16385	25	MINYRTSIADALVERLKKMDGSGNP TEFTNMYGNVSRQTSYSEQINEF PYIAVHVGTETGNLYLPQAQWVYL EIPILIYDKEKDDINMLQLEKJADVLT SIDTGNLQYTIMKPDGSTIDSEAT DMQITSVSTDEGILSPFGFAQVNV VRYMPLRLRALLDR	161	Proteína T5,146 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006974.1	8e-66 (113/161)	No se han detectado dominios putativos cnservados
22	16409	17536	26	MSVOLLRNTRIFVSTVTTGFTKANT QEILYQDDVSWSQDSNSTDITLNEA GPKPTRGSSQRFNDLSLNAEWSFST YILPYDAGKQILPDYLLWHGLATG AAVNLAGTTGVFONATNLVNFKD NGYHELAMLNIYILTDSSWSVIRNC QVGOAEVNVDDIDGRVTWSNGT RLETLASQFPDKTIGIDDAIYAKIQ SSYIKNKLITLKNKATGKTYNPI TGSFTMNNVYTLTPNIMSRVDV PIGSFTGSFELTGSLTAYMMDAANG SIQLYKOLVSDKAVNDFEVAIILGG EYDTARPAAVLVAKHANLNIPSIETD DVLGVSIIEFKAIPTQMDAGDEGYLG FSSKYTKTSIAKLSSGDGNPVT MLYSLMRESRVVIEYDGRAYGDA LSDYTAGTSYEEFKANRRTIHRSN YAYSKITAOSSPSISLTINPSSNALE GLFFELMGFIEDGMYPMLFSNNI EPKMFVYIINKNTSLRFDCNFATT CDFSLDKSVPLNVGIESGYFEEVG HPLNSYTLDDGEVLFPFSLPOVSSN GRVLPGLMSAGMSFQQCEWRG DRSLFDINKYNNRRRAIVNELNSSAL ISMYYAKSLQIDSTHNKIPDGLPVQI RNKYIVVDFPSTRITKRLLDLDVYKI	375	Proteína de cola mayor [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837079.1	9e-164 (276/377)	No se han detectado dominios putativos cnservados
23	17546	18433	27	MSVOLLRNTRIFVSTVTTGFTKANT QEILYQDDVSWSQDSNSTDITLNEA GPKPTRGSSQRFNDLSLNAEWSFST YILPYDAGKQILPDYLLWHGLATG AAVNLAGTTGVFONATNLVNFKD NGYHELAMLNIYILTDSSWSVIRNC QVGOAEVNVDDIDGRVTWSNGT RLETLASQFPDKTIGIDDAIYAKIQ SSYIKNKLITLKNKATGKTYNPI TGSFTMNNVYTLTPNIMSRVDV PIGSFTGSFELTGSLTAYMMDAANG SIQLYKOLVSDKAVNDFEVAIILGG EYDTARPAAVLVAKHANLNIPSIETD DVLGVSIIEFKAIPTQMDAGDEGYLG FSSKYTKTSIAKLSSGDGNPVT MLYSLMRESRVVIEYDGRAYGDA LSDYTAGTSYEEFKANRRTIHRSN YAYSKITAOSSPSISLTINPSSNALE GLFFELMGFIEDGMYPMLFSNNI EPKMFVYIINKNTSLRFDCNFATT CDFSLDKSVPLNVGIESGYFEEVG HPLNSYTLDDGEVLFPFSLPOVSSN GRVLPGLMSAGMSFQQCEWRG DRSLFDINKYNNRRRAIVNELNSSAL ISMYYAKSLQIDSTHNKIPDGLPVQI RNKYIVVDFPSTRITKRLLDLDVYKI	295	Proteína gp24 de cola menor [Fago BF23 de Enterobacteria]	BAA02256.1	6e-95 (171/296)	No se han detectado dominios putativos cnservados

Figura 2E

24	18437	18859	28	DYDVIPTEQSDPVRKILIGE MSINLKQIALDTKQITIAIYPLPHFKL KVNVYSRKL SKKILEAQENQFVNG IAVKVQNDKFAEEFVVAAGWEG LTVADVEKLMJEVPEDRLEDKVEF SIDNAMLMVRNSSAFETWMNSTVF HLDIFRGSKSEPTA	140	Proteína AGC_0154 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837077. 1	5e-42 (79/134)	No se han detectado dominios putativos cnservados					
25	18933	19259	29	MCESLGEENPEVLKRFVEIHDFFE IAQTALTYNNLSNDYIPQDPTYL KDKSALLVFFDIYGVDEADEKSLILQ IINIFDSHAVAASRKRVEAAIKSKM KSSSR	108	Proteína AGC_0153 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837076. 1	2e-25 (56/95)	No se han detectado dominios putativos cnservados					
26	19343	24421	30	MTDLRELLVDIKORGSGSKAAKQI RDVEAALDGAQSGEGLNTSLQKL PGSFALERSVSRATKSLEKLSSTT SITALAASIGMLSGKFTSFEVDLAKS VLKINANLNGVTSAAANKMASGDTA ATSSVADLNRVKNALQELDAHASS VAKVLOTLKAGAGLESISSSAAKAS TDLSHLVSGVEKIGNQLARMAEOA VLGRSLQGLKADSLGAAAGEHLK AAGSIVAVSSMGEEVKNLKLLE LAVKADLASKSIANIAPGTKLNSLGT EIQKINTSLATAANTSVAEISKIKAL TSLVSSATAAASMKTVGTGSGLS KLISEISAATSASTSDISKVYTAALKQ NVDATAAGKALQSIKAGANLSSVPT WVGKIGTSMQLRAQLEGSVTGIEK SLNDLRAFATMGGTGNLNLPLGNS IRGMIPSLTOLAKAAVQVNSALSQIO AGRGVLQLPTQFKAVTASLNALETK LASTSOILERGFSKGFODMASKSTS SSTRMINNFQKVPELVNAIEAAIRS AAADKLIARIRLQAGGGGNPAA FNMGALVAEMNRIVTSIEAMGNKM NTTMADMARSTDKVSDKL TDLNSG VRDVTGLGLNSTLTGTGSAANR ASRALGNTSGSARGATRNFAALAM VTGPMPLIYGAIASNYVYLKAAFDQ LKLGDQLNRLEOFGSIVGAKGTGPI QSLAVALQEQATGHAVSFEEMIRQA STAAAYGFDKQISEFALVARRAAA TLGVDMDTDLNRVIGVSKQIEELL DELGVITRLNDAYAEYKILNAANT GITYNIQGLTSFQKQOAYANAVAE STKRFGYLDVLRATPWEOFAANA DSALRKVQQAAYKYLGPVSIINAA FYTSKASVSAEAATAQESIKQMD	169 2	Proteína Pb2 de punta de cola formadora de poros [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006968.1	0,0 (628/119 6)	proteína de punta de cola formadora de poros	SMC_N. RecF/RecN/S MC dominio terminal N	plam024 63	4e- 05		

Figura 2F

27	24536	25150	31	<p>GKDSNAVVMINLEASQKGLDDAVKA KEEVKNKLAALNKEIMDREAKMDM STALATAANYSGFGNLLTLGASKAN KEFTQQTADIMRROAYMLOQELAD SAGAIQKWKDARDALSACKAENP ELAGKLNIGONVEASNGLYTFDAAA LDGAVALARKEFNIIKTSGLSNDI ONFAQDSNTASRATAALGDALKAV ESLAGGSTKANQMTKDLNLGYST VTEMINTAYKAMSNYQKIVNDEAKS KLDVEKRIAEVYAATRNRKDKAEAG RALEMQQLSAKKEALKAVLATNKD NKAIOKELTLLETELKVKNOGMEA TKKEFYKOKIVGIDREIALNNRTM TDSQYNVANLKLNLQVEKDRLLALK TOADKEKEAEQSRNRNIASIEREIKW EQLDRNAKTAEMRKEEFERNQSM KPLMGESQKMQEQLAFYQEMKEF TKGNADEQARWSKEIANTTAQMAA LKAQRTAQMMDRVGSQSLGADYTP TTGLEGEDKKFADMENOMASYDTA IGKLSQLNSEATATAQSMGNLANA MIQFSQGSLLDTTSMIAAGMQTVSQ MISYGTNOQISIDAIAAEQKRDG KSEQSKNKKKMEAEKIKLQESAK KQIIQITAVAVMQAATAVPYPSIPL MIAAGLAGALSLAQASSATGMTDIA GSGGETASYTLGEROKNVDSM GANAGELSYVRGDKIGISANGFIP RAEGGNTYPGVSYKMGEGHTEVA TPMVPTKVTTPADKVASSETSSGAR RPVNLNIOAMDAKSFMAYALENPA AFQAAVELALNEQGLSLKNLN MRLPDPTHPQYNGLGFDKATLID NDPVIRDEL PNGKYNVKTATQYW GLNISYPMFPDEYAVLSAILEYK RTRGYLDVILPHYESYRVRGDANN CRIAAGQKGSTLVITNTNSLSGEPK PGDLFQLTTHPKVYKITSFKNVAGV WTLNLYPDLITTINGSERPRFNGIL FQTKLMNGDSFSEEITVGVYDGV NLVLRSL</p>	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	<p>MRQILPSAKAYLANNDKIRLAYLSI ELPGSTGNNAVYAYMTDYMIRDIY GGILFQSGKIKTISSHKQNRLLTVGS LSFSVTGTDANEVILVQSGVSFLD RSISYQAIIDNDGEILPVPDPTNGPL LFFRGKIVGGGIKESNTVSGVGTSTV</p>	948	Proteína Pb3 de cola [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_001837072.1	0.0 (681/949)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2G

29	27994	38385	33	ITWNCSEFYDFERVAGRTDDAS HRGLEIVNGELLPSHGAKRPEYQE DYGFFHANKSVNFLAKYQVKEERY KLESKKLFLGLSKSYSLKYYETVT KEVDLDFNLAAKFPVWYGTQKVP IPV/FADTERNNPNVWYVAFCEGE IEGFLDFQGDAPMCTDQDSTSR TCFGQKRVSGDTMARISTGLPSTS LSTHGQEKYKNDGNGDIRWTFHG KPDQTVATVLRDIAAANNFFLOGEN GNGPEYWDSTRYKLLDTAYAVIRFTI TENRTDIPESAEELSGRKYVYQAD GSVKMDKTSQNGVWQTFDYLST TFGASIPIDRMVIGDWRKEADLNII DTSYQTSWQPFWRVYWGWSWTA ENRQIMQNTILDNSNSVFKVQOE LLESFGALNLSGIFRITVEKDSKT PLELNFLOTYGDLDLSDTTGRNKYN SVQASLDIPTLNWTKTNSITFYNSKF KNEDRGVDKKLQLSFANITNYTAR SLADRELKKSRSYSLSFSLPYKFL GIEPNDPVFTYDRYGNWKKFFLV DEVNTRDQKINVTLQYEGEDVFIN STQVONSSEAVPEISNNVLPDRDFK YTPTGGMVGDVGKNGELSWLPS LTPNVVYYSIRKSDRVDPPVQQT FTPNVRMFQDIVGEPAGLTIFEIRAV DINGRRSSPVTISVDLNSAKNLSMV ENFRVLNLPDPAEWWGPDLGLGW DKLQEEGLISGIFYTLLEIRDNTNKL RSAKITSLYNYSYLLGYNKLDYKAN NSNTLGIYRALQPRIOAEGPKGEKS VAVAWI	346 3	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)	pfam013 91	2e- 05
				MISNIAPAKMVLONIVTGYTASIOH SIFSDYDVIGRTFWLTGGVTTTRD FTGVDTFIATINLIAGATYSAQGAF YDSMVDALMAAKVGMNLSSTINF KMKTPAKITKVSFAESVDVGVGAP MVVELSGEAEVYTIEMKPEGST WTKYRGPTIEQIFGGVPVGRYNI RVSGVWTMPDGVTVDSGYDTWP SLFNLTYNFTPPSAPTNLRFKTAHI QDGMERFDVRLWDWTRGTGAN VREFIIQYISNDEFKAGTWKANKL NVGAAGAGTITSFYPKIRHFRVLS VAWGPDTQSITNSNEVTIIDESTTF DNAFINETGVEMTYAGIKGLWNS NTKQWEQITFLVDAATGAVALGLD								

Figura 2H

[illegible]

Figura 2I

ATPYLGSGAFSHPVTPGKRYTLTY	NIDAASEVQTRDTIFWQANPDSGQ	STYIEELNTGTSIKVKRTFVPTGM	NYTLRPSALTLNVATTWSKIKLEE	GGEKTEYQVEYSDSIGVGS/LVQ	WSKODSSSNWHDFTQGDLEMRQ	NVDGWGPAIRAIGEKEIGPDGK	KGNYNIIFRISDTKPAKPTGNKPTD	WFDAPDGSPLWMATATFNGDTN	AIIGAWSDPVRIDASGVGENFLAFK	EWMMISQIRAEFTGSSVSKNPDOM	REFRVTAQPSRNDAYTTPYQGTGTH	FEVSPNTVYTLSEMETAVSTRMM	LLQFDNGNGGTHARNNOVISTGTI	NSLTIITGANHTHLSMRMSISNMG	TNVLMPKLELGAFPTAYVAHPSDL	LGKDGATGATGPQGPQNGTGTG	ATGPQGSKGDGTGATGPQGPQGP	GNAGENAKGFALTSDYQSFVYDTV	GDIKSAATTLFKGLKQNTTAGITWSA	VNNTGAAYTLMNSGONRQLTAANF	GASKWTTITATCDGLSDQITVRLQ	DGENVLTAVMTNEAATVLANYSY	CQSYENAKGQMRWYGGSTDVTGQ	CIFSEGRSNVTPSINSANGNYSV	TGMLDGTIDITEGWVDVKATHPKYG	ATKRFVATKVLAKSYEMVNTNFE	NGNGSWAGALQSVSGPTNQSISK	ALRITARONLEGRNTIPVAGGQKVR	IRFWYNPLGLEEAIFRVGFIVHRKD	GGKGYSRTVYVTPGAPNSSWAYF	DQELTILSANDEGIAPWVFLDNKT	SGSSLGYNLVAIHFDLSMDGAD	GATGPQGPQNGTGTGATGPQNGKD	TGPQGPQGPAGASVGVOWSKTGN	ASDWHTNYATGDIYMRQVNGVW	SSAIRAVGEDGRVGADGKYTSLRF	QVAATKPARPTGNSPANWSDSPP	EGSPLVMVYKGEFSSNQLQGTWS	DPVRLDGETVNLNLFANKAWIASIT	GASGSGSWAKNPDELRLRITAGS	GATDAYTMPSGGDGTFFTKVTAGK	RYTMSFDTDSALEMRMHVFFIQAG	ANTTTSSFSWIASTTAGRTSWSFTV	PAGCDRVSVRSLNNNPGGTNV	SNIKLEEGDFATAIRNELDTIGADG	SQGPQGPQGSKDKDGTGATGPQ	GPQGPNGTSAKAFALTSDSI SESE
--------------------------	--------------------------	--------------------------	--------------------------	-------------------------	------------------------	------------------------	---------------------------	------------------------	---------------------------	--------------------------	---------------------------	-------------------------	--------------------------	--------------------------	--------------------------	------------------------	-------------------------	--------------------------	----------------------------	--------------------------	--------------------------	-------------------------	-------------------------	-------------------------	---------------------------	-------------------------	-------------------------	---------------------------	---------------------------	-------------------------	--------------------------	------------------------	--------------------------	-------------------------	------------------------	--------------------------	-------------------------	-------------------------	---------------------------	-------------------------	--------------------------	--------------------------	---------------------------	-----------------------	---------------------------	------------------------	---------------------------

Figura 2J

30	38389	38808	34	DTSGNLKSNLTKIDSWRQNTAAI TWTAKNAQSNLTLGGTATNKTTIS ACFGSSEYVTVTATCDGIDTSITVR LQDGVNSLVGYLTNEAANLSCNSY GFVQNWDTGTTGNFKVFGYGVDT SOCTFGVEDKSNLNGNIGSSGYA PSAMPNGLEITSGWVDYKATHPKY GTLIKRFTLKKSLPGIGYDRVFTGSF DSGNNGSWGRTVQDIATGSPGGH TKAOCTSRDTMESSNWFPRKGM RYRVTAWNNSEGEYQLRLGHT QNSSGSVNTGYPTMLAASAKDSEG WKLVTGIVTVGGDSTAETGRARPF QINGASAPFGNAYVAAIAEDLSM DGADGATGPGQPGQNTGATGPGQ DKGDTGPGQPGQPGAGNSVWQV SKDGSNWHSTFTSGDLYMRQQV NGSWGPAIRAVGENGANGTPGSK GNYVSMKFAVMASTPSRPSGNSP AGWSDPPPGNPLWMIKAEFNGE TNAIGNWSDPIRLDGSINENLYF KAWLDSITGVAAGNGSSIGKNYELLR ARIAGTGVTDAYTLPSDGSASMT YLPSTTTYTMSFETDNAVEVRCHV FWYAKGSNTTGGVLKTIATAGLS SFTFTTPANSRISRVFSVNESGNG NVGRCKIEKGAFTSVYRNQYDA VGDRGPGFYTAITNLTGWNDOA ASFFQSTFGGPPVYDVLIOYKSG SPONSWTRQWNGSAWTPALTVH GDMIVSGSITADKIANNAFIAQIGV DILYNRAAALSSNPEGTMTKIDLA 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
31	38808	40847	35	MSTENRVVDIILDONVSYGLMLQFM DIDDSAYPATETPVNLTGVTLKSSIK DSLESTGVKLAADFVTVVNAATQGG ASLGLTAATVATVSKASKERDKYN PRLRFAGYDVMTKGTGATATSY RVMEGSVYSDGVTA MAITTRIAQQVTALDGNANRSVSKY PKFTVOLGYSVSSLAATELLDAATR SAASAAAATSETNAKASETAKN SQTAARTSETNAAASQAQVQNLG KASLVTPLGVMITGSAEAKIASITIAA NQSSSVHVLFALYATGNGANRDI YMEIVSLALPGPVTSVTADNIGSF LSHRVIGPANTNGFMVGLKSTIEGS NVTYDVYLKSRSSFRDPKMAFLSG	679	Proteína ACICU_01051 hipotética [Achromobacter baumannii ACICU]	YP_001845710. 1	1e-19 (54/139)		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2K

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Figura 2L

35	44527	42692	39	MSVINKLTISHFMSYAENNVIEFDN HRVTQLIGRNLGKSTIGTALAEELL YKNKSRGKIKKDDLFWHTGSKAYT LEGQFTKGDVYNNVKKVSTAKV TLTKNGEDISGHTATQTYKLEEVLA CQFTTFKLVYQSVGSSLDLFTTD AQRKTFNLFDQEQKEYSERVK AGRKAVSAKLSGLESLRTAQSL SKASLGAPOSEIPIPVFDEEPLVEEL TEAKVKVALAKQKASIAKRSLDM AVQAAEKTFAFFENLPAPTSKSEEL LSVTRNLTVATRADDLKRYDYDFK NAAAGKTQCACGTHLDTSAQAEA MRRTKEYDPLYKEROKLEAEVEE LRKEDRAFKDYISKFNALQAKRNL KEFDEVNGTQDEINVDASGLAEIKAI ESSIROGRSSVELARTHNSVIRE NAKYEAKREQIKAEQEFDKQAEEL SLVAEEVADLDILGLKDLGVYKLE HSVYVFEEMINHYLSIMTSKGFALG FELDETKLQVWYNDGNRTSMVNC STGQQRINISTLLAIRMLLSTISKVN INLLFDEVSYDDPDGINTLVELLOE EDQLNSIIVSHGHHTHPYAHKIEVKQ 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	COG041 9	2e- 12
36	45503	44511	40	MKILFSADHHIKLGAKNVPQEWOK NRFILLGEKLDFVFGATGCDLHIGG DIMDVSDPSSEEEVELLFAFLATLOH PGIYTGNHEMKSCTISCLDHYAAAI SDATDGLWKVVKDYRSPFDIIPYS SLHKASWKPVRVSDICFTHVRGAIPP HVPEIYLERFVEHGYSKVFAGDLH SYKNSQKIGDVLLYPGSPLTTSFH RERTKGTNGAFIITVLPDHEHYL SWIELGDLPOLIRKTIEVGEPMEAD AYDRVIYEVTDVSQLTKLKNSELL DKINNRYTKDAKLDLDDMSLLOEL DYFTNVQKLDSEASRTRILKRAAEY VDSN	330	Endonucleasa putativa de recombinación, subunidad D12 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006955.1	1e-121 (216/328)	Replicación, recombinación y reparación de ADN	SbcD exonucleasa	TIGR006 19	4e- 05
37	46316	45543	41	MATKSWGSTTGGSGNDKLDYMKF NNGKNVVRVSGVLPRYVYWIQNK EGKPAPFECLEFREREKFIIRGAS DPVHDMGFQDPEKKDGKAQPLRP KKNYLAWIDRTDNKLMKMEVKATIL TGIHSIMAOQLNLEDGPEIDITISKSGT GFDTKYDVQQAAMQFQMAKNQRP GSKEAALHEADVALIGEALYNEADE FEGFEKVPKLDVTYVPVSYDEQKK	257	Proteína D11 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006954.1	1e-88 (161/256)	No se han detectado dominios putativos conservados			

Figura 2M

38	46672	46319	42	AIQAWLEGKKDEEGDESKNEGSA NSGNIDHEAASDL MLFYDYEKIYMLARGNSSLVQIIRM VEDPEAHVMLTGRSFILNEDTIVYN KRKLSDRQLAEYLGILLSFRNYAEYS FSKOTSLDMQYIPVWPRAVIEHP LIAINKSLTFIEEN	117	Proteína AGC_0138 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837061.1	5e-40 (78/116)	No se han detectado dominios putativos cnservados			
39	48232	46874	43	MKIVSNKIYCKPSNELWEYLLKHTS YQIFKPGAKYPLMFQNSGSGVGEIK WFPVTRLDLLESFGQKVTEIMDKRT LVPMDIPKPSFTLRPGDQLPIYEDC NDTCIINGKPGFGKTLALAAHKL OKTLVICTNTTIRAMWEKEVRKFFG IEPGVIGSGKFNIDSPVISNIQTVNK HGAALAKEFGTVIVDEVHHCVAATF TKFLEQSSARYKIGLSGTLKRKQGL QVMFKDYFGTKVYSPPVNNTMPPT IHRFALKTVQSGNMNVWPAIRAND VYSQPEYFQQVVDLCELYSMAGHK VLFVSDRIDLIERTNALELRGVKTY TITGVTSLDDREQVIDVNDGPCV LAASQSIFSEGVSNALSCLVLGSLI NNESLIEQLAGRVQRMADDKLPIL VDLKLGGVGFQAAGREAVYRLNG WEVLDNFNEKNMANLDKILFAKNPK V	452	Helicasa putativa dependiente de ATP [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837060.1	0,0 (304/448)	Helicasa dependiente de ATP	SSL2, helicases de ADN o ARN de la superfamilia	COG106 1	4e- 30
40	48726	46874	44	VLNFSLPVYALRAYDVLFGEGEYVI QTRFTRYVLDNPSLPGTFQRRLFL YGERENLPYKLYPLKKQFKYLSQIIN SGLKHFDISTGKIVTWKPTTYNIIT ERVRGSTRIFNGKYQCYYKNVPYP FLLSEPNYISYALVRGSPVIFDTHE 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	MKIAVVDKSPNNVRYQKHFLFDH EVETFFMASEKVTGRLLKKHITGTP ENPFNPEDFDYVLVGADPFLKFAA KKGISDYSGRVEHDGYANWIASIS PAQLHFKEPKVPFEATVESIHAIL NGREKRSKAGDYRPIQCPDEAEAY VKMVTYTMCPGMAYDSETSALYCR DGYMLGISISHQEQGVYIDADVITE NTVYLOKLFDSPEHGVVFNHLLKF DMHFYCYHLGLSFDKAAEEKRLHD TMLMHYALDERRGTHGLKSLAMKY TDMGDYDFELDQFKETYCKTHIK 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	COG074 9	6e- 84

Figura 2N

42	52241	51357	46	<p>AQVQLMTALQLAKAKLYEYEVPRK LEEDQGSVFNAASVQLRLKLLFDY VGLTPTGIMTDTGADSTGADALKEL SDQHPIAKTLLERIKISKLLSTYIEKM LSIDADGCIIRTFHIIHMTTSGRLSS SGKLNQLPRDESIVKICVAPVG YRIAWDLTTAEIYYAAVLSGDINMQ QVINMQNDPENYSDFHGSIAHIV FALPCKPTEVKLYPALROAAKANS FGILYSGPAKVAASVNEALLEEHM KTGKPYTECTTGDAKEYIETTFGRF POLKKWIDKSHAQIQNGFIYSHFG RKRRLLHNINSEDRGVGGEELRSGF NAIQSASSDLSLLGAIDTDNEIRSL GLODEMKIIMLVHDSVAVNREDLV DQYNEMLIRNIQVDRGISIPGCPIGI DSDSEAGGSRDYSCGKIKQRPVS ACIEDKEFEKVKRSIGMEDFDYAAI AANDENHPDHDKYANIKFLPEISKDI VNVRRVLGA</p>	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)	COG035 8	5e- 15
43	53716	52238	47	<p>MYNVQAVVLKMLASDQKQVALET FSRLRKDHFNDAFTAYQAVQNYK KHNGMPSLDALMLESNRNARLSQA LTVLANTQIPQVDVISHAIHVLSEYT QDLFLNLETDVLDQITLDQGLLD RVAALHMKLEERVTTTGKVFNADT MRVFKRKEDSMLNLISLGISNEFDA QLGGIARKETLLGGWRGTGKSIIC SNIQVAQYNGDIAPYFSIEMPENE VFRRLAIMAGVSAKAMRNDLSQG IELNKLAKTRAKMFEGLGVYNDVF SRYTLNEMSDFDHMETMLMQERP LHPTMIIVYDPELSTATIDVELTKLTS KYGDKVTIALLDYINQVRLPDTKTLD MYDWKQDMVVSSTFKSTCKHNV AGVAPYQIDQQGNARMARGILDSC</p>	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	COG030 5	3e- 08

Figura 20

44	53716	52238	48	DMAANLNAKQNEGHGAKDFV KTRNSEGMITFMPKRWNSLRDQ TSDLKLEIROMIEAEFVPLESOKP KDKPKKKASDEDNPTGESSRL	252	Factor putativo de transcripción [Fago T5 de Enterobacteria]	AU05255.1	5e-95 (185/240)	Factor de transcripción	No se han detectado dominios putativos conservados		
45	55311	54562	49	MAKLTWNEEITASLTAKANALNATV ISQEAANIAEAAETGKEVTARS VGSKLKKEGFEVOKASDVTKSPWT PGQDELVFLNDHPGQYTYAEIA AAVVGAYTAKOVQKILSLELTA VKPTKAAAVRSFSDQEAFFINAV ASGASVEAMAFERTVKQRKAL SLREGREAMPVOEVSNAKAREG VLEGLNADMTVAIEAEATGKSERG VKSMLSRRGISAKDHDGVAKRAKL DAKSAX	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	MKHVKEFKLCOAYYKGMSESD EYDALIRRFPLEEIGPKGVPHLF RMFSLQKYPGRGEVFPQGIETP KLDGCAISLLYIDGKFSALTRGNG VLGNDVTHRWKLLNPKRISQKTPV QITGEVHTKEVENMRNFASGAINL KDSGEFLSRMAGGLMFTAYSIOCE TGKVLGTATFCGDMHILQDGFVT CLDISRVDFPTDGVVVRMDGNIN QFNAAGWTNKFPRGAYAKEDDEG EVTTLERVEWCVGASGVTPVGYF TPWIDDAVSKATUNWGYTALDL EIGCQIRVIRSGGVIPRIVERYE	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	MOKITLNAVSSPPRGGQELVLTWLE KEKQKPVRTMISGFQMLGMWYEK NVLVCEL YSPKSKRRVMSTFQAVC ENFYWEGKTOMLFDYFEAK	91	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
48	56866	56729	52	MKQHEIAQLVNLTEAKTYAHTQ QLRAHMSRVINEALKNAKDNA	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
49	57258	56950	53	MNQNICDYECHIDQSHYFEDE GRQIRMTVSEFRGNLYFGFRLLWLL	102	Coactivador p15	AU05252.1	2e-34 (68/101)	Coactivador	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 2P

						putativo transcripcional [Fago T5 de Enterobacteria]				transcripcional		
50	57605	57309	54	DIEDNWFFTKSGFSFPYTLMTSTL FRAFTKILSNSEVLHEVYRESQKTQ ASDD	98	Proteína AGC_0128 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_001837051. 1	5e-31 (62/68)			No se han detectado dominios putativos conservados	
51	58022	57618	55	MNKAQVAICEKHGEFCMQYTKLR TKGVYLYGTTFDPKQDKYLAERI VREGLEPADKOHILVFSRSSDKFRY IPANIKRITSINOELDRATPVGR	134	Proteína D3 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006941.1	5e-45 (92/137)		Arginina descarboxilasa	PRK053 54	0,008
52	58315	58097	56	VSKYOLLNLFOYSEGAITARDLHYA LPMDEAEADGNWLTQYDRGLKMY RLSPNGLVAVNOILENSVCFAAQ	72	No se encontró una similitud significativa.						
53	59003	58308	57	MAIRKKLHANSIPDEKFKEAIOWLE EGKTKKGACEILGVASNSMTMERLIE EWKONORVSAEMRKRRGTKEG AELANWIDSYLSGDSFEAMAEFYR SANMIRMVLSAHGALLRVNGEVD LPFAIPEESMKVEFGEHWWVP GYQCIGEVKKALDNPVGAYRYLL SEAROOQYNNMYWDLASVEHLVAL GVDIKSLGFKWKGKEDVAELVNNV KAALKLEKRGKGE	231	Proteína D2 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_001837048. 1	6e-82 (152/223)		No se han detectado dominios putativos conservados		
54	59320	59036	58	MSKRDARWETRGFPKPRDITKARKA KEIELRCRVIPIRLAQMNIYOWLEAQ RKTRLIRINMELNMGYKLSLFMH VTDPFTYENRDLCEAKSVL	94	Proteína AGC_0124 [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_001837047. 1	1e-10 (34/74)			No se han detectado dominios putativos conservados	
55	62096	59307	59	MFSILEGHAGFSRDPASGNWKEVK TTDYLVFAKESNEHEPGKPSIMPY KFNVDVTDPKLNNEAYELMVQLT QDPHLVAVRGTCCLVAEKAVRRKT NFKIDHKSNIAMVDGSDTGDCD RFDIVGMGRHVIKLLNSISEDMPFL NAGFIASHASSAGIKPGIRMHMLE SNIPVTQGLKFLFTSLNDSRQKY GFDIADLAYYSVQLHYFADPIFRD QFTDPFKAEKPKRLVKVNGARIELP NTMPDYEAIRGEFKEEFLSLNQIK GKRVAKEVQETIAEEEAEDGYLL RIIPKLYHRALEDGVDFAWLEKEITS ALSDYINTKONSRLQDYFNNGRK QALKAFVNSMRDIPESNVKGPVP HKLTSDDPGMNYLKNRPPPEGH LTIKASLGTGKTAVTKWLERDQL KGNFLAVTNTALVSSNAKKFEAG	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	3e- 05	

Figura 2Q

56	63090	62695	60	QYKSVDMILNFKRGADRMSTTHS IHKFNFGQIDVIFIDECDVAMNDL LFAPVVKORRECISVLREILLSAKVV ILSGDISAETIEAYGSLIDFKPVS YKHHRMLSDAQAYEFPDESSIWV ALQTSLEMGEKSILVSDCGPDELNE KGLTLRNNITGAIVKEIHSNSTSDIDI RRILDYTTNELIEQOQIDCLLCPST SGVDFNYFDNVFVITRTANQAPNM RFOAIRDRGAKNIFYIDKSTSGF SAGSEQYNIDEGWLELAQQLYKVR RELESRNFISTRLRYLLDQATIDIF SESWGKIDSSAAEYTAERSAILS TPDWCAPRHADAYEAKMLVKYFH LDSIKSITOEHAEMWISKPHKRAE FFHKLQDIFWKDIKKCSNVTISPIE ALKKHKKOFFIRTGOSANPKYARM YLTOMGINKEMETEQIVDWYRTYC SIEGISVPYEFMTDEEKALADEAQN ELGVRNEQA	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	MSIPKMERISWADIPKELIDVAENLL RAALRDEELCFIQHDVCVGLSKGS LAQDYIELFDWDDLSGLMVLVN NVVHPSPNFAAFREPAGAGISPGFLV ADEPWTYAPEVLREGKQNASNSI NIMGWNA MLVNEKVVNQGVGLVPWAEIPLDV KESLLDHLRVWCDNMEVYFDYN MHLGLVWPMDEODEVLWDGDLT EMGLVFALGVYCLLRESYIPVGVGTG VSAGWVWGRNEDYYAPENINGWQ VLRFRFGVQVEGLTK	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	MYHPDILLWPNGSWCYRSDVQD MSHLSDDYQVLRADSEQWHEFIQ MGEYAGQ	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	VPTFRKGATPLWDKYKLTVCNIQ AFDKGFHYLNDMPPLEALSEGSD DEPSRNLVELTHEYNNRQELGT VEPNIAHLRIAEWYERFPGQVNF TNVDLLERAGIPHDDVIAHGYLT EIMYRRGKDVVEDIGYTAVDYRKY EWKPAITFFGETAPWYMGQINLF DTLTTQDLVIVVGNQVDFNWL FPAHSRGTKVWVWNGINYLEQSL YEERGIPWYDYTAANVFSNKHFIG QVEAWLEEKIYVPSR	260	Proteína putativa similar a Sir2 [Fago rV5 de Escherichia]	YP_002003582.1	2e-64 (127/263))	Desacetilasa dependiente de NAD	PRK004 81	2e- 21	
60	64654	64442	64	MKIHKTEKRIYFMDSGAYGSISR	70	No se encontró una similitud significativa.						

Figura 2R

61	66544	64715	65	EDWKLRCRNHLWKQKVDPTSE CLSEKAEQLRKKEEMRNMYEFL NANKASEQFTQRMIAGEVSKYV VAQELPAYLLAAHNRGEIHIDMDY RAQGYTNCCLVDLAGMFKNGTKIG GAETPKSISTAAVTAQVIAQVSS COYGGTSDIRIDEVFAPYVRKSYDK HLAIGORWLHDSKKAAYVATEMT KEYVDACQGLEVEYNTLFNSNGQQ PFVTFGGLGESWEARMLOKAMLE VRIIRGLGASGHTAVFPKLIFAVKEG LNKSPDPNYDIKQLALCTCTSKRMV PDYYSYERVTAVTGDFKFPMGCRS FLSAESGETAGRNINLVVSNINPLV AVESEGYDFRWKLLDEYIDKAMA AHDWAIERLKRVRAKQAPILYMHG AFGVRLKANDLVWPIEGRASVSL GYGINELVEVMFEDTDPMSPPAIE FAVQVLNHHMKDRCKKAEETNLGF SLYATPSESLCNRFNTKIAEQYPEY DWLTDKGYLTNSHLDVTRTKVAPN VKFDYEANFTTIANGGNISFVPEL MRKFIPALEWVDYGLSKSHYIGVN IPVDECEECGYLGESVSGEHGFVC PQCGSGNISVTRRVCGYLGSPGSR PFNPGQGOEVVMORVXHMNLK	609	Trifosfato reductasa de ribonucleosido anaerobico [Fago T5 de Enterobacteria]	AAX12030.1	0.0 (379/608)	Trifosfato reductasa de ribonucleosido anaerobico	PRK092 63	<1.0 e- 180
62	66854	67603	66	MRKAARKESRRNGSAKRRHEN VIPVDFEARERFQPTAKELPKNAE QKHYISTIRNFTVTVGIGEAGTGKTF IPSVLAAQELATPGSVYEKFKILVRPN EPLGKSLGMLPGDLNEKMAPWLEP IADGFKWALGERSYQGLVERKAIQ YLAIEHARGRTFNNSYVWDEAQNIS VEAMKCILTRVGODCKLVICGDVAQ KDKSDSGLQLIMDIYDQYEHVPFSL VELHONVRSAESKAFQAFNDMGI	249	Proteina inducible por inanición de fosfato [Fago T5 de Enterobacteria]	AAU05235.1	7e-96 (173/246)	ATPasa Irducible por inanición de fosfato	pfam025 62	5e- 40
63	67539	67718	67	MITCVPLNPKHSRQSLTIWESNMVT ELIIGYEGITSEENWGFVGFGEKIT SHDERPDL	59	No se encontró una similitud significativa.	No se encontró una similitud significativa.	No se han detectado dominios putativos conservados			
64	67733	67942	68	MNVFTLNNFRTRTKVHPVSLAT VNKNYANYPEDERRHHAAPKIANE FPNPLGTLKELVSRMKKLHEY	69	No se encontró una similitud significativa.	No se encontró una similitud significativa.				
65	68071	70395	69	MTQRIEYVIKRGDTKEPFMAOKLND WAKYIGIRSDVPWSPVAVAAVKNL PKGDVHSDDLQTMILKSAESMIERD HRYDRFALELRQLAKRNLFDSYTP PSLRFFHHDHINVELGAWEDMSGWI	774	Difosfato reductasa de ribonucleosido aerobico, subunidad grande	YP_006924.1	0.0 (534/776)	Difosfato reductasa de ribonucleosido aerobico, subunidad grande	PRK091 03	9e- 145

Figura 2S

66	70492	71652	70	<p>SDDQFEALNEVDHSRDELFTNAGL KQFMDKYSRRNIYTEIETPOFAY MGAMAMLSOPHWISMLDAIDLYN ALSLOKINVTPLVLGRSADRGA SCCLVDGDTDLSDIDAAEHVVKMV AARAGIGYHLESRSIADPVRRGAF HSGKLPYRHIDRSVKANTQSRG GSATVYTAFFDPEIIOVMEAKSNRS PDEKIDKMDYNLKFNSILLKFLRK ENITLMSFLYAPEVYAAFDSDVAE FERLYIAAEKRLAGVTKRGFKGEVL PVAPVPAELIEFWKTVRMEGRIL YTMAGEVNRNRYKOPVRMSNL CVEIVQPTFPIPHVVDLYRTDEELD KMDVSEYGEVSLCNLGGFALGRIK TLEEWKISYILLKFVDTHIEIQHYPF PAMKYTALRRNNVIGLINAAGAM AAEGLAFEGEEARNWIHREAKAS FFLHKASVRLAKEIGPOCEWFHRTHT SDGTLIDITYKTVDDLVSVGLEMD WESLREEIKTHGMRNSVLTASMPG ESSSVLIGVTNAVEPPRSVITKTS GVNKVITVAPGLDDWDTMQSYKYA FDIDRTEHIKWLA/LQKFTDOAISAN LYYDFNKYPGGIIPGTEIKDLNSTK YGIKNLYYANFVDVDTGGSAAEQGC SSGGGCTL</p>	386	[Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006922.1	5e-118 (225/390)	Difosfato de reductasa de ribonucleósido aeróbico, subunidad pequeña	NrdB, subunidad beta de difosfato ribonucleósido reductasa	PRK09101	2e-63	
67	71652	72215	71	<p>MATVFNREWDHTESKFLGQDLGI ADYVNVRYPRLEELALLQRSQFWV ETEISLEADKKQWPNLPCHIKNTL LNLAWQTQADSIITRAPEDAILKLVS RPELEGMLIQWSYFENIHSTRAYSNII RNVLPNPGEFIATVOANDEAFARLA LPVSVIDELAEIADIWLDARANLEIAE KEGTLEYTEEADFLALTEQVQOKIL EFYAYVYALEAMFYASFACTFALA ENDILGTIAKNLQIAKDEALHTVMA MEVLRILONGEIPPHVVAQAANAP KILRSILETEINWYHYIFPEGEDIPGL NADLLVEYLYYNARLAFMAINIPWP EDLPVIMEDPIGWKMWLNTKNQQ VAPQEAQITNYRVGATSOANPDOL SDFEGEFL</p>	187	Dihidrolato reductasa putativa [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_001837029.1	1e-08 (40/122)	Dihidrolato reductasa	Dihidrolato reductasa (DHFR)	cd00209	9e-07	

Figura 2T

68	72212	73066	72	MGCLDAIYRSTIYPKAGTVPISLHI MYLEHPILTSTPPDAVVTIASGEN ERYRFVMEGVYL	284	Timidiato sintasa [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837028. 1	9e-120 (204/282)	Timidiato sintasa	ThyA, Timidiato sintasa	PRK018 27	2e- 82
69	73073	73306	73	VIHYNEGRILLEEGVWLENPRGTGV RCLTVIGSNFEYDVLGKKFPLITTRK AYALQAINMELIGYLRGYDSAEQFRAI GONTWANANENEAWLVNPNRKG TDDMGVYGVQGRTWLRPDGSHF DOLYKIENLRRGIDDRGEILTFWN PGEFDQGLRPCMHTHQFSLLNG NLYLDSFQRSDNDFLLGQAFNMVQC YTELALMAQITGNRAIRANQRVNM HIYENQYKVLMEHQGFDRKGFPPAP RLEINPEIKTLEDVL TWVSKODFKIV GYKSHDPIAYPETA	77	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
70	73404	73679	74	MGLFNRRPKITFSEREESQLKFLVQ SSGLHIDVILGMVKYKGMIDALMRQ FAPKPPKENPPAKRDYNSNLLVPP AKLL	91	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
71	73679	74161	75	MSFTDAKAMAAKAKRSNDMAVIAA RRSIISNIDGSASSGKTEVDSYALN GLPIAARSQIMEDLDKAGYEVKYNH PFDQDRTESITISWGHA	160	Ribonucleasa H [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001837024. 1	7e-44 (85/160)	Ribonucleasa H	RNasaH	cd06222	6e- 26
72	74161	74322	76	MFHVYTDGGCGRGNTRGVDNVGA WAMVWYNSSEEQIGTKSAKPNRTT NNEMELQAVLEALLWSNKNPGRP MTIYLDSTYVKNKGCESWWGWGER KGWKKADGDTPLNDQWKKWIDEL KKYRLNHNEIPTFVKVKGHSGVEG NEAADNLLNVRMTELEMDM	53	No se encontró una similitud significativa.						
73	74322	74672	77	MLENLRLRYSEMKEYEVLLMEPGVD RVWMKLRARMEAQIFEAEWKALR GGDEL	116	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
				MAPDLRLFPNVPQYOLDLYAFL EASKSGNPLRVYRQDRRHGKSWIL RWLKENEPKLLKLSERNVQHRHT TKVGTSTSAQKSRQNSIGNRYEFI IFDDLVDENEXTQLLNAKN								

Figura 2U

74	74726	75136	78	MAKOTSKKAVETKIVATFPKTEANR KARLERHLRKHADTQAASAVGKP APRRKKPVTKGSTGYVSKVWGWS TPDKADTKVELRKTQGRFGSVKPNII FGCEYSRENVRALCYGVGKFTGK 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	MRNFVAKNDFNRAATHKSAIDYSR VNSRELMDSCYEELDWAADWPS MEENWVSEDMTKPPEVASKCD NTSRNFNNKGNMQLQDRWIS VCDIESLGTGPGDCKSTFIAMPFFAF VLMKOLSLDPYVLGTPNVAQQLAL GAKVSGAGTIAFWINEARAGAPSL SIEALNAKDGESTVLVCNPTHESP VSKHTFMDLICPPVEAKQVIEGIIDE QGIDTRSLRHYNGNGPQFDMSIYET VAAQANVFPSPDPAIPWKFWDIS SARNPRDYFEALGGDWKALVRCA EYAHQVIERYNLIPEGVYPSKHDVP FDALVEAYCIKTIKSLKI	334	Metalopeptidasa putativa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006915.1	2e-39 (96/244)	metalo- peptidasa	No se han detectado dominios putativos conservados	
76	76205	76666	80	MKAAILMISILTSFHAQAKIDAHEIEC IAKNAYFEARGEGVKGMTAVAGVT KNRINYKGFSTYCKVYVQPGQFS WVGKKHKLDRKDEEWKQAKELAR LYYMDLPVDPKGLALYFHSKDTK 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	7e- 23
77	77991	78317	81	MNDLSMLTKIRSDIESMVSRRSELT KAKQISGGTQKRFLLQAGDIKFDL CGSQRDQYTFEMKPCYDMVKGLI KALDKQIDQCTDAIKTLNVQFAEC DRLKNSIKV	108	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
78	78320	78496	82	MVASVHTPPYPERPAPNLTPEQKOLI ARRTLEFKESLHKSVMGRYSEQVHD LVVKTLLY	58	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
79	78498	78570	83	GCUUCUJAGCUCAGAGGAUAGA GCAACGGUUCUUAACCGUGG GuCAGAGGUUCGAAUCCUGAGG GAGUA					ARN11-Arg		

Figura 2V

80	78725	79018	84	MAYKIEYKKGVLTELVIDANMARN EGTKSVFYKDGSGVARMINTEDIQDL YVISDEEAGV/KDPEPAEDTPTEDT PVADTTTEPPVEGTPEDAAV	97	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
81	79051	79122	85	GGCCCGGAGCUUAAAGUAAAG CAGUGGCCCUCAUAAAGCCACGAg UGGGAGUAGAGUCUCCCGUGG CCCA				ARN12-Met	
82	79147	79344	86	MSTKNAIVSFVDSGVLESTVTDIS PKRILLHRDGDILEILNKRSETMLVIP VNRLLSIKWIED	65	No se encontró una similitud significativa.			
80	79344	79553	87	MDAQLQTQYYMLLGMLEDAGPTV RGHYERHKAFAEALLKEVNEEGG KGSDSYAAFIALQVFLINQK	69	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
84	79564	80058	88	MLNIKRKGFYKWLNFSSAFYRL NDNRVTLCSLFWHSWYFLQIGV TAAVLFSLGMGSILSTFLGLTFELGI TPWYMLVGLSLAGLSTIAILLAIGI GWACAKIGDRIQEWNASKSFERAQ KEYNARDEELRFNIGYKMRIRYKXD KLCPLIRVDHGE	164	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
85	80153	80225	89	AAGGGAUAGCCCAAGUGGUJACG GCAUCGGCCUUGACUCCGAGA UGGUAGGUUCAACUCCUCCUUC CCUUG				ARN13-Gln	
86	80239	80312	90	GCUCUGUGUCUUAAGCUGGUUA GGACACACACUUIUCACAGUGG GAACAGGGUUCGAACCCCGUU GGGAGUACCA				ARN14-Glu	
87	80589	80667	91	GGGGGAUGGGUCUGCUGGGAGU GGACACCGCACUUGCAUUGCGG GAUUCagAACGGUUCAAAUCCGU UAUCCUCCACCA				ARN15-Ala	
88	80675	80761	92	GGGAUGUGGCGAAUUGGCaG CCGCGCUAGAUUAGGUUCUAG UGGUAUUAUCCGUGUGGUU CGACCCUCCCAUCCCUACCA				ARN16-Leu	

Figura 2W

89	80779	81015	93	MNIEIMQLDRKKNEFRKVTHTPSKE ALEFHKICMGLVLPSEIFDLACAN GVLYWVEITYHADPDELKEVEQIL TGE	78	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
90	81007	81091	94	GGAGAGUAGUCUCAUGGGAGC AAGCUCACUUAUAGAGCGCC AUCGGAACGGUGGGUUCGA UUCUUUAUUCUCGCCA				ARNi7-Ser		
91	81099	81184	95	GGAAAGCUGGUGAAUUGGUAAGC CACGCAUCACUCUAUAGAG UCCGCAAGGGCAUGAAGGUICA AGUCCUUCGCUUUCGCCA				ARNi8-Ser		
92	81444	81520	96	GGGAUUAUUAUUAACUGGAUAA UGACCUCGUAUUGGUAUCGAGU CUaUCUUGGUUCGAUCCAAAGAU AUCCCUCCA				ARNi9-His		
93	81528	81602	97	GCACCAUUAUUAUUGGAUAGA AUUAUAGAGCUACGAACUCUAUGG UUGAGGUUCGAUCCUCCGAUGG UGUACCA				ARNi10-Arg		
94	81732	81807	98	UGGGGUUAUAGCUCAGUAGGUAG AGCGGAGGUCUCUAGAAGCCUAG GUACAAAGUUCGAUUCUUGUUGC CCCUGCCA				ARNi11-Gln		
95	81810	81886	99	UGCACCGUAGAGGAGGCGGUC CUCGCCAGUCUAUAGCUUGA GAUCGCAAGUUCGAUUCUUGCCG GAGCAUCCA				ARNi12-Met		
96	81900	82094	100	MMRISFTRVLGTGVMLITSWDGD SWCNVTGLRSEQTPENIAIKKR MAEASRPAGAPRNGKR	64	Proteína hipotética [Bacteriófago 5]	CAE53211.1	2e-18 (41/63)		No se han detectado dominios putativos conservados
97	82081	82260	101	MVNVEVTMTRYQGMLINTHTKEIVF LAPAFHDTYNEAEEDARIAKIHPDE EICVRQEQ	59	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
98	82262	82337	102	GUUCAAUAGCUCAGUUGGUAG AGCAAAACGACCGAUAAUCGUAG GUACACUGGUUCGAGUCCAGUUC GGAGUACCA				ARNi13-Ile		

Figura 2X

99	82495	82571	103	GGUCAGUUGGCAGAGAGUGGUU AUGCACUGGCUUACUACGUGAGA CUACAGUGGUUCGAGUCCACU UGACCACCA				ARNi 14-Met			
100	82575	82650	104	ACUUGCUUAGCUCUACUGGAG AGCAUCUGCUUACACGGCGAG GGUAGCUGGUUCGAAACACGAG CAAGUACCA				ARNi 15-Val			
101	83285	83566	105	MEKITATGIESALVVDWAGWDGH EWMVFYSCITLQPELWTRLTDEHA MPYGIIDVEINKLVGTIMVHRAEG DHKEIFRKSILVSTGDFI	93	Proteína AGC_0078 [Fago EPS7 de Enterolactaria]	YP_001837001. 1	3e-09 (31/87)	No se han detectado dominios putativos conservados		
102	83587	83964	106	MYTRPTNGNSAVVRLMIVDNLN NIESLDRRIEYRTEMLSLMRREA KIEEQLEVCEADRLVDGTAVFMAE APAEPTFTPVAPADMVQYAILPFHLE EEDGEGPSLEDVVRFLASGFPNG GR	125	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
103	83964	84179	107	MDFIVCGANTDCFELLNDALDKVD EHMQEGRTPTFIDLSQGTKTYFYPSL DVEPTVLPIFMHLSWDEEDD	71	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
104	84374	84450	108	GCGGCUAUGGUGUACAGCGGcA ACAUACCGGCCUGUCACGUCGG AGcACCGGGUUCGAAUCCCGUUA GCCGCGCCA				ARNi 16-Asp			
105	84784	84861	109	GGGAGAGAGAGcagUAGUGGUU AgCGGUGCCUGUUAAGCGAAU GAcAGUGAGUUCGAAUCUCACCU CUCCCGCCA				ARNi 17-Asn			
106	85090	85163	110	GCAUCAUUGGCCGAGUGACUAG GCAGAGGCUUGCAAACCCUCGAA GCAUGGUUAAAACCAUGAUGGU GCUCCA				ARNi 18-Cys			
107	85180	85359	111	MIKYAFVTRESQTDSSIKFEGTT LHDTFEALTEAETHIVSKSCYAHV WEVNTILDR	59	No se encontró una similitud significativa.					

Figura 2Y

108	85350	85425	112	AGAUGCGUAGCUCAAUGGUAGA GCACUCGCCUUUAAGCGAUG GUUCCGGGUUCGAGUCCCGGC GGUCUACCA				ARNi19-Lys			
109	85601	85678	113	GCAACUGUAGCUCAGCGaGGUgA GAGCACUGGUUUAAGAUCCAG GGGUCGUUCGUCAAUCGAACC GGUUGCACCA				ARNi20-Phe			
110	86126	86320	114	MNQILMYNPRLWFRWVIVSY QIRVRNGDPENNIIVLETFSNRDAA VKFLNTIDNTLIKVV	64	No significant similarity found.					
111	86323	86661	115	MDIITPAINLVGVLFOATVYRIDO STDVATFIVPEFLEKFEFEQFRE EHDAYSNMEDLAAMFTVYGYIFE GNDLLDKSELVELNWGISFEVGSF FPFYFQGLEIR	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	MGGSNFNIENIYNSVDSWNQETLV VVLKERFNISTLEAIEAETLND	49	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados	
113	86812	86889	117	ACCCACUUGGUCUAAUCUGGUgG AGGCAUGAGGCUUAAGACUUA GGGUUCCCGGUUCGAGUCCGGG AGUGGGUACCA				ARNi21-Leu			
114	87022	87098	118	UUCGCCUUAAGCUCAGUCUGGCAG AGCGGGCGCUUUGGAGCGUCA GGUCAAUGUGUCAAUACACUUA GGGAGACCA				ARNi22-Pro			
115	87104	87179	119	GCCUCAUAGCUCAGCGGGAG AGCAACCGCCUUGUAAGCGGUA GGUCGUGGGUUCGAUCCUACU UGGGGCACCA				ARNi23-Trp			
116	87472	87547	120	GCGACUACUGUACGGGUgACAG CGUCCCGCUUCCAAAGCGGUACU GAGUGGGUUCGAUCCCCCUA GUCGCUCA				ARNi24-Gly			
117	87647	87748	121	MKAFDAELVFSLLAEMEACVDRVR ALRLSMFSS	33	No se encontró una similitud significativa.					

Figura 2Z

118	87867	88058	122	MLTVKVMSPNGEIEHDSVSGFN PKOKSISJAGLDHIFLKEDEVAYVM NONGKTVSVYHGS	63	Proteína yKris0001_9300 hipotética [Versinila kristensenii ATCC 33638]	ZP_04623722.1	5e-18 (4/560)		No se han detectado dominios putativos conservados
119	88063	88139	123	AUUCGGGAGUGUJACUGGAG CACGGCGUCUCCAAACCGGC AGUAGGAGUUCGAGUCUCCUGG GGUUUGCCA					ARN125-Trp	
120	88156	88512	124	MITYSTNFMGPVSNWYRMGPYT EYTEPNRFADGGQLTRKVFARKYA GGRIDVRGTDDYFGQEGVPMIEAE SWNELOQLWTFSSDKVLTLEQIV QALEDETGRVWKEPACT	118	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
121	88503	88883	125	MYIDRNQLKFLELDLRWPLSVNP GRATGKTFEANTAYEFVFKGQIA VYVAGVREMARLEKYNELQPHV KITTYSMLEPYRIGRRFCIMFDEPS LAIKYGVNAVVRARENQCVPVIFG E	126	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
122	88885	89061	126	VEQEFQVFDASKRVLFOATDEG HGLQLSFDLSLEQINQIVLRAQKSL KNTEAPPDL	58	No se encontró una similitud significativa.				
123	89156	89371	127	MREISKMKYTMTEEFIACTAYA DTLPPEGMDHMTQLVADYRLAE LAKEQHNRLLVYKERMMDKE	71	No se encontró una similitud significativa.				
124	89375	89647	128	MNELNELNELHYAERAIDELDFAGG YYTRHVNAMTAEGLSKSAIAELA VRDFVIDSLKTSINLSNNKAALEA LDKLSNHLALGIK	90	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
125	89647	90189	129	MNKQSLRGIRVFRSSILVDSFYWG KATRTVEQALDGTGYDWREKERN PVFSRPGLYHDRVSKTAWYEIEVT PGVIRAFYTDWEHEKWWQNDQIAP GDRIMNYAEYKEMKRMFELYDVP LSRPAIFASQETWHTVYRMKDFNK HHLRYEKEHGTLRERVAKRAELR EKRLKLYGES	180	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2AA

126	90176	90403	130	75	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
127	90390	90758	131	122	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
128	90727	90993	132	88	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
129	90983	91288	133	101	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
130	91285	91494	134	69	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
131	91496	91933	135	145	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados
132	91980	92303	136	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	99	Proteína AGC_0054 hipotética [Fago EP5 de Enterobacteria]	YP_001836977.1	6e-04 (25/70)			No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2BB

134	92561	92995	138	MSNLHPKLOETLDWNEECFAEEA PYCWARAGAMPSEWCTVFONRY RITVELSLKEDKYAKASMTALGLS GFVEMOELCNPNTHLRVQEQIATI RLMLPEDNINDFHFKVENEYKLR QRRKARREVEKTRMMCNINPHV	144	Proteína AGC_0053 hipotética [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_001836976. 1	1e-14 (43/115)	No se han detectado dominios putativos conservados
135	93115	93507	139	MFTFLAYSAMMAVGNIHQDSAK LLSAKAFELAKFATRKQIEAIAKG GAKDASSVLKSFQKLELRNGKHAA ELRCHSRKTIGRLCKAFIVQGALK GFFAKTKPDSIKRAKIFNDYGVVEHH PLNR	130	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
136	93616	94314	140	MRIISKLKDYDLOGTMYDAERAW YREEVKEVNVNSAQFEQIIFYAEILR NRTSSGYGGVNMGTLEVRPYLCG TLRWLYGYHTGLGADAVHQTFDP VKVKEVLEEQQGYLLRMGWDMNTIE KIDAHVRNATATASAFLETFNKPRA MAWDAAKSKTDPTNITVKTDFNF HAEDFPWQEDPNLYRWHTLESY IFGVLGQGEKPKTESTSDRDLIAKG FDAKYVFRNMR	232	Proteína AGC_0049 hipotética [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_001836972. 1	1e-34 (92/237)	No se han detectado dominios putativos conservados
137	94280	94741	141	MLKFLSGIWSGKTGAILFLAIAAGTF GGAYYITNKLTDMSSSLQSLSNRN EQLEKTVGNLQTEIRNRDRNTTYI TNLAKNQEDLGRINKLDAARAKE GWAAKPKLATKVAADKYNFQER LSCVTGNMDSCSRQLQSLHPGVQV GQTQVAQ	153	Proteína AGC_0048 hipotética [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_001836971. 1	2e-20 (56/143)	No se han detectado dominios putativos conservados
138	94654	94983	142	MIRWVKYGLLSAIIASGCAERPDIP SSVTGVPEPQHLWPASLQTCFPN FEFINEEGKYVRIPYQDWTGQKC NEQVYTYIANLTALCTCYRVSLEY RCKPTNKKTK	109	Proteína AGC_0047 hipotética [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_001836970. 1	1e-19 (50/108)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2CC

139	94980	95741	143	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
				203	Proteasa Clp putativa dependiente de ATP [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006870.1	7e-51 (96/181)	Proteasa Clp dependiente de ATP	ST14_ClpP_1, proteasa caseinolítica (ClpP)
140	95751	96362	144	220	Holína putativa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006869.1	1e-82 (144/220)	holína	Holína de bacteriófago T
141	96520	97182	145	137	Lisozima [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006868.1	8e-57 (104/137)	Lisozima	No se han detectado dominios putativos conservados
142	97179	97592	146						

Figura 2DD

143	98142	98546	147	134	Proteína T5.038 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006866.1	1e-37 (86/141)	No se han detectado dominios putativos conservados		
				MSDRFYTMCEHFVKSPYELNIAL WDRESPEFKKIAGKSEGVMSNGKK MTRIDLNNALTKLLGVNIEGQKLSM PTLTITILEKVKAGDYKVAIVPEGRLL KKPYQEAIEAFGEKLDLDTATVKT MKALLESINNV						
144	98539	98823	148	94	Tiorredoxina putativa [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006865.1	6e-21 (48/91)	Tiorredoxina	Familia TRX	8e-04
				MSKXIVFLKGSVCVCKQFEPVFDK LTAENLPVEKRTDDVSLRKFLR TVPVAVLVDEVENGREEAHILSGAT LRSVAWSKAQDFIDYVEE						
145	98925	99329	149	134	Proteína AGC_0039 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	YP_001836962.1	3e-21 (49/103)	No se han detectado dominios putativos conservados		
				MTKQAYLILNNGFAVGTTFVDLGYT KEEWQALDAQKQNLVNEAAWEY AEAYVEAVDDELVIIVSLGAVGCCDA HVHTDFQSEEEWDELDTLHONALI NEAFWEVDCYVAFCKDDDEANT CTNYGYEHDDVECA						
146	99329	99691	150	120	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
				MOKFSRDWSSDMARKNRAAAYYN KKIQLDKLIKITYNVERGFSGIKVD ARSLDYSCILWAKONGYAFKRGINE ILIAWEPEGLVQYVYDPYRGEYVR DHRQCPDTSFLPKRYYLETRY						
147	99691	100521	151	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	2e-08
				MNVHETVTPDNANIFFIGDIHGEY DMIMGALKLAGYEEGRDYVFCVG DLIDRGPKNLQVLAKFLYNPKFRSV RGNHDEFMIQDDYANWYNGGS WTTTEGFDTDTKGIAEDMDSKMP YIMTVEHRGKRYGVVHAGIPLRYQ ACQMGVTVPVWDDIVHEHSTPDL RRLGVLLWDRDVIQEVGFNL YRS EKHPYFDRYASFEECAVDVPEIVG VDYTFHGHGTGVPPIRWKRVYLD TGGTFNGRMTVASPVLGQLYTFTT DRDDPCGSADII						
148	100532	100765	152	77	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
				MKLFKDL EEGEVVWAGGFELQKC VAMILDNGNSVFTDDANISVTIAPDT ETWPKPEFWEIHKDRPLDLLDDIL FTA						

Figura 2EE

149	100774	101142	153	MKLESRYIVFKSQDAAKYLTSTAIR EINDSLIYKGREADGKVGFPNYIV LEEDWPEYPAKEALEGRVILEEFN KRAEKKGAKAAEDHYKHQHOSTEL LRGISPFCAWINDYMRRLVIEE	122	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
150	101145	101264	154	MYTGMGNDMAKMFIGLLAALVGA AIVGGIWAIVFV	39	No se encontró una similitud significativa.			
151	101328	101756	155	MKNAMIELNANNESLRHAYNTARA SFNLLMRDESIPLSARVKAEEFAD ELLHMGDYLSDFNEEDRDYQHA YCNREIVYLTDLVLESVLEYANSFM RTPDEWEDASNDYVLDIQKNWPE IKKLVEHHIHEVYAYRIDW	142	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
152	101838	102143	156	MAKNTISYTTGKTADAEQANTLTQDE MVAVLVLLDMSGFEGQLAKLSLPA LRALYEGTNKAAAYNLAKNEARW 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	MVLEILSGLLAALVTGTGLAVWVSI LRENNRRMRLLTNGLHEKLMQV QDADEFSAARLLVRLAKIEIIGQ DSTMSTKTKMRLITEIK	93	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
154	102421	102669	158	MISPIVAALYLVVGYLSKGYHGF LKGITKAAMLVPLPLAILLTGYAC VLRIFGRGVNYDNCALLDDIENTI KKEEK	82	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
155	102666	103007	159	MNLNSKEROVLVDALRQVVDHLL CDEDIVESIALAKIELAKDSWRPL SELPLGLAIVQADGAPNTVMV RRDLAKSYSPDITLHTKITNEPFEF NTRHYWRLTNA	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	MLNQLRIYNFLDCNFQWRELPFR FLGWALFLSMVSVFHNVPATFYM EAIQPVTVFIYEMYLVAINGWKDRI N	75	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2FF

157	103211	103678	161	MAASTEVLNQYFNREHQEFSDLF QMFVNANNALDYRFNEFHETFS HQDINSALKELIGSKVFPFQTANAE TLELSVWGLFKKAYEFKYONAR HWIYEVYLNTEVILPRQMLGWIAK QRPERNAKSFAPINDGNLYHASEK FDAPKSA	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 QALDEERVLSKFMVNIATAQVHW QTQGLSADDILKHTLNAIEYGGAR GEALLASKKEFDKSESMKMAIDH MEGIDGTIH	108	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
159	104039	104326	163	MAKRVVNFLEEDSGDCEYGCW NTGYGVEVMVDGKCVHRQEAWS CTNNSVDFDLAHLVLOGIKTEGY PVKADHIDFGDPSDYPEEFLDLFT	95	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
160	104378	104566	164	MKSIDNYLRGENPVDQAAVTVEKV RKECFILTORGGGNRPNRVYLNWT QSKDLYERLKREFE	62	No se encontró una similitud significativa.			
161	104566	105042	165	VEELRQKINQELWWEAKSFPINQEL KRDSINHNKIKQLRPFQDAKNL IFINRALDAHGVFFGYEKLVFHSLN QLVEIWCPCDHQDYFMQTARSHLEG NGCQKCRHRMVTVDYGSYTV AYYHKFSIDGDSINWYNNSSKLIKPL EVKDEIRFPE	158	ORF022 [Fago T5 de Enterobacteria]	AAX11959.1	2e-50 (91/153)	No se han detectado dominios putativos conservados
162	105020	105421	166	MKYDSLNNPSTNYLTQDSVSEKPH PNYSPDSSKPSVAASIFRFRNLRT FVGEEDKMISIDKVKA/SELGSDT VKFEALTSLLLTSGATVGKFLIQPH VSALINTRNFWDQANVESLIKWDS ATEFYNK	133	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
163	105434	105943	167	MLFCTVDFEEANETIVYGMSESKV RILWNQIQLEVPDDISKTPKOFFHLJ DIKAVKARKKLTPYVFPQAVFVHEL TAYTNVVLKKSQHPGYLTMLTYK VGAHIDGELVVRVDARLQOEVEEMI RQCONKAELQKARLFDMAAPSEA VAAHYHGFYKEIAESDEDEFFM	169	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 2GG

164	105956	106276	168	106	MNEKYEVWTPVGENCSYLLRLTCT REDGTSFSEYLSECHAKAQDQNP FKIRGEDILKVNQVPTPVDSFAAL QVFKHREHREHRRMRLTGREPF SHPRWNEET	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
165	106276	107040	169	254	MSRVEKLQHYNLVKKADOKKLSL SEEEYQAVLFCCSAMPKLDGVL KSDIHNGKETTFQPPYKWLASNIQ MVGKVTGFSNRKTNIFIDITPTPE FTKDWRDALDSFSPWKVFYKPDDE TYAHLPLKHPGYTVEDPSSGVNF KDFKCTDENIAYGLMRTSVRIAMDH ELDKQDLAVIALCKORYIKVAKIAEK LSVLSGCFETIRDCPEGEYKGSLSY WKDKVHLGLSEAVFLGLVVTGRF LRLQEK	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
166	107102	107431	170	109	VGYSRDPFYRLNSQLHLRHLRGL QDIVHSVYIIDDASEFSKLLKAAH KKFKPMRVNFGDKFDGHTWFDV EPHVIEKFEFLSVGAKQVPIDKLAQE QKIRKSTTK	No se encontró una similitud significativa.			Domino T5orf172	pfam105 44	1e- 05
167	109330	109160	171	56	MRTLGGSPKSRSHNTYQLNVIRD GQKGGGGGGGEWGRVIMVIMT LVFLQSCQ	No se encontró una similitud significativa.					
168	109640	110605	172	321	MLQKFTPVANLPMVRRGGARNLLDG SKCASIGHILGVYRSNMESRTSRAF EHSRDYVLNAPGAIVFHDQQLY DSQPIDLVSTTTDAYLYKASEGKQ ASRRFCYHESELLAFTDARAWIKNL CDHLELPPARISSEMMIFVLDKGSII LLPCDPYDIDIEEGARTGNRYDGE LEEVA/PAVTENVNPNNEFTGALQ MNTIKSTATAVAAANKNAANNAKL EAGSIVLKKVSGIAASKAPFVIRGY VDTAVGRVIANLLNFVVSQYAPNN RKAVIAADAAAMQAMLELVQSFNV GEMIDEVLKGVNLSLIESDYAE	Proteína T5.011 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria]	YP_006839.1	3e-39 (116/324)		No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 2HH

169	110672	111166	173	MERLTATFEGEKMTIANVWORLRQ NGDRGNFAIFIEPKNLNLAQIDR RDCYPDTDDMLGIPLRIIGVYGYGF DICIGSSFEIDCESGATEIEVFLINL GSLTFLDTPPAEPEPEKLEVKTSIV SSLTMDLADIVSTYDEIHADAIKEL NNRLDTFRDKL	164	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
170	111218	111745	174	MFHVKSCVPNGINYTVAEAEGLYLE GGRIESEOEVAAVLKCDTNVCGTSW TDLHFLGRGIDVDSLWEKACEHA ESMLNEDDWDSDSDSKYANAGV EGSFYMYWPGHSCNLVNGGSLPLH SVLERAIYLGYYQIVDQKAVINLRELK TFYIPDAETILHIEEGLKSGWKVSG WYL	175	Proteína AGC_0009 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria]	2e-09 (43/137)		No se han detectado dominios putativos conservados
171	111742	112089	175	MIYYNKNYFLAHYKTMESVIQVSR QNARHIDEVATLKIGLRGDAINISWP LLILICROLVAGKPVSVSALGESYPL SDDLDLYLLTKYKTERLFYRGGSV CSSGETIETVFR	115	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
172	112942	>113073	176	MLKENVMISSEIVNEFTVADAHFIE TYLNVVDVDFLAFHKDGOI	44	No se encontró una similitud significativa.			

Figura 2II

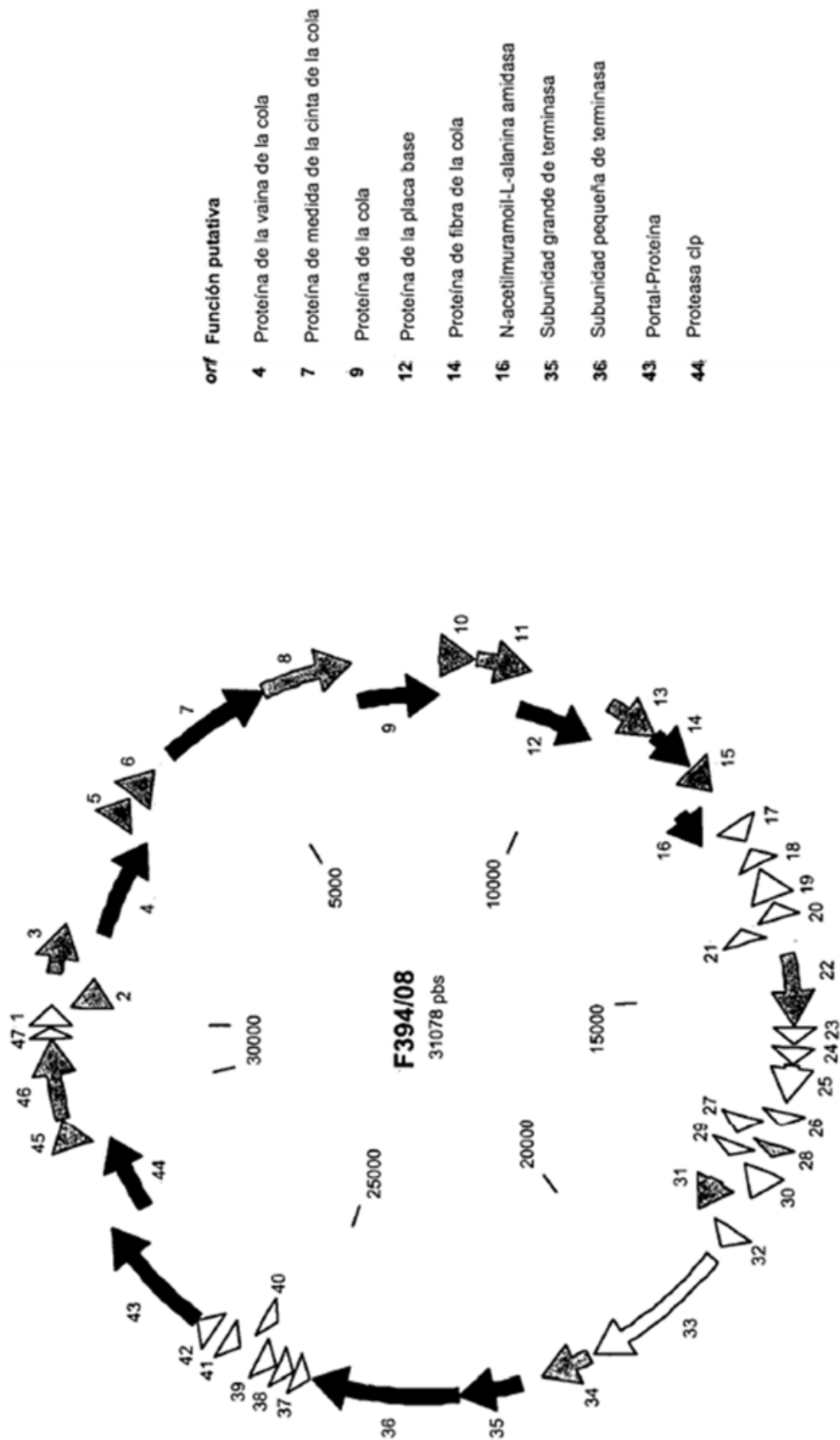


Figura 3

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		Valor de E e identidad	Función predicha	Dominios conservados		Valor de E
						Nombre[organismo]	Acc No			Nombre	Acc No	
1	<2	268	177	NPEQGOAAAEESTPADPAANVS RETKPEDLIKNDVAPAEITPAFYV VAEGRAITSKRGILAAAGEAVEARD FVGGEETLNSLLERGLVE	88	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
2	265	720	178	MNIIDLAQQDFLNIWKNKSGFG VPVLIAPDGNAGPLSGLTTDISS YIDPETGVLVAGRVASVTFANKAI RAAGFAEMPVAVADSNKRPWW CFRDPEGIPYLFKVKAMPDRAIS GIMLELVYKRSIYFNGAYKFDGT TLYDGVLDLL	151	Proteína orf10T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 77.1	4e-17 (51/129)		No se han detectado dominios putativos conservados		
3	717	1394	179	MNIEGFKLQSPINKLDSFEIVRD QIAILFELENNOKAIGRAQIDPA RFDMKVYKERSNPWDLFDGGEN KPIINVWFSNSDFYTNSSSTDVK QKTTAFINIDCIATISOETATGQT LGDEMASLEQVRVAKVIRNILMS DTNTYLRLGLVWSSRRVLSLNI QPSAENGMMQNLCAARLVLOAT FSEFSPQYEPQOEILSVTVHNC GQILFNKEIAKNGN	225	Proteína orf11C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 42.1	3e-35 (87/218)		No se han detectado dominios putativos conservados		
4	1384	2886	180	MAISTAVDISAVARVLGIKTNFKNL RDGRVILPQRIALIGQSTGMVF ATSKRQVTSANEVGSLEYGYGSPPL HLAAKQLFPNNGDGVGTIPVTY PLSDADGSOAATGSIELLTGLE SGAYRVVNGIRSEQSILINEAG QTVLNRVAAAINSVLDMPIVRATA DSELOKVTLSKWKGLSANASV QVDGDLGQGIEFAVTPAGGLIN PSVSGALSQFGNWWETMVLNCL NIQDTEALSAYSDFEGEGRWGALV RKPLIVFTGNTADVNSAVSPD ARKRDRTNVQLVAPDSIDLPFV ASRQLARIVKIANENPACDYGSSQ VADGINPGEKGQWLNNVRDMA VKKGSSTIEIRDNQVFIGDVVTFY HPEGEENPPRYVCDIVKLNIIIF NLNLIFAVPEWDGAPLIPNDQPTT NPRAKKPSMAVAIAIASLVDSLGL	500	Proteína orf12C de la cola putativa [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 43.1	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)	pfam 0627 4	3e-26

Figura 4A

5	2894	3271	181	NAISDAFTKNTFAQINEQNP RLDVSTTVKLSGNTNLSVDLNF FYFGNSVIVG	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 AEAEFIRFCDAVDYNTDRMTD EDAKDFNESKGLLLDALQIGVLEI DSDGMVYYPKKGDIKQKFNEL CGADYVAMDNKKDQTSFAKMFA MMGSITKLPATFSKLLKKFDKV CLSIKFLV	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	MOSGSRFTRAEAGLRRVSDMT VNISKVSGAAAGGAFMAAAG GIALFVAETNRANSEINEMSKAM GVSALSARAADSLTPLGMNWE NYDLIEELGNKMGELKNTGEMK TFQEAIGLTKMKELKALKEQEQ FTRIMDSLAKMEDQKQAFIADEI FGGEGNKFVSALKARGLTMTSLI ENYKKNFYNEQGEKATAAFNAA LTPLTTTANSASQIAALTGGAMV PYIQKATEWAAAANKELINSKIEVF AKGLADSLVWVNFSEIVTWK RVAIGIGIFLALTAVLKTFLVMTAV NLVMMNPIGLIIIAVVALIAVAYLI NKFFGLQGVIAAANGVLMIGIAAI LVAMGPGLWLGAAVLWKNWGV LSGFFSGLWAGIVSVFQGAQNIIM GIINGIMGAINVINKAVSMGSV KGFFSFGGGGDKQKQAAAAGG RVASPOERTAKSVTENNHSHTVT 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 LVEDVSRFCKKTNGFTFPAASG TYVQDSGVSGFKYPLTIYSGPD CDVEAEAEALLRETGIGRLEHPL YGVINWVPFGTITRTDAIKTEANQ TKIELERWETNLLIYPLPOADQLS AVFEAISDVKAALSGDVLDSIDVT DASALARFKNKITGALSKVKTALG KIKNLADLPGLMDKVNGLISPLG	410	Proteína orf17T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 84.1	4e-59 (153/419)	Proteína de circulación de ADN del prologo similar a Mu	COG 4228	8e-08

Figura 4B

9	6794	7990	185	EFISDKAQLGQVNSFFELATLP EQVDSFKEKAVIKULFSELTSFE GIFFSNEEYEAAGTGVITLSGLV VDLVESEFNTQSEALAEADLAI FDDVTGWEEKAQGLGRDTSNAV YQRLHSAVMTAASTLVQGSFTLK KERNLVLNRSRTIIDLCAELYGEV KAAVHTTISNLSGAEILEIPKGR ENFTYV	398	Proteína orf18C putativa de la cola [Fago VP18C de Vibrio parahaemolyticus]	AAC965 49.1	2e-57 (130/39 6)	Proteína de la cola	Proteína gpPa de la cola similar a Mu	COG 4379	2e-17
10	7978	8463	186	MIDAVATISNAPFDHEAFGRN FASQVSDVSDGKQVSRN LDVSPVSEEGKESVNAVACGG VLQDCTAPPESPMEFNKUNLDI ARKMASYFGVGVFNADPGPAF DRVACDPKKVLEFLADLAKQRG FVGSDEGNLLFSKSGIGIVAKL EDGVSPILLSVSPTFNPOEYYSHT GLSPVEVAKPAKSTAKYKDA FPEKACGSEKATDAKQAEIKK EPKKEETKMEKQKPPITYKFF TAIDEAPYRPLVFKDDAEAGTD VETATKAMARMGNMCTYATV STWFDASGQLWRPNTKIKLKAPD SMYDFFEFQIKSVLSADENSQQ ANLTLCLPGSFTGEPPEIFFWEL	181	Proteína orf18C hipotética [Fago VP18C de Vibrio parahaemolyticus]	AAC965 50.1	4e-38 (38/105)	No se han detectado dominios putativos conservados			
11	8460	9217	187	VGINATVLSNDGKDLKVRGNGID NVTACQFGPSGDDAPPLKNDYS VLGSAKSGSNASAVAYRQKAE NYAKAGEKRYSRDESQAVKAEV YLKADGTAEIKNASGLFVMEPGG DYVINGVRITKAGVMDTPGGASMS SDFTNAGGITLGDHAQTSLLHKP	245	Proteína orf21T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAC964 88.1	7e-17 (51/124)	Proteína gp46 similar a Mu	COG 4381	5e-05	
12	9217	10380	188	MSFDFVHLFSDVGGNVTDQLET RDGLETAYLSLFGNALDGGRP QNLSTWYNGIGENEAQYKSE AAFLRTYPPNTANLRREAASR AAFLSTYPPNTANLRREAASR VNLTVSLDGLDPLQRTNNGEYV KEPYVRLPLPKYSRNGVNLGCT AETKTLILRADGSRLSLVDGS GNWKFDFPLYGGERARVYVEG VGGKISAVTVIGVILPLRYDGMAY DGTHTKNGVRLN	387	Proteína orf22T hipotética [Fago VP16T]	AAC964 89.1	4e-48 (159/39)	Proteína de placa	Proteína similar a J de placa base	pfam 0486	3e-12

Figura 4C

					de Vibrio parahaemolyticus]		2)				5	
13	10382	11101	189	NPLREWGRLGAGDPNPVNAIIL TRIVVEKPGILPAGTQLVNSGNG VYTITQEDIELVEGADQIEVLAASD TSGNSGAGKAGNLNAGDVA1FA NPLGSVGRYSTVVTIIREGLDAE AIETIRARWSIRQLRAQGGAIV DYKIWGESVGSRIPTYTSDLP GQVDYVDVLEGVASQAILNQVK NAVEFDANINGLACNRPLNALVNY LPMEFVEFNVTISGLSVEGALSVR AEIRAALEHYFNIRAPYVGLSTDS RADRITLAAASGVWDVVNKGAG IFNDMLQFKGQTPISFYMLGIGEK ATLVNVEYL	239	Proteína ori237 hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 90.1	2e-45 (101/242)	Proteína no caracterizada conservada en bacteria (DUF2313)	plam 1007 6	1e-09	
14	11103	11705	190	MNIFKHLPSGRAWNLTAEKPL KAFRRCLLDVLRDTAVNFFNLFLD INKPTRLDDOWEQGGINRGFL TEAQRREIRVAAAWRDVGGGSPA YICEVLNRNNGFDVYIHEWFDPAD RGEVGEKOPITRNPLSIMSAQY AEVLVYDVGCEPLALCGEEFAHA GNYLGLVGYPLVKNKVFYDADKYG YTPVDPAYWYHFFYVCGPNFG DVAQVEATRAEFAELIRKPAH LWAGVVRVY	200	Proteína ori24C Putativa de fibra de cola [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 55.1	1e-13 (46/108)	Proteína de fibra de cola	No se han detectado dominios putativos conservados		
15	11785	12151	191	MEPISTGGTAFLKVKYGVWLVAV TALVFVATVLMRLPRSPQEFLL VGIIITVSSMLGGSLILYFDLQI WANSAYGLMWIGGLYFVAGIPGW ALVRWVNFIDAREGSTLLDIFRE FNEFRGGKK	128	Proteína ACICU_01067 hipotética [Acholeobacter baumannii ACICU] Proteína PAJU2_g73 hipotética [Fago PAJU2 de Pseudomonas]	YP_0018 45726.1 YP_0022 84407.1	2e-33 (66/121) 2e-07 (27/75)	No se han detectado dominios putativos conservados			
16	12148	12696	192	MSKIIACAGSHDKDPGAVNGKRT EAMVLDNRKMAVASYLEKAGVKY LTDQGGVGNQLAEAKVAKQASI AVEFHCAATSKKATGVEVLSAE	182	N-acetilmuramoi-L alanina amidasa [Psychrobacter arcticus 273-4]	YP_2637 37.1	1e-44 (88/173)	N- acetylmur amoi-L alanina	N-acetilmuramoi-L alanina amidasa o MurNAc-LAA	cd026 96	7e-20

Figura 4D

17	12697	12964	193	KNKAKQAIAKINGVNIPLRGE SGWKSEGGHSLRFGFISSGGG LIVELFISDDDLAKWDKAKWLV AKEVA/VLIEQVKAEAA						amidasa			
18	13318	13079	194	MAALTIFNAISEVTSFAGVAREIFD TAANAMDAQNE/KKGGGNKV WYNAYMESFNDLGENWERYWAK AIFSFIDAKSIFNSKR	85	No se encontró una similitud significativa.	YP_0014 68737.1	5e-07 (46/171)	endolisina				No se han detectado dominios putativos conservados
19	13809	13393	195	MNRTADKSTIDFIEETIGDAYKPV KCGGTVCYKAGACANNCHKAQ IGRIADKIVIKAAALRTIRIKSSEPTH CPKEQAWNF	79	No se encontró una similitud significativa.							No se han detectado dominios putativos conservados
20	14092	13865	196	MTKTELTKAIEFSALTTLOVAGOF SIEELTGLKTHLNGOREALLMOKA PAHIKGEKEAKINAQLSDVNNLIK KANKAGLIQVNOAELQSKYKQ DTHFLSTFHDVAGSYLTNELYAD LKQALNVMRIKANGKND	138	No se encontró una similitud significativa.							No se han detectado dominios putativos conservados
21	14306	14076	197	MSETTNLNPDAIDANFFYENSG QALAAALDPIEKVLEKALYSKY NIAEVSRLGINRLTVKAKKHGL TEI	75	No se encontró una similitud significativa.							No se han detectado dominios putativos conservados
22	14582	15553	198	MKQPIVORQQLSNFSOETANHG AKIKEILSTLFFCFMILAAALSYAFIK QADEIDQAEFVAEYNAGOFKEYP NERNH	76	No se encontró una similitud significativa.							No se han detectado dominios putativos conservados
23	15572	15802	199	VKNTFKFKNLDDANNNAFIPN SFQITNAFVNDIMKIDSDAAVKYLI TVRKTTGWGKIDISLSOYEAY SKSRSPTVWKLKELWVGLLVE HIGTRYGNSYSVALVNSIGFELS ASKILLVKFSNYTSKKSLPLVKI FNTQKLSKNTNQINKNRDWF LTKLKDLEFKTGLQIEADLTAQ WFDREKTAFFENYAPQNLSDPQ KMYTFVOWLLKAKRYDAAERQ QAAKAEKGNONONPEDTKE NDPFKLSTKOISFEASOLAPLPSF AKYCTGNKGEFEEMWIASMLN NPNVKNVKNYLNELGYLIG	323	Proteína ACICU_02758 hipotética [Acinetobacter baumannii ACICU]	YP_0018 47417.1	9e-48 (136/365)					No se han detectado dominios putativos conservados
24	15802	15802	199	MKSNFHFQMOILLIKNTVLDFFE GLKEKLAPSTIDNALTECLELLM WGWVVOVKGIYMWVSGVAYOIM	76	No se encontró una similitud significativa.							No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 4E

24	15843	16067	200	GDICOC MEKYKTSSENAVLSPHLCGLTS VSRVSSGOAKHKPKRSEIADQ AEKEICKNWALRQOAFNNISVN AVLGG	74	No se encontró una similitud significativa.						
25	16069	16590	201	MNKFIEGKPTAQOQREALAMY AKDIKRPESLIVORELIESFRNDT AHAKSAVAFYFKNRVIQRPGLVL ASGKDOALIVESCENKALKRHLV AVSGYSSQFLOMVIDHKTPLSAV AARDLKQALPKAEKLYKAECKEK DAMLKKNICGFVACYRNGCHCTK CTTAYKKYR	173	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
26	16721	16912	202	MGYSINLLVGVCLLLTNIALNC LFHTENKTYLVVACGFSAAVSAG AIAGVIGCLAYGTV	63	No se encontró una similitud significativa.						
27	16912	17167	203	MKNKSLMGLFVAAGVVFYMG DSACNOKAVIDPGALMSLGGTV ENKASLVRVCDTPVKNLVSFV LIKDGLRVGGVVDKSHVALIGE	91	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
28	17188	17355	204	MSLGKRPAGATHIESDGTWYKN EDADWTFWRDLWQWCQYVGP NRNLFNKFSVLG	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	MDLYGQIVGHSSPTWVQGLKI TKIEGKRSGLKITATDESCKEFT AVYGVFFSVORY	61	No se encontró una similitud significativa.						
30	17561	17968	206	VRNENFEDYKQTDYAVLLNNY GSSLFIHENGVRALPVRVAYAA WVSGDRWGEVQHLKGKIKYMA ERAAETADFYHTIEKLESSTYKK AGLLDMAEQWDGLRGRDLEL NRVOESYKRCAYLLRAVNG	135	No se encontró una similitud significativa.					No se han detectado dominios putativos conservados	
31	17961	18461	207	MGNRWTLGKVKVGLKDLPESTIA AQFREMIEGQVKNTPQAPKPR RSGKVSSPOEATLAQALKALIEF VQEVRFCEYKVRADPHFGTNL LIEVEGGRVSGGRHVRPQGTIND TEKYNEAAKLGFWLRFDTETVS RGTAINEIESYLRERRGYFNKGLT CEES	166	Proteína hipotética conservada [Acinetobacter calcoaceticus RUH202]	ZP_0605 7626.1	6e-28 (68/112)			No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 4F

32	18448	18720	208	VKKVKFKYDWRAPDPHINWLAT YEGEMAWGYNNPYRKENAGI WYETGGEWRHRVPVPYRGHW V	90	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
33	18896	20953	209	MAENSEIQIARKDAALIGRDEL EGGPEGAANKQAIALANNIKYLM GLUPENWGVKEYTEYGLDEVRLS NGDVVKSVIDENINPNENLSGW SFVTSNSVNTISDLSIKNPKNGM KYVVLGYHKPDPNFALLSPYEGGG LFYSGNKAENDGGVVLNGWIR QYVGVDVDSWFGAKQGDASPI EAALKVKMSVIRGEYKLETICGIP RONNYAAKVIRIKGENOASLTVN CPDGAVFTSLDAKANPTSLSNIFT AKIDVGINFVGTTVANSVLFNGD RLYNINHHNFKTITIVKAYLKR EASROYTQSVSINHHLAEIHRVI ESDKSYNDFDAYNICEACKGGM YIGVDAPYDFSGISITHRLWEA SGVLLKTNGIAGSVSKNYFEAN VYQDAADKCLYINRSGTGAGYS GGLTFENNLFSGTSSIPDYVDVR VLGQSTETSGNSKSATTRPPVFI GNWSNSYMLTNMAQAILGNKCS NREKMLNAYSQEARVYYSGY FTKOLANILTDKLLNKKVNTSAV HAIGSSOANFKTLDVIVFFKTS AVGTAMATFKLDLPYESVGLGA GNVPKANLKAVMYNFMOSTADD KITPTVNMFSASIDPLINVVNDSD GTYSIELSSFINKSSPNWGFVSE LHIEYTAQATLIASHTSSYSAANLL TIS	685	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 4G

34	21027	21707	210	MFIDIDTKQLHGLERLERLRNRG LPYATROTMDLAFESRAVARAE LPTRMVLNRKHAINSIQVTKATSL NISQQAHHVGSSTADYMATQETG GIKTQGGGAAYSIPTTTAAGQGR NAKPRTRLPRAAKMGAIHLKRIA ASRNAKNRKORNAJAMATSDKYV FLDLGRKGIKRDKGGGYTMLH DLTRASVQIPKNEWILKPATEAAE RKLPFGYGRALEFQLRRF	226	Proteína orf62C hipotética [Fago VP16C de <i>Vibrio</i> parahaemolyticus]	AAQ965 93.1	7e-29 (86/232)	No se han detectado dominios putativos conservados			
35	21993	22844	211	MVKKLISRSDFAAKAGVSGAALSK ACKGPLLDAVEGKFDLNRHKSAA YLESKNGKTTTPALEGIDSLYEEA LEVCREAGRCSTLLRDKLMIGS DRARKLVALIQANINQIDFEKPAAE KYKREEKARPHTRGTAAKKQOAI QEDDEELFELLDRNVAQYADMTL RDIVRKFTGTATRFAYELRAMKEIS MIEDREIKIAQTGKELVHRDLVSO LIIEPIDSAHVKLMRDGSKTIAVRM AAMHSGGADINEMQLVTSSEIAS FIKPVKAKVKNIAATELKGAEA	283	Proteína orf62C hipotética [Fago VP16C de <i>Vibrio</i> parahaemolyticus] subunidad pequeña probable de terminasa	AAQ964 69.1	2e-07 (35/121)	Subunidad pequeña de terminasa	Fisk_gamma, dirige la translocación de ADN orientada y forma una estructura helicoidal alada	smart 0084 3	0.005

Figura 4H

36	22847	24826	212	659	Subunidad grande orf3T putativa de terminasa [?Fago VP-16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 70.1	4e-127 (252/65 6)	Subunidad grande de terminasa	Subunidad de terminasa de fago (GpA)	plam 0587 6	1e-69
				MNFIGMDWLCKVENLITEYKHV TPSQFNEENRYLPESVTSIPGFR YDNPFFMEIVDCFDINSVPREV NLKKGVOITYSTVLESQALYYMG HVKTLPMYMTADKELAKARIENN FIPMLAQSDMAHVRSSDEGNSR KTGKTDNHQIEGGYLVFFGAI NANKMRSFSAIAMLKDEIDAWPD RVKGDGDPKLSDDRCSEAYWER RKIFRGSTPLKGSSEKAYLRG DORKYHVLCKKCSFOELRWST PGVGGFKWTDDEDGLKLSVR YCCQCGEPHFHDKERLFSK FGAKWIPTARPEGRSYHLPAL YSPFGAQPWYKCVIAYLDAFDPV ERKVDIELYQVFYNNVLAEPFEI OGAKVRFTVSHHRTVYRLGHI PNRYAVQVAGSPILFTCOVDVH KSFLAVSNMGWAKDCKFVIDYL RIEGEDFSDAEPGWCKLRELLE EKOYADGGKRYVALTHDSOYA NDTVMKFCSEYSSSYPIILGROR PSNDAKKEAUFKTOEGTTGERI IDUHYKRLAPULRIEWDENCG GLQPYTHFNAFVDSKSLKELT VETREKTDASGNTSYTHRPFG NARNELWDLCTGHAAVEIFAWS LCVKNMEQREVDWAWFWEFLET EAPYFEQGEVPVASE							
37	25079	24870	213	69	MOYENNLKLGKNGKEGATNAV KGDRIAYFKEAEQKGRLLTFNRIM WKTWFTPOHLNLKHDFIAVL	No se encontró una similitud significativa.					
38	25316	25092	214	74	MNQSFNWRGHKIEIVOAGATI OOHGYPVQITDONTAFDGYMT ONTYSIAGNMPOCOTPNFNNQ GLNIF	No se encontró una similitud significativa.					
39	25582	25334	215	82	MIDKXLYFGGWVRSHKQKQSH YVAPRRAVATLYNVRHPCIFIDK TELNPRTHLPYGLNENHRLKLG QTNGKYNLPATN	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 4I

40	25770	25579	216	MGQSEARQKQSDYEKKRVIKN FSLKERDKHLEYIETVPNVGDL VRDLLNQHLEKNEAVSKK	63	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados			
41	26098	25883	217	MLMIGNTOVKTPRELTKPLKKILG PEYKVRDQWLMVEGKNLEAK RIIESIGLFANDMGGFLTVMAEE M	71	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados			
42	26286	26540	218	LDOAFLKERIEATKRQIVAYEDAV NQLSSGAVQSYSLNTGQTTQNV TRFDVARLNGDIDGLYNRLATLEA RLNGSGSTLVRPGW	84	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados			
43	28544	28217	219	MNYDFSRLGVKVPVTVGLKTEFKY SGATIAPPPMQGAKSDAIEINALG GGFNHSAFTGEKFGFGPTSLF TMDYWTLLRKRSEQLFSENLYAA GLIERLVTEINTGLTPEACPOERI LGLKPGDLEDWTELVENRFSIWA NSSEYCDFYQNSLGEIQRIARR EALICGDVLVLRQNSQTKMPQV QLVSGSLRTPDPIDPRKGHIKHG VELDTQGRQCAWVWLQDDGTLYK RLPAFGEKSRRIAMVYGAQR RLGELRGQPLLISVLSLKEIDRY RDAAQRKAVNSILAMFIEKTDQK MSTLPITGGAIRRDKVTDNSNTAA PRSFHSAQVPGVVLQELQAGEK PVGFHSQGTDFPAFEAAVISAV AWCKQIPPEILKLSFSSNYSASQA AINEFKYLNWVNEWGANFCQP IYTEFLUSEALLGKIDAPGFLDAWR DPVKMDIFGAWLWCDWFGSIKP STDMRKMGQGLALAVEQGWITN AQASROMFGTKFTKNIAQRORER ELOASLLRPMLLELQKEYGISAHL VNVHAIGGTISAQTEETEEI	557	Proteína orfST putativa de cápside [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 72.1	4e-96 (186/48 7)	Portal- Proteína	Portal_lambda, Portal-Proteína de fago, familia lambda	TIGR 0153 9	1e-25
44	28217	29368	220	MDWFLTPEALKEIQLHARGLVL TAEQMTFENALYSDDFPGRIFQ KVGTVAQVNIAGVLTKEPNWYR YYGGNTAYSEIISAINAEARDPAI KEILAI DSPGGQTNGLCSMDAIK NTKKTVALVVEGQAASAYGLAS QANKIIAADRGCMVGSVGAASIV	383	Proteasa orf16C putativa [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 37.1	1e-46 (137/36 8)	Proteasa Cip	Superfamilia similar de proteasa C	cd003 94	1e-07

Figura 4J

45	29414	29803	221	VSENVVDIASTNAPKKRPDVTTD AGKAVIRETLDDQIESIFADIAAGR KYTADVKVLEFGQGGMYAAHA LERGMIDEIKTADSSATTNAKSSA TYTASEENSTMDAATLKAQFPV YTATNEGKTAENERSAHLTLGE ASGDMQTAISAINDSGLTASQA KYMAANMKRGQVAGRETDDTAA ANALDGVKPGATATDANAVTNM VAKNLGVA	129	Proteína orf77 hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 74.1	1e-06 (38/106)	No se han detectado dominios putativos conservados			
46	29818	30903	222	MMQVQTHTNSSNIWGEVACODD TLTLGANATLKEGTLARAATGKLI PFVKGADGAGVPVAMAMHEIKT VMAAGDVSVRAGISQVRKNLVI HADGNATNDGAVTDALRSYGIV AFTVNSTNKPQDQ	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	MTTSTIAGVYTVAPKPLFLSGFF KAPPQNHFNTESVELDIERSQQ VAAVQSLGSDYNKNETGEFTNK KFTPPVYKEGFSLNADFLLKREA GQSGFNTPSEQIRGNLITRIFKGA RKVEAKILRGIELQASQILQTGNLL LKDQEGKDAFKIDYKPKATHFVN VANVWTGANADPNKOLESLSEVI QTDGLVIPDIIMGASALAAAGNE KFKNFDSRNISGNVLADMQITAR GGIYQGTLRVGNAYCELYTYGVG YQASSAVATPFLNTNKNVLMSS ESQDALFGAVPNADIILGVSLRE QLLPPLTRFDSNSTDLFTNVYLS ASGEQLMGGVASRPILVPTAIDSF GCLTVA	55	No se encontró una similitud significativa.						

Figura 4K

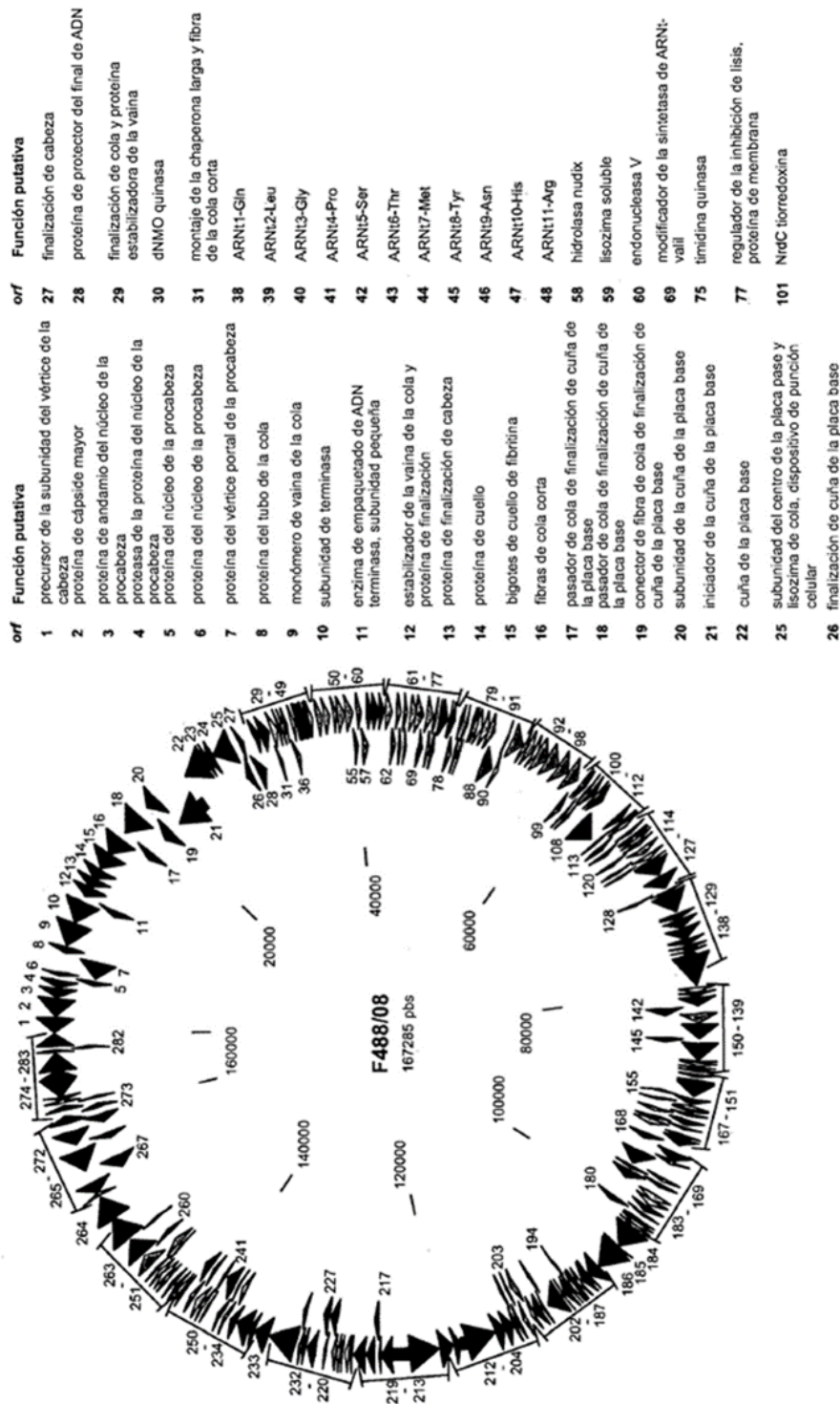


Figura 5A

Figura 5B

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

Tabla 5.- Características de los productos del gen fago F48808 y asignación funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
1	1232	<3	224	MAKINELLRESTTINSNIGRPNL VALTRATTKLYSDVATORTNQ VAAFYGIKYLNPONEFTFATGAT YAGEAGYVREQITELTEESKLT LNKGOLFKNYNIVYKLEDTFFA DIEESDLALQIAVLLKVLFS AASTSKFSSDSEIADARFQINK WQTAVKSRKLTGITVELAQDLE ANGFDAPNELEDLATEMADEIN KDLQSLITYSKRYKVTGTDTGFI DLSYASAPEAGRSLYRMVCEMV SHQKESTYTATFCVASARAAAL AASGWLKHKPEDOKYLSQNAV FLANGLPLYCDTNSPLDYVIVGV VENIGKEINGISFYAPYTEGLDL DQPERHYGAFKVVYDIPESLOPSIG LLVRYALSANPYTVAKDEKEARII DGGOMDKMAGRS	410	Precursor de Gp24 de la subunidad de vértice de la cabeza [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_002854509.1	0,0 (410/410)	Precursor de la subunidad de vértice de la cabeza	Proteína Gp23 de cápside mayor	pfam07068	5e-13
2	2881	1316	225	MTIKTKAELLNKWKPILLEGLP EIANSKQIAIKIFENQKDFQTA PEYKDEKIAQAFGSFLTAEIIG DHGYNATNIAQQTSGAVTQGP AVMGVRRRAIPNLIAFDICGVOP MNSPTGQVFALRAVYKQPIAS GAKFAHPMYGPDAMFSGQGA AKKFAALKASDTLEVGTITHTFFQ ETGTYYLQATAAKQIDSGSDAD KLDAEIKKOMEAGVLVEIAGMA TSIAELOEGFNGSTDNPWNEMG FRIDKQVIEAKSRQLKAAYSIELA QDLRAVHGMADADAEISGLATEI MLEINREYVDWINTYSAQVKGSG MTLTPGSKAGVDFDQDPIRGA RWAGEFKAFLFQIDKEAVEIAR QTGRGEGCNFIASRNVNVLASV DTGISYAAAGGLATGNTDITKSV FAGVLGGKYRYVDQYAKQDYFT VGYKGPNEMDGIYAPYVALTP LRGSDPNFQPVIMGFKTRYGQII NPFESAQAQAPASRQSGMPSSIL	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	pfam07068	<1,0e-180

Figura 6A

3	3709	2900	226	NSLGNAYFRVYKGI MLKEQLAEAKIDASVALDSIFE SVNISPEAKETFGTVEATVKQH AVKLAESHIAKAEAEVEKNK EEAEKAEKKAEOAKFLDHLA KEWLTENKLAVDKGIKAELEFESM LGGLKELFVHNWVPEESVDW AEMEEELQEHKEESARLFEELNK RDAYINYVQREVALSESTKOLTE SQKEKVSALVEGMDYSDAFSSK LSAIVEMVKKSNKDESTITESINT PDTEAAGLNPVTEAVEDKSAQG 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	MNEPQLLIETWGQPGIIGVPM LESHDGKOLGLKPGLYIEGFMQ AEVNRNKRLLYPKRILEKAVKDYI NEQVLTQALGELNHPPRANVD PMQAAIIEDMWKGNVDVYGRA RVIEGDHGPDKLAANIRAGWIIP GVSSRGLGSLTDITNKGYRIVNE GFKLTGVDAVWGPSAPDAWVT PKEITESQTAEADTSADDAYMAL AEAMKKAL	212	Proteasa de proteína de núcleo de procabeza [Fago T4 de Enterobacteria]	AAA32501.1	1e-120 (212/212)	Proteasa de proteína de núcleo de procabeza	Peptidasa _U9, proteasa de proteína de núcleo de procabeza	pfam0342 0	1e-104
5	4803	4378	228	MLLIPETHLVLNVEALPEAQQ RFDELSALNKODINTIVENMLD DETDLAVALASINENMPLNEFVK HVSARGEITRTKDRKTRERNAFQ TTGLSKARRQIARKATKTKIANP AGOSRAQRKRKALKRRKALGL 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	MEGLIEAKSNDLVAAKRLFAEA MAARTTDLKEEKIAIARNFLIEGE EPDDEDEDESDDDKDDKDK DSDEDEDE	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	MKFNVLISLFPWAKMIDERFKD QEKEDLVSIAPKLDGAREFEV SSNEAASPYNAAFOIFGSYEPG MKTRELIDTYRNLNNYEVDNA VSEIVSDAIVYEDDTEVVALNLDK SKFSPKIKNMMLDEFSDVLNHL FORKGSDFHRRVYVDSRIFFHKI IDPKRPKEGKELRRLDPQVQY VREIITETEAGTKIVKGYKEYFYD TAHESYACDGRMYEAGTKIKPK AAVVAHSLGLVDCCKNIIGYLH RAVKPANQLKLEDAVVYITRA	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

Figura 6B

8	7191	6700	231	<p>PORRVVYVDTGNMPARKAAEH MOHVMNTMKRNVVYDASTGKIK NOCHNMSMTEDYWLORRDGKA VTEVDTLPGADNTGNMEDIWRF ROALYMALRVPLSRIPQDQGG VMFDSGTSITRDDELTFKFIRELQ HKFEFVFLDPLKTNLLKGIITED EWNDEINNIKIEFHRSYFAELKE AEILERRINMLTMAEPFGIKYISH RTAMKDILQMTDEIEIEQAEKQIE EESKEARFQDPQEQEDF</p>	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	pfam0684 1	1e-83
9	9287	7308	232	<p>MTLLSPGIELKETTQSTVNNNS TGTAALAGKFWGPAFQKQVNT NEVDLVNTFGQPTAETADYFMS AMNFIQYGNLVRVAVDRDTA KNSSPIAGNIEYTIPTGSSNYAVG DKITVKYVSEDEVETEGKITEVDAD GKIKNIPTAKIAKAKEVEGYPT LGSNWTAEISSSSSGLAAVITLG KIITDSGILLAEIESAETAMTAVDF QANLEKYGPGVVALYPGELGDK IEIEVSKADYAKGASALLPYPPGG GTRASTAKAVFGYGPQTDQYAI IVRRDAIVQSVLSTKRGEKDIY DSNIYDDFFAKGGSEYIFATAON WPEGFGSILTLGGGLSSNAEYTA GDLMEAWDDFFADRESVDVOLF AGSCAGESLETASTVQKHVWSIG DARQDCCLVLCSPPRETWGIPVT RAVDNLVNWRTAAGSYTDNNFN ISSTYAAIDGNKYQYDKYNDVN RWVPLAADIAGLCARTDNVSQT WMSPAGYNRGQILNVIKLAETR QAQRDRLYQEAIPVTGTGGDG YVLYGDKTATSVSPFDRINVR LFNMLKTNIGRSSSKYRLFELNNA FTRSSFRTEAQYLGKALGGY EYRVVCDITNTNTPSVIDRNEFVA TFYIOPARSINVTILNFVATATGA</p>	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	pfam0498 4	8e-95

Figura 6C

10	11151	9319	233	DFDELTLGLAG MEQPINALNDFHPLNEAGKILIKH PSLAERKDEIGHWIKSQWDGK WYPEKFSYDLRLHKVQIPNNSD KPELFQTYKOKNNKRSRYMGLP NLKRANIKTQWTREMEVEEWKCC RDDIVYFAETYCAITHIDYGVIVK QLRDYQDMLKIMSSKRMVTCN LSRQLGKTTVVAIFLAHFVCFNK DKAVGILAHKGSMSAEVLDRTKQ AIELLPDFLOPGIVEWNGSIELD NGSSIGAYASSPDVAVRGNFSAMI YIDECAPFNHDSWLAQIPVSS GRRSKIITTPNGLNHFYDWT AVEGKSGFEPYTAIWNVSKERLY NDEDIFDDGWQWSIQTINGSTLA QFREHTAAFEFTSGTLISGMKL AVMDIEVTPDDHGFHFKGPE PDRKYATLDCSEGRGQDYHAL HIIDVTDVWEQVGLHSNTISHL ILPDIVMYLVEYNECPVYIELNS TGVSAKSLYMDLEYEGVICDSY TDLGMKQTKRTKAVGCSLTKDLI EKDKLIHHRATIOEERTFSEKGV SWAAEEGYHDDLVMVSLVIFGWL STQSKFIDYADKDDMRASEVFS KELODMGDEYAPVIFVDSVHSAE 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	p/am0323 7	1e-67
11	11629	11135	234	MEGLINKLLDISLPGIDGEEK VVEPLQLVEVKNPQNRTDLE DDYGVVRRNMHFQQQMLMDAA KIFLETAKNADSPRHMEVFATLM GOMTTTNREILKLHKDMKQITSE QVGTGKGAUPTGQMNQIQTVM GSPTELMDEIGDAYEAQAEAREK 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	MFGYFYNSRRRYATLMGDIFS NQIKRQLSGDKFIRPITYASK EHFMKLNKWTSSINQEDVAKV ETILPRNLHLVDFSYNAPEKTNIL NQNLQKGTTSWSQYNPSPKIM IYELSFTRYEDDMFQIQLPYF QPHFNTTMYEQFGNDIPFKRDIKI VLSAAIDEAIDGDNLSRRRIEW SLTFEVNGWMPVPPVDDAEGLIR TTYTDFHANTROLPDGEGVFES VDSVAVPDRINPFDWDGTVKQT	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		

Figura 6D

13	13268	12498	236	FTSNVNRPTPEPPGRT MATYKKNLFKLENRGTYSQTN ETEILNPNYFNHYNKSOILADVL VAESIQRMGVECYVPREYVSP DLIFGEDLNKFTKAWKFAAYLN SFEGYEGAKSFFSNFGMQVQDE VTLNPNLKFHQVNGKEPKEGD LIYFPMONSLFEINWVEPYDPFY QLGQNAIRKITAGKFIYSGEENP VLOKNEGINPEFSELELNPVRNL NGIHIDIDQYAEVDQINSEAKY VEPYVYVNNRGKSFESSPFND 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	MSGYNSQNPKEIKDVLRRLGAP IINVELTPDQYDCIQRALELYGEY HFDGLNKGHFHYVYGDDEEKYK TGVFDLRGSNVFAVTRILRTNIGS ITSMGDNATYPWFTDFLLGMAGI NGMGTSNCRFYGPNAFGADL GYFTQLTSYMGMMQDMLSPIPD FWFNSANEQLKVMGNFQKYDLII VESWTKSYIDTNKMVGNVGYG TVGPQDSWSLSERYNNPDHNLV GRVVGDQPNVKQGGAYNNRWVK DYATALAKELNGOILARHQGMM LPGGVITIDGQRLEIEARLEKEALR EELYLLDPFPGILVG	309	Proteína Gp13 de cuello [Fago R814 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	MIELKDLPFVDSVPDEGOERISW IKNGEELGASTKYNGDGSMMRNP IVSVFNVEVLDENIGILKTAIETS QKDIKTQGVLDVSGDIEALSQIS VKNKDISNLKTLTNEHTDILTGTN NTVDKIIADIGPFDEENSVYRTI RNDLLWIKOELGOYSGQDINGLP VWGNASTGMKHIITNSTLLSSQ GIRLSELENKFTESDVGSLTVEV GKLRDELGNKPVDFGPNYINRLN TIDDKQTLINSIDIAEIKSSIGYPEN VSIITEINNKSIESINNELNQSE GVKQRLTAIETSIGDDIPSSIKG KIKNHTTSIESLNGIVGENTSSGL RANVSWLNQIVGTDSSGGQSP SGSLLNKVSVLEGEVSVLNNV QNIQVEIGNNRTGKGGQVIELTSLI NGNPDGSGTVEERGLTNSIKTNE TNIAAVTHEVNTAKONISSQSSV QALQEAQYIPEAPKDGQAYVRK	485	Bigotes de cuello de fibrina [Fago R814 de Enterobacteria]	YP_0028544 95.1	0.0 (480/485)	Bigotes de cuello de fibrina	Región terminal C de fibrina	pfam0792 1	6e-25

Figura 6E

16	17248	15698	239	DGEWLLSTLSPA	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	pfam09089	9e-29
17	17904	17245	240	MSLNKAGVISRLADFLGERTK KNDISVMNQPVGAVTISQIAKG FYDSNVESAINDVNIAEQVVG AVLINISGVSPGTGQQTDYWSFE GTVTDTSAPKPGDPVWNMFQIPV KATNGMTSIEFTSAVRTALQEMV VKFIADSFEDHPTIGNKIQVXYLD NOEHILEQYSDKGITFKQEIISPS KPGYGTWQLLGAQTIVTLDSTQ PTVFYFERIA	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	pfam08677	1e-89
18	19709	17904	241	MKQININIGNVDDGTGDYLRKG GIKINENFDELYELGDDVPYS AGAWKTYNASSGQTLTAEWGK SYAINTSSGRVTLQLPKGTVNDY NKVIKARDVFATWNNPVTILVAA SGDTIKGSSSSVEINQFSDLELV YCAPGRWEYVKNKQDKIISDIS N/ARKEFLVEVQGTDFLDVFN GTSYNNIIRVKHNGNELYYGD VFSNSDFGSPGENEGELPLDG FNIRLRQPCNIGDTVQIETMDG VSQWRSSYTRRQIKVLDKLSK	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 bacteriofago T4 gp9/10	pfam07880	3e-79

Figura 6F

19	20575	19709	242	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 bacteriofago T4 gp9/10	pfam07880	9e-95																		
TSLEGSIVYVTLDSAMKSIPIPSAFG LIPGEPINPNSLEVRNGLQQA GTAGYPLFLCEGANSQTQEGCIS LGGWIKESNTDYSIEYEDGKPV SLLFDRKFESGDIRVITWPNNDLG TLLEKDDHIELTDDRYVSKGSSTE VTGDVALTDFDKIGWPNVEKVD SVTRTYNSISSIFDSIYVPGSIYEN ANPNPVTYMGFGSWKLFCKG QVLVGWNDVDPNPFALNNNDL DSGNPSHTAGTGTGTTSTLE NANLPATKTDERVLEDENGSVII GGCQYDPDETGPITYKYREDYA TTNSSTPTPTNISNIQPSITYVRW IRIA					MFIEPKKLIIDTGEIGNASTGDIL FDGGKINSDFNAIYNAFGDQRK MAVANGTGAQGGIHAATGYQK HSITEYATPVKVGTRHIDITSTV GVKVIERGELGDCVFEINSGSI SVTNPLTIQIDSIGKVSGLNVT SPYSKYVTLRCISSDNSTSVWNY IESMFGOKESPAEGTWNISTSGS VDIPLFHRTEYNMAKLLVTCQSV DGRKIKTAENILVDVAVNSEVISSE YAVMRVGNETEEDIEANIAFSIKT NYVTATISSSTVGMRAAVKVIAT OKIGVAQ					MNDSSVIVRAIVTSKFRTEKMLN FYNSIGSGPKNTIFITGRSEPW SSNEVEGFAPPYPTDSVLGVT DMWTHMMGTVKVLPSMLDAVIP RRDWGDTRYPOPYTFRINDIVC NSAPYNATESGAGWLVRCLDV PDTGMCASLTDKDECLKLGGK WTPSVRSMTPEPGRGDAEGTIE PGDGYVWEYLFEPDVSINRGT NEYVWPWPEELKEDPTRWGYE DNLTWQDDDFGLIYRVKANTIRF KAYLDSVYFPDAALPGNKGFRQI SIITNPLEAKAHFNDPNVKAEDY YDPEDLMRHSGEMIMENRPPII MAMDQTEENILFTF					MTVKAPSVTSLRISKLSANQVQV RWDDVGANFYFVEIAETKIDS GENLPDQYRWNLGYTANNISF FFDDADPLTSYIRVATAAQDFEQ					0.0 (1022/1032)					0,009				
20	21643	20639	243	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	Bacteriofago T4, Gp8	pfam09215	5e-162																		
21	24734	21636	244	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	Domino de fibro-nectina tipo 3	cd00063	0,009																		

Figura 6G

[illegible]

Figura 6H

23	27015	26722	246	97	Proteína Gp5.4* hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049763. 1	9e-50 (97/97)			No se han detectado dominios putativos conservados	
24	27510	27016	247	164	Proteína RB3ZORF151w hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803093. 1	9e-90 (163/163)			No se han detectado dominios putativos conservados	
25	29272	27545	248	575	Dispositivo de punción celular de bacteriófago T4	1K28	0.0 (572/575)	Subunidad de centro de placa base y lizozima de cola, dispositivo de punción celular	Lizozima similar al bacte- riofago T4	cd00735	1e-74

Figura 6I

26	29846	29256	249	RSRQMALENMAFQMGVGVAK FNITMLTAMLAGDWEKAYKAGRD SLWYQQTQKGRASRVMTILTNL ESYGVVKTTPARSLSAMAATVA KSSDPADPPINDSRILFKEPVSS YKGEYPVHTMETESGHQIEFD DTPGQERYRLVHPTGTVEEVS SGRRTRKTVNLYDITNADGNFL VAGDKKTNVGGSEIYYNMDNRL HQIDGNTIFVRGDETKTVEGNG TILVKGNTVTVNADITVKGDA TTLVEGNTNTVNGNLSWKVAG TVDDVGGDWTEKMASSIS SGQYDIDGSRIDIG	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	MLTFFDPIEYAAKTVKNAPTIP MTDIFRNYKDYFRALAGYRLRT YYIKGSPRPEELANTYGNPQLY WLLMCNDNDYPPYGWITSQEA AYQASIQKYKNVGGDQVYHNE NGEKFYNLISYDDNPPYVYDKG DKARKYPQYEGALAAVNTYEDA VLENEKLRQIKIIAKSDINSFMNDL IRIMEKSYGNDK	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	MAIFQINESTPOVPKYKQSLNEK KWIDIGLEYKAKAGMTGKOFA EERGIKYSTFTSAMSXYASGKT AEKIOKLESKPMNKLKQEROLL MINSFRQTLRDKIRNEGAANNKT RWFAETIKQVKGHKVVRPQPG RIYAFAYDAKHKETLPYWDKPLI IYLGKHNLMYGLNLHYIPPKA ROOFLELLKOYANTPTITNKTGL KIDWSQVKGFRGADOMIKAYIPG NIMGSLVEIAPKDWANVLMPLQ QFVSKGKRFSANKVWSNI	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	MSQALQQIFNQANTTNFWSIPH SNTTSATFLNAOSVPIGRIPVT DTVTGPFGLGRAQRGATFEYD PLVRFIVDEELKSWIGMYEVMIL GTSNYLTGENTAOKTGPEYITLYI	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		

Figura 6J

30	31857	32582	253	LNSKTEIMMSINFKPWVSDLS EVEFSYTEDSDPALVCTATPTTY FOVEKDGKBAEV	241	Enterobacteria]	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	MKLIUFGVKRSGKDTTADFMS NYSVKYQLAGPKDALAYAWG VFAANTDYPCLTRKEFEQIDYDR ETNLNLTKLEVTIMEQAFCYLNG KSPKRGVVFVDOEGESVNSVAF NKIIVINNIEDQWYSRRLMQALG TDLIVNNFDRMYWKLFAIDYLD KFNSGYDYVMPOTRQOHEMDA ARAMGATVHVVRPGQKSNDRTHI TEAGLPDRDGLVTNCGSLLELF SKIKNTLKL	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	MEFKDFSTGLYVAAKFSELTDA LEELORSLRVPNPVPREKHSTIC YSRVNVPYVPSGSGFVEVASSGH LEVWKTQDQGSTLVLDSEYLRC RHMYARALGATHDFDQYTPHITL SYNVPGLSFGSDVQIIPVLDREY 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	33508	256	MKTKEFATKTTITTESSHQMEVK LGMALAEALRSLRIKELAAVD PSSFQGDQTKVKALLALCSDAGE IAKNGSKMKKRLDULK	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	MEIKMKTYDEFIAETADVKVEFIY TGKDKMGEMPHGVLRDALNF GOLAAEDYGKIVVTGPAVIEK WAAENKSIKPKK	81	IgG [Fago T6 de Enterobacteria]	CAA84458.1	2e-37 (76/77)		No se han detectado dominios putativos conservados	
35	33967	34152	258	MKRCELRNVAIASAFSFSMF VGFCGLTTAENVFSLVVAFLIG LIAVMDKISKGE	61	Proteína ARN1.4 de membrana predicha hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049748. 1	2e-25 (61/61)		No se han detectado dominios putativos conservados	
36	34152	34550	259	MNVEYVYADYENPNPSKQEDNR LGVDAFSDPAAWQWVVERTDIP YRIEYVDHAGNKPKEAYVASG KNFLFAGQNNYPRGGYTDLIA KAFSEDELROIKENENKPMDSN	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	

Figura 6K

					RFDWWQIVNANTHTIVDEG	95	Proteína ARNt.2 hipotética [Fago RBS1 de Enterobacteria]	YP_0028540 96.1	1e-46 (91/95)		No se han detectado dominios putativos conservados
37	34553	34840	260		MILYAKVSSIENGYKYDQDAKA LIDDYGILTCFEVRYDRSSSQ VKLVKEERKFNNTVNFDFIETEK GPLEYDIFKNPLGLECIVNMYYY KW						
38	34938	35010	261		UGGGAUUAGCCAAAGUUGGUA AGGCACUGGAUUUGAUUCCA GGAUGCAAAGGUUCGAGUCCU UUAUUCGCCAG					ARNt1-Gln	
39	35012	35095	262		GCGAGAUUGGCCAAUUGGUA AAGGCACAGCACUAAAUGC UGCGGAUUGAUUCCUUGUGG GUUCGAGUCCACUUCUCGCA					ARNt2-Leu	
40	35104	35174	263		GCGGAUUCGUAUAUUGGUAU UACCUCAGACUCCAAUCUGA UGAUGAGUUGGAUUCUCAU UAUCCGCU					ARNt3-Gly	
41	35188	35261	264		CUCCGUGUAGCUCAGUUUGGU AGAGCGUCUCUUGGGAGCA GAUGUCGUAAGGUCAAUCC UGCCACGGAGA					ARNt4-Pro	
42	35264	35350	265		GGAGGCGUGGCGAGAGUGGUU UAAUGCACCGGUCUUGAAAC CGGCAGUCGUCUCCGGCGACU CAUAGGUUCAAUCCUACGCG CUCCG					ARNt5-Ser	
43	35359	35431	266		GCUGAUUUAGCUCAGUAGGUA GAGCAACUCACUUGUAUAGAG AAGGUCGGCGGUUCGAUCC GUCAAUUCAGCA					ARNt6-Thr	
44	35436	35507	267		GGCCCUAGUCUGGAAGGUU CAAAGCAAGCGACUCAUUAUCG CCAGAUUGGUUCAAUUCCA CCCAGGGCCA					ARNt7-Met	
45	35520	35603	268		GGGAGAUUAUCCGUAGAGGU AGCGGUGUGGACUGUAAUCC AUUGUCAUUGGACUGGGUG GUUCGACUCCACCACUCCCA					ARNt8-Tyr	
46	35611	35682	269		GGAUGUGUAGCUCUAGGCGAG AGCGAUCGCCUUGUUAAGCGAU UGGUUAUAGGUUCGAUCCUA UCACGUCCG					ARNt9-Asn	

Figura 6L

47	35800	35872	270	GUGGCCGUAUUCAGUUGGU AGAACUCGAGAUUGUGAUUCU CGUAGUCAGUUGGUCGACUCC CAUGGUCACC					ARNi10-His	
48	35880	35952	271	CGGGCAUAGCUCAGAGGAA GAGCAAGGACCUUUAAGUCC UAGGUCGUAUUGGUAUCCCU ACUGCCUGCA					ARNi11-Arg	
49	35974	36324	272	MKGNVYLVDLTFYFNHNDTVI SERVINLLYHADYVYVENEYGH WQFLNRSFGLDGYEYDFRDL LDIPLSTQYQNHKSLHKRLRN AESAYEIDLWRKRREYIDSLKE 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	MKSYTOFLNEAVLNEASSTEIQA VAKAAIAAGKYSYKDADESFRQ FARDIMKAEGFTGNVSNMAWKS VATGAFAKASGKPAKADPKA AQEKIVKGIKIAKYEAILKELLVKT EGQKLARAYSFKNPHVHVSLEY VEDIQIKIIRIWSAKQIK	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	MKTYAEFLTEAAKLPEADLTKV FFOLDPKDRGDFLKWKAKEIM YNIDNSSFTMSQENKFNKAFFKI SKKLASGAQVPKSVLATPERAPV KISKNMFDTKYVYNALNKALDAL DDAKKAARDLQDVYTDIFDRKTK GSISNERNSSVSVSDSLDLGD 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	MDNYGELFFMKCVSEDFGRT VNDIKVIGDPHMFETYAVMGNE DGQWYTVKVINMFETAEYVKL SSKVYHDNDEIAEEYFNMMK	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	MNTLKKIVFIRTKLGSAMAKNLS VEEQYTAATAAKLLDKIKLKTASV KSINEEKRIRELVEKNROAESKE REIRKLLSEGQDVTMHAKLGLLY RRTAEQLTTKADGYAEMRIEIAK KVVELDDAROEALVAKLEYIRETR AANALGISTADDWEIAALT KYDI EDTLARVETFGNISGVETTSAD VOEYINSLK	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	MKMOSDFNSMFEFQROVDVP DQLLNALKRMAEGRNYYWGSSY	202	Proteína RB32ORF- 128c hipotética	YP_803070. 1	4e-112 (197/202)		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6M

55	39683	40075	278	ETDESLSGRFSRGKSLRPGILI NSIESHSLTCDVFEFTDISPE WTVCYLNDODFYLVGYSLSDAW FKRNLOKSNLFYDITTVKFGKK YFFTLVDSETHENKRLSKNLL TIVDOLFDFKVENPNFESDLLEK FVKECREYVKTTIPSK	130	[Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803069. 1	2e-64 (123/130)	No se han detectado dominios putativos conservados		
56	40057	40419	279	MSKPSLYLPSPKPKYKPRQIIST DVLGPVLISFVILLIGVLDVMT DIDSGEILVLMILPLVPLLPVN WGYWYQGRHYRRKVRDWA QCKKIKHEQLKLDMEFEIMK FVKESRCKSQN	120	Proteína RB32ORF127c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	NP_049739. 1	1e-49 (98/120)	No se han detectado dominios putativos conservados		
57	40416	40904	280	MOKPKLNKVKYSPFEALLILAVS VFTALAGSLIGLLIDCFILNDGTVI ITEWSELRTAISLFSFFGTMLY PHYDNFKINWQRKQYKQLKEY NSYMSYIEKESMEEFVSDCKIK	162	Hipotética conservada, proteína e.3 de membrana predicha [Fago T4 de Enterobacteria]	YP_0028540 86.1	3e-85 (152/162)	No se han detectado dominios putativos conservados		
58	40901	41341	281	MILKTRWYDLDGDDGISVDRV DWSGCSDTKRLREFRMGYQ AVKPSVTYDDKFKVCHNGRAKLT NAEFTDKIMILWYISLPVSSFV FYFFIKNPMDRIGOWILLTILNIF TASILSGIWTYFIEMPWRLRQK KIFDEKKYTONLNINFTECRKLK	146	Proteína e.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 85.1	1e-83 (144/146)	Hidrolasa nudix	Domino NUDIX 3	5e-10
59	41378	41872	282	MNIFEMLRIDEGRLKIYKOTEGY YTIGIGHLLTKSPSLVAKSELDK AIGRNCNGVITKDEAEKLFNQDV DAVRGILRNALKPKPYVDSLDAV RRCALINNVFQMGETGVAGFTN SLRMLQKRWDEAAVNLAKSR WYNQTPNRAKRVATFRTGTWD AYKNL	164	Hidrolasa soluble [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803066. 1	2e-92 (164/164)	Lisozima soluble	Lisozima similar al bacterio- fago T4	7e-64
60	41932	42348	283	MTRINLTVSELADQHLAEYREL PRVFGVRKRVANGKRVKDFKIS SKFLGSGHYTFYDKLEFLRKR QSDIITECLKRGFSIKOTEVPOISD IPVEWKNDYNPCKSAKLSQORL	138	Endonucleasa V [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 83.1	1e-74 (135/138)	Endonucleasa V	Dimero de primidina de ADN glicosilasa	2e-69

Figura 6N

61	42494	43033	284	DEKILMKPHWYKYKKNYI MRTELTGPYLSLMNAFTTHSDA RVEICKNEYIPPFEDLLKQYCTL RLDGGQSGKSTAVTNFAANWL YDGGTVVLNNTSAYAKISADNIK KEFSRYSNDDIRFLRLTDSVRSFI GNKGSKFRGLSLRILYIIDEPVK SPDMDKYSVHIDTVHCCNIKC CIGGITRQFFVIGMQ	179	Proteína RB32ORF122c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803064. 1	1e-100 (176/179)	se Endorri- bonucleasa RegB de bacterió- fago t4 codificado	pfam1071 5	4e-11
62	43030	43359	285	MMITDQLFEYLFSFKTIKNKL NHFEILAKNNILSEFPKYKLOK GVFKGCRVLTAPNARLMNKIPY FTMEFIDGPFKGLITQSLMAYDS EPFLIKEQSWINLFFN	109	Producto de proteína sin nombre [Fago T4 de Enterobacteria]	CAA28221.1	3e-57 (108/109)	REGB_T 4, Endorri- bonucleasa RegB de bacterió- fago t4 codificado	pfam1071 5	1e-12
63	43366	43728	286	MKAYOILEGTHKGTIYFEDGIA RIIVSKTFKEDSFVDPEIFYGLHA REIEIQPTVKIEGGHNLNVNL RREITLEDVAKHPEKYPQLTIRVS GYAVRFRNSLTPEQQRQVARTFT 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	MAKIIIEGSEDLNFAEWFNSNS GEQDFNEAWNMGDINGIYPTTEI 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	MIEDIKGYKPHTDKISKVNAIKD AEVRLGLIFDALYDEFWEAFDSC EDELAKNYAESLDQLTIAMKML KEASMWACRAV/QPEEKY	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	MAQLSAGFGYEYTTAPRRVSA PKKIQLSDDFOEVRNFAQDYAR YLKEDSQDCLDEEIAIYEQRL QLKNLHEVRAEYKSMNKLIRFK E	92	Proteína vs.3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049727. 1	3e-46 (91/92)	REGB_T 4, Endorri- bonucleasa RegB de bacterió- fago t4 codificado	pfam1071 5	3e-05
67	44546	45007	290	MTINTEVFIRRNKLRRHFESEFR QINNEIREASKAAGVSSPHLKYS QHLLDRAIQREIDETYYFELFKI KDHVLEVNNEFLSMPPRPDIEDF IDGVEYRPRGLRLEITDGNLWLGFT VCKPNAKFKDPSLQCRMAINSR	153	ARNasa específica de silio [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803058. 1	8e-86 (153/153)	REGB_T 4, Endorri- bonucleasa RegB de bacterió-	pfam1071 5	2e-39

Figura 60

68	45015	45560	291	RLPGKASKAVIKTQ	181	Proteína vs.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_009725. 1	6e-101 (180/181)	fago t4 codificado	pfam1071 5	2e-27
69	45553	45894	292	MRKALLAGLAISIMMAHSEHTF SNVQDNMRAYQFGEQFSKD GKYTKHNIHKSGLGHIMAILW QESSAGVNLKSKPKHAYGMFQ NYLPTMRARVKELGYNMTDAEIK RMLNKRNSASWAYIELSYWLN HKGDIRKAISYNSGWNVYKAGS KYASEVLEKANYLNKKNLEIVN D	113	Modificador de sintetasa de ARNt- valli [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 073.1	5e-59 (112/113)	No se han detectado dominios putativos conservados		
70	45891	46370	293	MTKILVLCIGLSFVLADTSYTEI REYNRTAADYCGKNKACQAEF AKLIYAYKDGROKSSRYKNDT LLKRYAKWNTLECSVAEEKDK AACHSMVDRDLVDSYNRGLSTR	159	Proteína Tk.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_0015952 33.1	5e-84 (148/159)	Dominio macro, familia similar a Pao1p	cd02901	5e-21
71	46342	46554	294	MVYKYGDIYALFQGNIIAHGCN CFHTMGSGVAGQLARAYPKLEI DKTTTEYGSROKLGDMISVFKHS PTGFGICYNLYTOYEPGNLDYG ALVNCMIELNLOAETLLFKPVYIP RIGCGIAGGDWDKVKSLDMFTP DIDLIVVDYESTLPASV	70	Proteína tk.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 71.1	6e-33 (67/70)	No se han detectado dominios putativos conservados		
72	46551	46757	295	MSQTSILKNAHCEKCEWVYVVAL CNDEMADCDFYWCYCSNKGGIN HKGEGFYSGFYPPDFVKEGKP K	68	Proteína RB32ORF- 111c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803053. 1	6e-33 (67/68)	No se han detectado dominios putativos conservados		
73	46754	46927	296	MNSFELQYEVLRLELDNLELAVN KGFAIGIGQKDTGHLTMEIFKQK RIILKLEINI	57	Proteína RB32ORF- 110c hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 69.1	2e-23 (56/57)	No se han detectado dominios putativos conservados		
74	46924	47109	297	MSLSKEQKDKLFELIHLLDEHT EANTFYDEYGPLSPEQOEFEAD RFDKKENELIAYVNMIL	61	Proteína tk.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 68.1	2e-26 (60/61)	No se han detectado dominios putativos conservados		
75	47119	47700	298	MASLIITYAAMNAGKSASLLTAA HNYKERMGMVVLKPAIDTRDSV CEVVSRIKQKQENIITDDMIDFEF YKWAEEAQKDIHCVFVDEAOFLKT EQVHQLSRVDITYNVPVNYAYGL RTDFAGKLFEGSKELLAADKLIE	193	Timidina quinasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803049. 1	5e-110 (192/193)	Timidina quinasa	PRK04296	2e-77

Figura 6P

76	47743	47955	299	LKAVCHCGKKAMITARLMEDGT PVKEGNQICIGDEIYVSLRKH NELTKLG	70	Proteína r1.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049718. 1	1e-32 (70/70)		No se han detectado dominios putativos conservados
77	47968	48261	300	MLQLTEKQLRNLTVLQLEIRRE VGNIIISALRRVSLNSPADYTRL RNFKEYLDKVKAVHRHVNTGQ K	97	Proteína de mem- brana, regulador r1 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	MALKATLFAMLGLAFALSPIEA NVDPHFDKFMEGIRHVYMLFE NKSVESEOFYSFMRTTYKNDP CSSDFECIERGAEMAQSYARIMN IKLETE	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	MKIEALNQEGNIYIINGDFFVDM DEVTSEELVELLKKRYDMCEAA THMACAIFSLSYVE	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 SDFAWFSAGIANKGIKFEAKVD NALEALDMFLDEIHDHNTV	67	Proteína RB32ORF- 102c hipotética [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_803044. 1	1e-26 (61/67)		No se han detectado dominios putativos conservados
81	49134	49328	304	MLTREQFEKIILARDIEIDSYQLA VEHCEGYSYDGEIAAKKDLKSK AKLVQYLEMIRWNEN	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	MKTEQMFMLKLEIYANAVSDY ECSSRERGTAFAKEELKIMVDAH TKLQNFENI	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 KVNLDSEIETLGE	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	MGFPKLEVGDVLTKLVNGVOS VEICQYRGATGNLMYTYNPELL EHLERFIKDTDSMPYSVSRK SDTKEYSKLEIQIRANKKD	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	50844	308	MKRLVLEVSPLFGELAIEKYNM YRLTQEDDMLYFTPEIHLTOIE	177	Proteína RB32ORF- 098c hipotética	YP_803040. 1	1e-96 (169/177)		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6Q

					[Fago R632 de Enterobacteria]	1		No se han detectado dominios putativos conservados		putativos conservados
86	50651	51172	309	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	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	336	Proteína RB32ORF095c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803037.1	0,0 (335/336)	Nuc. transf. a de nucleótido predicho	pfam1012 7	2e-06
89	52764	52913	312	49	No se encontró una similitud significativa.	No se encontró una similitud significativa.				
90	52910	53173	313	87	No se encontró una similitud significativa.	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados		
91	53243	54211	314	322	Proteína RB32ORF094c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803036.1	0,0 (319/322)	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 6R

92	5413	54615	315	TNGIINGNIRSLIISGAAGIGKTVS LDKALNKANDNGYIEYKSINGKIS GIGLYEQLWNNRENSVLLIDOV DVFSMDILNLLKAALDTGETRK VOWSTASSYLEEKGERIEFEFG TIVFITNVDIDRELDGRGTLAPHL QALVRSVYLDLGVHTNEEMVR VEDVILSTDMQKRGSLDEETIK ALSWMKVNVNRLRVNLSRTALY LADFIMTDKNGWEEIEAVTLK	100	Enterobacteria]	NP_04970.1	8e-52 (98/100)	No se han detectado dominios putativos conservados
93	54676	55203	316	MLYSKAREIYEIKKEAVFKATT MRWTNDWEYSKNHKKPMVTRK AHMLVLIDREQIKAREALQNHKK AAFEWMDNTAPETKAVSAWF SGKNCSRSFF	175	Proteína NrdC.9 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	YP_0028544 28.1	9e-96 (175/175)	No se han detectado dominios putativos conservados
94	55259	55666	317	MNAKDIFNLVNYNDGKFKSEAQ SKFFNDISIGGEITVGGQIYKSR WNVWIDEIGIVEIYKNTNKNRTL HWSRDTNEQYKKDKASKLSRVT QEDIEFIKDLIMYDNLIAEEQAVI DKFDEIKASREIPOFMKESVNER YTLISERIETYKKQRAERQNTLRK FEERLKTULA	135	Proteína NrdC.7 hipotética conser- vada, proteína de membrana pre- dicha [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049705. 1	9e-66 (122/133)	No se han detectado dominios putativos conservados
95	55674	56561	318	MSVWNNVNAVIKSLVNKKLNEW TVLRRGEPOKFFHRFNPDLNV IDRDVHAEILDKFVDIGFGLDKH LORTNGSGMGLSNRIMKALNKIG ALSRINASEILRNYNKGYDLYGRIL MPKLSFDQMIADLWENQIRLLA LGARLAKGLDKQIFKNTNTEDL KCFKSTRGDDYIIRAKSTDYVN MGHHLCLAFEVLKEAGTLEYVS GAKCPIGSNCLIVRPDESSTKL PTKVPVPRSNKHESEQIAYFNKQ IELNISIQQYDDEIFRLSGLSSKA KSEREKLIKIVDLLKS	295	Proteína NrdC.6 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 26.1	8e-170 (291/295)	No se han detectado dominios putativos conservados
96	56570	57598	319	MKTRSQIEDMVRNASYTRDVM FLCENNLDPDKVNRVHIFKVTN SSEWVRNFSKAGYITQMTAREQ LTDCKTIDYKNPLVIOGVGQSK	342	Proteína RB32ORF- hipotética 088c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803030.1	0.0 (335/342)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6S

97	57656	59657	320	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	308	Proteína R832ORF086c hipotética [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_803028.1	1e-180 (307/308)			No se han detectado dominios putativos conservados
99	59633	60022	322	129	Proteína NrdC.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0285442.2.1	1e-70 (129/129)		ARNi sintetasa clase I (K)	0.002 p1am0192 1
100	60025	60267	323	80	Proteína NrdC.1 hipotética	YP_0028544	2e-39			No se han detectado dominios

Figura 6T

101	60269	60532	324	NMLSEVSDIYKHKEQTGOSLDY DETFRQVLGIKE	87	[Fago RB14 de Enterobacteria]	21.1	(80/80)				putativos conservados	
				MFKVYGYDSNIHKCVYCDNAKR LLTVKKQPFENIMPEKGVFDE KIAELLTKLRDQTQIGLTPQVFA PDGSHIGGFDQLEIFYK		Tiorredoxina Nrdc [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049698. 1	8e-45 (87/87)	Tiorredoxina Nrdc	GRX_GR Xb_1_3_ii ke, Familia de Glutarredoxina (GRX)	cd03418	2e-07	
102	60529	60744	325	MMLEGTDYIHVYRGSAYVVGDE VAVYGYGTLMATAKVIQKNRA KLEVYYSNGEKSISKWKYDCM 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	MIYDINVSRTPSMTIPAEELDR LKIEELLWEIESDLPGLSWIDY EELNKLKG	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	LIMKNLISFGVKPWWAARWTV EPEPEPVIDEETVNEPTNDL IDMEMGHDSR	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 ELSGTVFKVRELAKCEDDIEP DTGIEIISDGGKIINIDKPTIWC LWNTSEVNGEIEEIVERTSOD VOKPKAAFOGERISYALAKLAAQ ENNDGYEGNLQMAAEYIEWLE TOISFSDOKIRQYKRLHOMFYNT	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 pepti- dasa	pfam1046 5	3e-66	
106	61562	61738	329	MKTELVTYTEKLGKGVWKLFIKG HSTDPHMTTCVGTYSRPTKMI ROYKRLHRMFYNT	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	MLLTGKLYKEEKQFYDAONGK CLICORELNPQVQANHLHDHDL NGPKAGKVRGLLCNLCAAEQG MKHKFNRSGLKGQGVDFWLE NLLTYLKSDYTQNNIHPNFVGD SKEFSRLGKEEMMAEMLQGF YNESDTKTQLIASFKKQLRSLK	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	Endo- nucleasa VII de recom- binación	pfam0294 5	3e-20	
108	62252	64069	331	MTIEKEIEGLIHKTNKOLLNENAN KDSRVFPTQRDLMAGVSKHIK NMVPSFIMKAHESGIIHFHDIDYS PALPFTNCCLVDLKGMLENGFKL GNAQIETPKSIGVATAMAIQITAQ VASHQYGGITTFANYDKVLSPPY 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. Ribonucle- ótido reductasa (RNR) cataliza la síntesis reductiva	cd01675	2e-159	

Figura 6U

109	64066	64536	332	QSKTEKDVDAFOAYEYEVNTLF SSNGQTPFVITITFGTGDWTER MIQKAILKNRIKGLGRDGIPIFPK LVMFVEEGVNLKYDDPNYDIKQL ALECASKRMYPDIISAKNNKAITG SSIPVSPMGCRSFLSAWKOSTG NEILGRNLLGVVTLNLPRIALDS YIGTOFNEQKFTLFNERMDLCF EALMCRISSLLKGVKATVAPILYQE GAFGVRLKPDODDIELFKNGRSS VSLGYIGIHELNLVGRDIGOELT KMNARLKQWAERTGFAFSYST PAENLCYRFCKLDTEKYGSKVD VTDKGWYTNFSFVSVENITPFE KISREAPYHFIATGGHISYVELPD MKNNLKGLEAVWQYAAQHLDYF GVNMPVDKCFCTGSTEMITPTE NGFVCSIGGETDPKMMITIRTC GYLGNPNERGFNLGKNKEIMHR VKHQ	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 ribonu- cleósido reductasa anaerobia	TIGR0249 1	4e-55	
110	64529	64642	333	MNYDRFYPCDFVNGPCRTLVF VTGCLHKCEGYNKSTWVARN GIPTGETLEQLIECLNNDYIEGL TITGGDPLYPONRDVHCIVQTVK NLYPNKSJWLWTGYKFEDIKLE MLKYVDVIDGKTEKNLPTKLLW RGSNDQRLWSNTDGVVWKHD	37	Proteína hipotética RB32ORF074c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803016.1	4e-13 (37/37)		No se han detectado dominios putativos conservados			
111	64652	64867	334	MYKFRKGLADFLTITVFFLFMAV GAIFLIPFIAFFVISLISPEKGLSS 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	MISERYVWESWNGFDMFGNDY YFYECSLNPSFWAGREODLEEIN ARADLLGELPTTYFTFDESQVI QVYFPEENSGEDSVNPPWAYQ GHSRGTKLEKE	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	VEQNSNLKNKIEVYGIPDEVGRG PGCQSVTKLLKELNAPFTFYKVL TNNGKIEYDRPLVLSLAKRAGFTS LNIRYPVIFINDSROKNIHKFETL	107	Glutarredoxina [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 31.1	1e-55 (106/107)	Glutarredoxina	Glutarre- doxina	pfam0046 2	7e-04	

Figura 6V

114	65634	65816	337	ISLGYDRDIED	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	MKGYRRKDLKVRDYDFGKRR APDGVSHKDMVENIFRSQKWR MKGDSEVKDELNQLRSEVRKL KKSVDYDDDFDNTSRQVAKRKS NECYRS	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	MNIKRMFLFKQGLYTLNATPKGDT TKWSVNDWIKFIDENGWEI	43	Proteína Gp55.4 hipotética conser- vada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049683. 1	2e-16 (42/43)	No se han detectado dominios putativos conservados
117	66242	66442	340	MNPESKLSQRIAEERAKFFQNM KHNGIEDEVFLNFWNNKYAAC EGALSVMAMYEGWKGAKKFS	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	MTIQKNAINSYAYDKVVSLEKG DIVTPQLDKWEKELHOTMKQND QKIGRNTVRELLVQYLSEFDVKA 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	MNEALINDRLAGYEVNTNGIGL TOIEGNGFILEYFESQWLYANY GELIEYVDQFSDLALEAKLM 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	MKLINISIAENFGIFYDQYNKIS FFPNKTGVGYWESHVSELNESE YVSTHKFLDLYRADINDHYIDI HEFKMMEKVFOAYCLLR	89	Proteína hipotética RB14-ORF65 [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028544 01.1	2e-41 (81/89)	No se han detectado dominios putativos conservados
121	67384	67941	344	MSETKPKYNYNNKELQAIIDW KTELANNKOPNKVRQNDTIGLA IMLIAEGLSKRFNFSQYOSWKQ EMIADGIESASIKGLHNFDETKYKN PHAYITQACFNAPVQRKKERKE VAKKYSYFVHNVDSDDDMVA LVDETFIQDIYDKMTHYEESTYRT PGAEEKSVVDSPSLDFLEAYAN 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	MRLTINLSGFLEEIPVEAIPYLLK MYLREVLALDIDIDPENPYDTAFK SNGVELNRYRHLTDDDFYFILEK	72	Proteína A-gl.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049678	2e-33 (72/72)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6W

123	68145	69462	346	MTDKPEINDEVEKLISSEIEKNRL EAERKANLLSKNRELNRLYKH AQIAENNFQAQYEAKKSRDIL KQPYNDELISILWKTRSOIEDMI 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	MLTHVKFKRLKINAGFTESLNH LCVKISEKEYHDSIKEVNPPIVR ADPNMKVWVDSYQVKKWWQL	67	Proteína hipotética RB3ZORF062c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803004.1	2e-32 (67/67)	No se han detectado dominios putativos conservados			
125	68638	68811	348	MNTQTSEIDYKIRSKKEEMRR 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	MKVCFMARGLEGCGVTKFSLE ORDWFKNGHEVTLYVAKDKSFT RNCADHYKSFSPVLLAKEYDKT LKLWDCDILINSVPATSVVEEDTI NNYKKIIONIKPSVRVYVQHDHS SLSLRRNLGLEETIRRAOVIFSHS DNGDFNKVLMKEWYPETVSLFD DIEEAPTYVNFQPPMDIAKVRST YWKOVSEINMININRWIGRTTWT KGFYQMFDFHEKHLKAGLSTIM EGLERSPAFIPKEKGPYFYRL HOVDQIKAPNLPTQILDYVNSE MLERMSKSGFGYQLSKLDKKYL ORSLEYTHLELGACGTIPVFWKS TGENLKFRVONTPLTSHDSGIIM FDENDMESTFERIKELSSDRTLY DREREKAYEFLYQHODSSFCFK EQFDIITK	400	Alfa-glucosil transferasa [Fago RD51 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 IQLDGIKQAEYSKNGITTTWIQY GDIFDVRKAITHKTMFEAREIVQ MLDDAGITLHTVGNHDMHFKN LTPNASTELLAKYPNVKYVDKPT TVDFDGLCLDIPWMCENTGEIL EHIKTSASFCYGHWELNGFYFY KGMKSHGLEPDFLTKYKEVWSG HFHTISEAANRVYIGTPWTLTAG DENDPRGFWMFDTETEMEFIP NNTTWRRIRHYFPKGIKIDYKFT NLSVRVITEVDKNLTKFESELEK VHSLRVVSKIDNSVESDSEEV EVQSLQTLMEEYNAIPDITDSDR EALIQYANQLYVEATO	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	TIGR00619	5e-05

Figura 6X

128	71273	71536	351	87	Proteína hipotética R832ORF057c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802999.1	1e-43 (87/87)		No se han detectado dominios putativos conservados		
129	71517	71723	352	68	Proteína hipotética R832ORF056c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802998.1	9e-32 (68/68)		No se han detectado dominios putativos conservados		
130	71762	73402	353	546	Subunidad Gp46 de endonucleasa de recombinación [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543.90.1	0.0 (546/546)	Subunidad de endonucleasa de recombinación	ABC_sbc CD, SbcCD y otros complejos Mre11/Ra d50 (MR) están implicados en el metabolismo de finales de ADN	cd03279	6e-08
131	73458	73646	354	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	129	ARN polimerasa de unión [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543.88.1	5e-71 (129/129)	ARN polimerasa de unión	Fago de ARN polimerasa de unión, Rpba	pfam1078.9	5e-35
133	47101	74787	356	228	Pinza deslizante de Gp45 [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_802993.1	2e-129 (228/228)	Pinza deslizante de ADN	Pinza deslizante Gp45, terminal C	pfam0911.6	5e-46

Figura 6Y

134	74839	75798	357	PSTVAPNKPPIFPVASVVEIKA EDLQQLRVSRGLQIDITATVKE GKIVNGFNKVEDSALTRVYKSLT LGDYDGFNTFIINMANMKMQ PGNYKLLWAKGKGAKEFE HANYVVALEADSTHDF	319	Subunidad Gp44 cargador de pinza, proteína accessoria de ADN polimerasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049665. 1	0,0 (319/319)		Subunidad cargador de pinza, proteína accessoria de ADN polimerasa	La superfamilia de AAA+ (ATPasas asociadas con una amplia variedad de actividades celulares)	cd00009	5e-06	
135	75800	76363	358	MSLFEDDIQLNEHQVAWYKDW TAVQSAADSFKAEAEFFEIGA INNKTKCSIAQDYSKFMVENAL SQFPECMPAVYAMNLIGSLSD EAHFNLYLMAAPRGKRYGKWAK LVEDSTEVLIIKLAKRYQVNTND ANYKSILTKNGKLPLVLKELGL VTDDFLKEVTKNVKEQKOLKLA LEW	187	Subunidad cargador de pinza Gp62 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028540 07.1	2e-105 (187/187)		Subunidad cargador de pinza	Rfc. subunidad pequeña del factor C de replicación	PRK00440	1e-24	No se han detectado dominios putativos conservados
136	76365	76733	359	MIETLKXPEDFLKVKELTRMGI ANNKDKVLQSCHILOKGLYYI VHFKEMLRMDGRQVEMTEEDE VRRDSIAWLLLEDWGLIENPGQR 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_r eg. regulador de la traducción de bacteriófago	pfam0181 8	6e-46	No se han detectado dominios putativos conservados
137	76735	76956	360	MTAITPQEYMASLKEKYNLSTATE TLFDLPENLQLKFQVEFKLVHP EQKHFTAVVKSINADGMIIITROI VLI	73	Proteína hipotética RB32ORF047c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 83.1	5e-34 (71/73)						No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6Z

138	77035	79731	361	MKEFYISITVGNIVRIDENG KERTREVEYLTMRHCKEESK YKQYKNCAPQKFFSMKDARD WMKRMEDIGLEALGMNDKLAYI SDTYGSEIVYDRKVRVANCODIE VTGDKFPDPMKAKEYIDAITHYD SIDDRFYVFDLLNSMYGSVSKW DAKLAALKDCEGDEVPEILDR VIYMPFDNERDMLMEYNLWEO KRPAIFTGWNIEGFDVPYIMNRV KMVLGERSMKRFSPIGRVSKSLI QNMVGSKEYSIDGVSLDYLDLY KKFAFTNLPSFSLESVAQHETKK GKLPYDGPINKLRETINHORYISY NIIDVESYQADKIRGFDLVLMS YYAKMPFSGVMSPIKTWDALFN SLKGEHKVIPPQGGSHVQSGFPG AFVFEKPIARRYIMSFDLTSLYP SIIRQVNISPETIRGQFKVHPHEY IAGTAPKPSSEYSCSPNGWMYD KHQEGIPKEIAKVFFQRKDWKK KMFAEEMNAEAIKKIIMKGAGSC STKPEVERYKFSDOFLNELSNY TESVLSNLSIECEKAATLANTNQL NRKILNSLYGALGNIHFYYDLR NATAITIFGQVGIWARKINEYLN KVCGTNGEDFIAAGDTSVYVC VDKVEKVGDLRFKEQNDLVEFM NQFGKKMEPMIDVAYRELCDY MINREHLMHMDREANSCPLGS KGVGGFWKAKKRYALNVYDME DKRFAEPHLKIMGMETQSSSTP KAYQEALEESIRRILOEGEESVQ EYKKNFEKRYQLDYKVAIEVKT ANDIAKYDDKGWPGFKCPFHIR GVLTYYRAVSGGLGVAPILDGNKY MVLPLREGNPFQDKCIAWPSGT ELPKIERSDVLWIDYSTLFQKSF 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	plam0013 6	4e-70
139	79913	80293	362	MKAILVIALGLTGCVAQGPVVNQ SDVGKVNCSKSFYNPNVKCYKE APKQTVQOMQANFDEAIRPOES AOAYRNSDVITREEKIENYCAEL WANWANNYQWRTGKNAPMEY VVSNSNCVKNLTG	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	METLVAGSIFMLVSGVLAIIYML	83	Inmunidad a la	YP_802986.1	1e-38	Inmunidad a la	No se han detectado dominios		

Figura 6AA

				superinfección de proteína de membrana [Fago RB32 de Enterobacteria]		(83/83)	superinfección de proteína de membrana	putativos conservados				
141	80706	81446	364	PWFIALMRGSKSTVGIFFTSLFN WSIIGWFIITFWSIAGETKSAQP NQVIRREKE	246	dCMP hidroximetilasa Gp42 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 99.1	2e-136 (235/246)	dCMP hidroximetilasa	TS_ primidina- HMas. Timidilato sintasa y primidina hidroxime- -ilasa	cd00351	2e-16
142	81437	82078	365	MEVNVPHVYKYKHPKTKWYIG SHDGNPNYDQSGVWQWYK KYGIKSNKEILYEGPNFRQVEEI ILTCDAANCPSYNLKNKAWG GSFPGKLNMYGKKLSPEERYK CGNAFRGKRPOHSHKRMKGEEN PMYGNKEQAYGIIRAKENSGKT YEEIFGVKEAKIKETMSKNRKG PHNLEKICPHCGLKGRGNMTR YHFDCKCKALK	213	Endodesoxiribo- nucleasa [Fago T4 de Enterobacteria]	CAA93271.1	7e-66 (51/147)	Endodesoxiri- bonucleasa	No se han detectado dominios putativos conservados		
143	82075	82917	366	MIQFVPSYQVRGAVSALDMFPT DYEPIVWREHEEKAYDAYGSK AKVITPDVINGIATRKAITDMY AGQRIWMIDDOTTIRMSSMRKR DDRRCDYKYNQLTREQYELIQY VEDAMDCCGYHGHARLPFRKTS SWGNRYRENSYGFNTWYDLGK LTTEQIGYGGKIDLCEDMYAFNLN NOGYPHALFKYLVVSGKAQAP GCCSSIRSNKHNRALEQINREF PEQARWKTSMIEKRKSLGEDE PLKVLRMVCYSRKEKSEAFHKFN AHPHIAVD	280	Proteína RB32ORF041c hipodélica [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 77.1	5e-167 (278/280)		No se han detectado dominios putativos conservados		
144	82996	84177	367	MSIADLKSLRKASTSKMTAELTT SKFNEKDVIRTKPMLNAISGAI DGGMQSGLTIFAGPSKHFXSNM SLTMVAAYLNKYPDAVCLFYDSE FGITPAVLRSMGVDPFVHTPIQ SVEQLKIDMNVNLEAIEERGEKV FDSIGNMAASKKETEDALNEKSV ADMTRAKSLKSLFRIVTPYFSIKN	393	Proteína recombinasa similar a RecA [Fago RB32 de 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

Figura 6BB

										homólogo reparación de ADN, y la inducción de la respuesta SOS.		

Figura 6CC

[illegible]

Figura 6DD

157	89746	89946	380	MARLNKRQLKKAHKKRIDQLFKN YDKELVCELLSNQLRAVDWVVE EGPDEIFVSEALKLIEHSK	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	MKISKEEFIRROKALINLHEWYAY QLKVDSSNINAVMALYKIQIDEH EFLAQVFIED	57	No se encontró una similitud significativa.			
159	90156	90392	382	MGGFVNIKTFTHPAGEGKEVKG MEVSVPFIEYSNEHRADSHYQIF PSEKAAYSTTVSDAADWTKNA AMFTPTQIGG	78	Cápside externa pequeña [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 64.1	6e- 33(76/78)	No se han detectado dominios putativos conservados
160	90491	90697	383	MLNRWIKPNEDLIIISRHVMKKY ELQPWSTEVVWHSFMMYADGSV EFNAEIRYDYGKEQVEFKRGL	68	Proteína Mth.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	MFIFNFKSFFTDFSTTPGEGV VPISNDYLPITVVEVYVNGDGT EAVTMITYEEAQEYKKNPWRWS TPITSSNTONTQSSSDSYDNTVP VHWWTGDSGSSCDSCSSSTS CD	113	Proteína RB32ORF026c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802968.1	1e-58 (112/113)	No se han detectado dominios putativos conservados
162	91047	91532	385	MEALFEMYISSMSFSAKDVPI VAVMIDKGYCDPMYLVNFVSM PVPEDAEIKLKIGIETVPNIPFR AIEATKSEYNVSAEQYNDKPHS FYSYDSVYSWKIDKGNKFIIVSED ALSYFISSIWNSLHPNLLKIHEFD DAPTVVLGKTNESSEENV	161	Mth [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802967.1	2e-86 (157/161)	No se han detectado dominios putativos conservados
163	91507	91710	386	MKVLLKMFVWFSPRNSMYDDG WVEQANKEMQNESEEWKMSMI SVEKEKKLERSALKLMRDYGDK S	67	Sañuelo postulado del huésped sigma 32 [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802965.1	2e-29 (65/67)	No se han detectado dominios putativos conservados
164	91707	91871	387	VNRDMTLEAKAKANEALDILLK 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 DKKCSLIPLAENPDLIKDKERY PENVLIIKHTEIDILQNTDSPFSS EALTIKGYKRAHEYGLFDLFEDD KVKLALNLAGOSSKSTFIIEIDK DINAFYKMWAHFVDVGLWRMS EEERKIEANRYFGFYR	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	MDLFEMLEDNHSTNIGNSSDY	60	Proteína	YP_0028539	2e-27	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6EE

							78.1	(60/60)		putativos conservados	
167	92605	93228	390	KKEYRVLQNYGIEAPDALLEELA SYHLDPWPAPWAK	207	ModA 2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028543 56.1	2e-117 (205/207)	Enzima de adelinribosi- lante	No se han detectado dominios putativos conservados	
168	93225	93827	391	MIINLADVEQLSIKASVDFOYDM YKKVCEKFTDFEQSVLWOCMEA KKNKALHRQNKIKKHLTKSPYQ LYRGSKSTKELIKOLOVGEVFT NRVDSFTTSLHTACGFSYVEYFT EIIIRLKTOKAFNYSOHISQILSSP NTEFKTYIEDTDGLDSERTONL MMIVREQEWMIPIGKYKITSISKE KLHDSFGTFKVVYDIEWE	200	Enzima de adelinribosilante [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 76.1	3e-112 (194/200)	Enzima de adelinribosi- lante	No se han detectado dominios putativos conservados	
169	93943	94689	392	MKLSKNQIRKTRRLRHTQASAK RRSKDFNLDFNYKINLDDKVC YSGEPFDRNIEGKSLERFNN VGYIKGNVIAVKKYNTFRSDYTL EELIEKRLFLALRIGRSSAKKVKH LNLDKKWAKIKTYNQIAIKKK RENRIEHSOLSKSKOTSDVKLTI ALKARIDGSRIAGAEVVKLNVL KGSWKTVKKLSEAMQYDMC DKIQGVRYONLSFDKCLKRG YPLNCSIFKLGR	248	Sañuelo postulado del huésped sigma70 o sigmaS [Fago RB31 de Enterobacteria]	YP_802959.1	9e-137 (243/248)	Sañuelo postulado del huésped sigma70 o sigmas	No se han detectado dominios putativos conservados	
170	94691	95002	393	MFYVYAVYRQDKGFVAVPPLDE HRPAVFEERADKYFTTLKEQY OLALGMGIRLVTETPRKWFNKI EVKHVKPQVDVQRLYRRILDTGR IVSIPAGNLR	103	Proteína RB32ORF016c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802958.1	5e-49 (96/103)		No se han detectado dominios putativos conservados	
171	94999	96318	394	MTFDDLTEGOKNAFNIWMRAIKE KKHHVYTINGPAGTGKTLTKFIE ALISTGETGIIILAPTHAAKKILSK LSGKEASTHSILKINPVYEEENVL FEQKEVPDLAKCRVLICDEVSMY DRKLFKILLSTIPPWCTIIGIGNK QIRPVDPGENTAYISPFTHKDF YQCELTVEKRSNAPIDVATDVR NCHWYDKKAVDCHGVGETGDT	439	ADN helicasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028543 52.1	0.0 (438/439)	ADN helicasa	RecD_rel, recD/Tra A familia	3e-24

Figura 6FF

172	96325	96585	395	ALRDFMVMYFSIVKSLDDLFEENR VMAFTNKSVDKLNLSIRKKIFETD KDFVGEIIVMGEPLIKTYKIDGKP VSEIFNNGQLVRIIEAETSTFVK ARGVPGEYLIRHWDLTVEYGD DEYREKIISSDEELKFNLFGL KTAETYNWKNWKGKAPWSDFW DAKSQFSKVKALPASTFHKAQG MSVDRAFIYTPCIHYADAELAQQ LLYGVTRGRYDVFYV	86	Proteína hipotética RB51ORF017 [Fago FB51 de Enterobacteria]	YP_0028539 72.1	7e-42 (86/86)	No se han detectado dominios putativos conservados		
173	96572	96817	396	MININSKYLNRLLDIGIRKHTNKQD NLDVMVTGAELHLKLYLSDTLAI KRIEKOSYHSNTDTVTLDSEVCK LLIKFEEAIRGNV	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	VEITKDQFYLLQDKVSEYEIAYS KNRETVKIESSKMLQLFEIERDL IALEFFCGEVKTVTISDYVLGEISY LYKAIIND	80	Proteína hipotética RB32ORF013c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_802955.1	5e-39 (80/80)	No se han detectado dominios putativos conservados		
175	97052	97735	398	MIELSWCOFKSLMTNKKAVIEKN SGPENITIREKALKIYSLEEMOKD IESMAKFIDEPIKVIYQDYTVGQI RDLARKI	227	DexA.2 endonucleasa A [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049629. 1	1e-130 (226/227)	DEDh endonuclea- sas, parte de la superfami- lia de exonuclea- sas similar a DnaQ (o DEDD)	cd06127	0.001
176	97799	98299	399	MKIYRVESFSILDYEDAITIRNRL CVQITPYRSIIDSWEELHVG YDRPNFMHSDNNKRIPLED KLLVKNIANIVINTKFKQYVGEY HIPGWFIALYHFAFASDYDMR WFTREEREELASKGFYLAHYEV PDDQVIVGGHQVMFRKSHAEV DFIEMR	166	Proteína RB32ORF011c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_802953.1	4e-93 (163/166)	No se han detectado dominios putativos conservados		
177	98302	98847	400	MKFNYNPEYTPNPAAKLIDFDVV STYVCPVKPLEIKEPTMTAIEIG KTYLKEPKIKTNALISGHKLTLD VFGEGEFVEEFKSEWFDKSYV IHGRRLDNNKIKKLVYEDEFILF	181	Proteína MoB.1 hipotética [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_0029223 58.1	8e-94 (168/182)	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 6GG

178	98924	99412	401	QEEVEQDPTDLLCAAVSIRRPFD NPICGWVTDQWIEDGVLLNV HAGDFSVVPRSAVAILN	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	MIINIGEIAVSRKSKAAGKLV EVVSIQLKHGVKDESEVYKRIIA KDGMSKPOGYVYRWKLEPAFL KAVPAKGIETIDTSHVGVDFKWK LGOAKFIAPCECFKIDDKGKAVY TRAMCGYITDQWVEDGVKLYNV VFLGTYKVPESWIKHYSNALYA	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	MAKFEVKNWYQFNKQAOENFI KQHTDNGIYARRLGMHPKILDV DALGRPIKMSFAGNLVLSGKDI LDEDFIWLSSNEAEFFNEVENPY QAAEEQESAPITDQSKFPVMKV TIENDEQAWSLYQMLKAHKE	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	MPLYDYKCOQSKCAKEYEKIKI SEROTDVCPCDCHRIARLVSAPK HVNGGFYDLKG	58	Proteína hipotética RB32ORF006c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802948.1	2e-26 (58/58)		No se han detectado dominios putativos conservados	
182	100397	100768	405	MFKIGKKYRIREGEEKKYLFSAY RNGSINAVISTSEFIVDMKGN VTMISTASGNDGKILHSFQSNVLI YDEEFDFFEEVPEGFAFECTITM KSGDPLSFTVKDEGSRLRIILLQ AIKFK	123	Proteína hipotética RB32ORF005c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802947.1	2e-58 (114/123)		No se han detectado dominios putativos conservados	
183	100774	101034	406	MKYINRSIAALVLAVSLVGCTDAD NATKVLSSSGFTNIEITGYNWFG CSENFQHTGFRAIGPTGQKVE GTVCSGLFFKOSTIRFK	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	MIKNEIKILSDIEHIKKRSGMYIGS SANEMHERFLFGKWESVQYVPG LVKLIDEIDNSVDEGIRTKFKFAN KINVTNNQVTVEDNGRGIPOA MVKTPTGEEIPVAAWTIPKAG GNFGDDKERVGTGMNGVGSLL TNFVSWMFVGETGDQGNVVRV SNGMENKSWETIPGKWKGTRVT FIPDFMSFETNELSQVYLDITLDR LQTLAVVYVDIQFTFNGKVKYQGN	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

Figura 6HH

[illegible]

Figura 6II

187	105379	106317	410	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
188	106346	106540	411	64	Proteína hipotética RB32ORF269c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803211.1	3e-27 (62/64)		No se han detectado dominios putativos conservados
189	106604	107161	412	185	Endonucleasa IV [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_002854607	4e-106 (183/185)	Endonucleasa IV	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6JJ

190	107235	107498	413	MKFKFYAKHKITGEFIATTTST DEGDIATVFLSKWESDOPYLSS REDLORLVNGEYNDWSYLVDH CVKKAOKHLEIVEIEL	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	MKILNSVLACAWWAQVSAVV GIHYEYF	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	MKKIVKAIWNVVILVLSIFPVLMI 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	MKKRKSATFIEWFDFNIFALFI FMILFALGSVWGYLMTVVGDIH ONGLSVETIWNQVK	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	MMNLLSGWFYLMFYIGANFPY WMGWSTTAFGFYTP	38	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	MKIFKDVKGVEIFCLNDGDLIRI SPLKSTSEKPTVNATLANSNER FCIENDTETTYVEEFWELSVDCD 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 EWFLGVPHKIDILSKPGFYFLYSK LDGRFSPNCPVSARFVVGNGRS KGGFSAVLSHIRQRSQLARTIA NNVPTVTVFYLPAKMKPLTTGF GKQLALAFIRNHHSEYQTLLEEM NRMLADNFKVLOAY	152	Interrompe el nucleoide del huésped [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803202.1	3e-84 (149/152)	No se han detectado dominios putativos conservados
197	108998	109156	420	MNIAKLLGVISFCVIVACVLTICID VSSVFSQALAQGMCAVLTPLVLS TND	52	Proteína de resistencia a acridina [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545 97.1	3e-20 (51/52)	No se han detectado dominios putativos conservados
198	109294	110622	421	MQLNNROLKSIIDNEALAYAMYT VENRAIPNMIDGFKPVORFVIAR ALDLARGNKKDFHKLASAGGVA DLGYHHGNSAQDAGALMANT WNNFPLLDGGNGFSRTYQK AAASRYIFARVSKNFYNYVDTE YAPVHQDKEHIPPAPYLPITVLL NGVSGIATGYATYILPHSVSSVK	442	Subunidad Gp52 de ADN topoisomerasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028542 15.1	0,0 (442/442)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6KK

					KAVLQALQGKKVTKPKVEPEFR GEVEIDGGYIEIRGTGKTSRTQ MHITEIPYKYDRETVYSKLDPLE DKGFTITWDDACGEHGFGRKVF RKEYSLSDNEEERHAKIMKDFGL IERRSONITVINEKGLQVYDNNV DLKDFVEVRKTYVQKRDNKIKE TESAFRLAFKAKHFKKVISGEIV QKTRKELTEELSKIDMYSSYVD KLVGMNIFHMTSDEAKLAEEAK AKKEENEYWKTTDVTWTEYTKDL EEIK																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																								
--	--	--	--	--	---	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

>Figura 6LL

205	112949	113167	428	QFGQGN	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	LARENSKSDYFNLSNDKOKNLR HFVEMGYTDHDLREHIFECGV AKKFSFTCKCLREVIHQYCFSR KT	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	MIDQSQVQYTIKIDILEKLYKFL PNLYHSIVNVEELHLGNNDLI GTYKDLKAGYFYIIPAPKSIDO VLKTMIVYHDYIEIDYFE	50	Proteína As/A.1 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049867. 1	9e-19 (48/50)		No se han detectado dominios putativos conservados	
208	113691	113963	431	MSHNLKVEIHVAVQERKSEKFE VEKIFEENTTDQFTNQASDDIITK STN	90	Proteína As/A anti- sigma 70 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049866. 1	5e-44 (90/90)	Proteína As/A anti-sigma 70	As/A, factor A anti-sigma 0	3e-30
209	114620	113964	432	MNKNIDTVREIITVASILKFSREDI VENRANFIALNEIGVTHEGRKL NONSFRKIVSELTOEDKKTIDEF NEGFEQVRYLEMYTNK	218	Holína [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803187.1	7e-125 (216/218)	Holína	No se han detectado dominios putativos conservados	
210	115433	114651	433	MAVVGVPGWIGSSAANETGOR WMSQAAGQLRLGVPCWMSQFA GRSREIHTVGANHNFGQWFR DRCFEAGGAPVFNIVGDIYSYK DVPLFFMYGDTFNEYVQLNIHGV TMYGRGGNGGNSPSGAGGHC IQNDIGRLRINNGGAGAGGGGG GGGGYYSFQSOMRLTFGGGGG RPFAGPGGSDMQSGATGGTIS APGSGSVNGTNGGNGGEGVGS GGRCNIRGGGSEYNGGAAGYA VIGSAPTQWQVGAIGYGRPV	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	2e-76
211	118418	115470	434	MATLKOIOFKRSKTAGORPAASV LAEGELAINLKDKTIFTKDDSGSV IELGLKYGGTNGSLVETENITGT LIGNSSTATKLTQTPRKINGISFDG SKDITLTPSDINVNSTTFIKNNGE LPTDANLDTYGPPIEYELGWWSKS	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	

Figura 6MM

212	119077	118427	435	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	plam0390 3	4e-83
<p>TSTNAQPAKFPENAVGVLEVF VAGQFAGTQRYTVRSNGVYIRS LSAKWNGVDGPWGWWRNVQAS TRPLSQIDLDLSELEHCGLWR NSSSAIASFDRHYPEEGSAQGF LEIFEGGLYTRQRYTTRMGVY TRCLAAAWDASAPKWEWKQV GHGTPATFYDGLNDFKTPGLY NILGDAVINCPTEGGLPTVGL LEVKORASGAIFQRFRTAGTGA TTRDRIFERAYTGAWGAWNEV YTSYSLPITLGMGGIKLAELD WQTFDFVPGSMFVPLNKKNM PANMDWGTIDGNLVMFSVGPSE HTGTGRTVQWVRGTVSQANYR YFVRIAGNPGSRNTTCRRVLE DGSHTWTAQNFRLNITAIV NLGANQISLAPGAYIQAPASGS GSNTYANQNTTIAPLYQAIDSN KNQFAPV/KQNTV/TNITMASGM DIASSEYRVAQGDLSATGTTATE LATWRFPSGRFMSQSVYAGA AFLNTDGNAGSNKKYNDATNL DAALNTRLGKGGDTMTGRLTINA PNDSIVLSTTASNSLHIGDIDGT GNWYCKGGADNSLAFYSYASQ AAVHITNNGEIALNPQNTAMVY NRDRVHNGSGWIAQPGDWG NOWRVEAPLFDVHGYYGQDSY YPILKARSVITNQYSTAVDFGM RRIPSQWGOAIRVGSTEASDA GHPQAVFEFHIDGFFYTPNGS FSDVYIRSDSRLKINKELEYGAV EKVCRLKVYYDKVKSIDRSVIK REVGIQAQDLKELPEAVSKVEVD GSDVLTISNSAVNALLKAIQEMS EEIKELKTLPLTKIARKISKYKFK</p> <p>MADLVKGSTVGGSVWHQGNFP LNSAGQDVLKSFKYSEYNKPQ AADNDFVSKANGGTYAGPITINY GVNSYLQLSNNETPIRIRSGGGT GNTLVVGGSGGISFRPAGSEIT TGQITITPEGLTITRAVAPSVT VTSTPSAASDVTTRKDYVDGAINT VTANANSRLRSQDGMTGNLTA PNLFSQNPASQPSHVPRFDQIM KDSVQDFGY</p>											

Figura 6NN

213	120255	119140	436	MEKFMAEFGQGVYQTPFLSESN SVRYKISAGSCPLSTAGPYVKF QDNPGVNGQTSAGLHLRVFDPs TGALVDSKSYAFSASNTTSAAF VSFMNLSNNRLVAILTSKGVNF PPEVSWLRGAGTSVFPDSVL SRFDVSYAAFTSSKRAALEHV KLNRKSTDDYQTLIDVWDSLE DVGATGFPKRTYESVEQFMSAV GGTNEIARLPTSAASIKLSDYNL IPGOVLYLKAQLYADADLLDGLTT NISIRFYDASNGYISSTQAEFTGQ AGSWELKEDYVVPENAVGFTY AORTAQAGQGGMRNLSFSEVS RNGGISKPAEFGVNGIRVNYCE SASPPDMMVLPTOASSKTGVFG 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	MAEIKRFRFRAEDGLDAGGDKIIN VALADRTVGTGDGVNVYDIQENT VQOYDPTRGYLKDFVIYNRFRW AATDNIPKPNRIRRWKALRT DAVYTTVSSGPYQLKSGEAISVD TSVGNDFEFTLPPSPLDGETVLIQ DIGGKPGINQVKNSSNQSVNFR GEQVRSVLMTHPKSQMIFNNR LWQMYVADYSREAAVTPSTAY OAGSNDFIVRRFTSAAPINVKLP RFANHGDIINFVDLKLNPLYHTI VTTYDETTSVQEVGTHSIEGRTSI DGLFMEDDNEKLWRLFDDGSKA RLRIITTSNIRPNEEVNVFGANN GTTQTIELQLPTDISVGDVTKISM NYMRKGQTVKIKAGGEDKIASSV QLLQFPKRSEYPPAEWVTVQOE LVFNGETNYVPVLQLAYIEDSDG KYVWVQNVPTVERVDSLNAST RARLGVIALATQAOANADLENSP QKELAITPETLANRTATETRRGIA RIATTAQVNONTTFSFADLIJTP KKLNERTATETRRGVAEIAEQE TNTGTDDTTIITPKLQARQSGE SLSGIVTFVSTAGATPASSRELN GTNVYKNTNINLWSPKALDQY KATPTQOGAVILAVESEVIAGQS QEGWANAVVTPETLHKKTSTDG RIGLIEIATQSEVNTGTDYTRAVT PKTLNDRRATESLSGIAEIAEQE 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

Figura 600

215	124238	125155	438	RTSWAL SGLVESGTLWDHYTL NILEANETQRGTLRVATQVEAAA GTLNVLTPKKLGTKSTESQE GVIVATQSETVTGTSANTAVSP KNLKWVQSEPTWAAATLIRGFV KTSQSLTFVGNQDVGSTQPLES YEKNGYAVSPYELNRVLANYLPL KAKAVOSNLLDGLDLSQFRRDIA QTVNGSLTLTQQTNLGAPLVSSS TATFGGVSANSTLTISNTGTAT RLIFEKGPQTGNPAQTMVVRV WGNQFSGESDTRSTVFEVSD TSSHFYSQRNKAIGNITFNGTV TPINVASGTLNANGVATFGNSV TATGEIISRANAFRAINGNYGFI VRNDGSVTNFMLTASGDQDGGF NGLRPLAINNASQVGTIGESLIQK GATINSGLTVNSRIRSQGTSTS DLYTRAPTSDTVGFWSIDINDSA TYNQFFGYFKMVEKTNEVTGLP YLERGEEVKSPGLTQFGNTLDS LYQDWITYPTTPEARTTRWTRT WQTKNSWSFSVQVDFDGGNPP QPSDGAIPSDNGIIGNLTIRDFLR IGNVRIPDPVNTKVKEFWVE	305	RNasah [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803181.1	4e-178 (305/305)	Ribonucleasa H	RNasah_ C. RNasa H T4, terminal C	9e-40
216	125164	125433	439	MAKEMVEFEDEAIHGEDLAKFK EASDHKLISGYNELIKDIRAKO ELGVDGKMFNRLALYHKDNRD VFEAEETEEVVELYDTVFSK	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	MTQSLNDIRPVDETGLSEKELSI KKEKDEIAKLLDROENGFIIEKAV EEFGMSYLEATTAFLSENSIPET	112	Proteína Csp33 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	

Figura 6PP

							[Fago T4 de Enterobacteria]			promotor tardío			
218	125746	126399	441		QFAKFIPIGIEKIQSEAIENLLR PSVVRCEKNTLDFLL	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
					MIKLMPAGGERYIDGKSVYKLY LMIKQHMGKYDVIKYNWCMRV SDAAYQKRDRKYFQKLEKYK LKEALIFISNLVANQDAWIGDISD ADALVFYREYIGRLKQIKFKFEED IRNIYF-SKKYVEVSAPKEIFEYNP KVQSSYIFKLQSNISFETIFILLD SFLNIIDKHDEQTDNLVWNNYSIK LKAYRKILNDSQKAKNFIETVK SCKY					Helicasa T4_C, helicasa 59 del gen t4, terminal N	pfam0899_3	3e-34	
219	126500	127408	442		MFKRKSTAEIAAQMAKLAGNKG GFSSDEKGEWLKLDNAGNGQ AVIRFLPSKNDEQAPFALLVNHG FKKNGKWYIETCSSTYGDYDSC PVCQYISKNDLYNTDNKEYSLVK RKTSYWANILVKDPAAPENEGK VKYRFCKKWDKINAMIA/DVE MGETPVQVTCWEGANFLVKVK QVSGFSNYDESKFLNQSAPNID DESFQKELFEQMDLSEMTSKD KFKSFEELSTKFSQVMGTAMG GAAATAAKKADKVDLDLDAFNV DQFKTKTDDDFWSSSSGSSSA DDTDLDDLNDL	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		MAKYDIDVDVFVEIEIIRNRP SITSHDDPNYCNFISVIEGPLEDL TRFMANEYCDGMDSEDAEYFM GLIQ	76	Proteína Frd.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541.94.1	1e-36 (76/76)		Proteína FRD3 de bacteriófago	pfam0579_8	3e-33
221	127829	128194	444		MYIGKKYELVPLRIDTINRYPR NSSVKLIQENGWGFVEKFAFV DGFRIKHIECANGKHFFNVCE DEFHCFREYKEPTSEEDGAEDIV SGVTIKIHCVDENNVDEIILRKT FKK	121	Proteína Frd.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_0028545.71.1	6e-62 (118/121)		Proteína FRD2 de bacteriófago	pfam0319_7	2e-36
222	128333	128575	445		MRLQRQSKOSEVRGKRWYFNIG KDSLEVEKAEHLRDMGWDEEC DGCPL YEDGESAGEWYHSDVD	80	Proteína Frd.1 hipotética conservada	NP_049851.1	3e-39 (79/80)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 6QQ

																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					</
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

Figura 6RR

[illegible]

Figura 6SS

234	135915	136325	457	<p>FWRPEEVNLMMDAAQFNKLQY QONIFTNLKYQSLDSIQGRAP SAVLMSLDPSLDTWATWTF ETIHSRSTHIMRNLTYDPSKV DEIVLDEAIMKRAESIGRYDDVL IKTRYWENAKADIEYQKEINADE DVIEDAIEHETYYKRELMKSLYL CLHVINALEAIRFYVSFACTFNH KNMEIMEGNAKIMFIARDEQLH LKGTOYIIRQLQGLTGDDEWVKI AOECEGEAVDIFMEVNRQEKDW AVHLFKGDGVPGLNTNSMWSFI DYLTVSRMKQCGLPCTPDAPVK HPYPWIREYLNSDNVQSAQEV ELSSYLVAQIDNDVDDKVMMSFK KYF</p>	136	<p>Endonucleasa II [Fago RB51 de Enterobacteria]</p>	YP_0028541 81.1	7e-73 (135/136)	Endonucleasa II	Nucleasas tipo GIY- YIG (dominio URI)	smart0046 5	1e-05
235	136378	137502	458	<p>MQELFNLMELCKDSQSRKFYS DDVSASGRTRYRFSVNSYSD WLLPDALCEGRIMFEMDGEKPV RIASRPMEKFFNLNENPFTMINID LNVDYILTKEDGSLVSTYLDGD EILFKSKGSIKSEQALMANGILMN INHRLRDLKELAEDEGFTANFE FVAPTRIVRLAYQEMKILLNVRE NETGEISYDDIYKDAALRPYLVE RYEIDSPKWVEAKNAENIEGYV AVMKDGSFHKIKSDWVYSLHST KSSLDNPEKLFKTIIDGASDLKA MYADDEYSYRKIEAFETTYLYKL DRALFLVLDCHNKHCGKDKTY AMEAQGVAKGAGMDHLGIIMS LYQGYDSQEKVMCEIQNLKN YKFIPEGY</p>	374	<p>ARN ligasa [Fago RB51 de Enterobacteria]</p>	YP_0028541 80.1	0.0 (373/374)	ARN ligasa	ARN ligasa, familia RnIA T4	TIGR0230 8	<1.0e- 180
236	137567	138070	459	<p>MDQLITTEMVVEAYGDTTGGIS VFKGNRRVGYITDLKKOLAKQVK RKTITKEIYRNRRLQOARDMLPDA VEEMKVLENQLAKYDCDFINQ TOPNVHNSCKYIIVPLTKGHR LGISNPNRSASDMAEDVEACFKI SKSPAEEHILLNQDDIIIEVIKT LCM</p>	167	<p>Inhibidor Aic de la transcripción del huésped [Fago T4 de Enterobacteria]</p>	NP_049838. 1	3e-93 (164/167)	Inhibidor de la transcripción del huésped	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 6TT

237	138061	138414	460	MHVSNTAGILLLVIAFGGTSILK NKVERLETSVTEITKTANENALAI NNRIQYNYIDAMNNKNREIAIAI ERENEKLRKDAKADVVAHKPG 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 QVKVIDGKAWGMPFDSQEFR IWLNDVKRYVHDQKTMICYRQ ELKEDKCK	99	Proteína hipotética RB32ORF219c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803161.1	1e-51 (99/99)	Lipoproteína Yfio de montaje de membrana externa	TIGR0330 2 0,002
239	138707	138937	462	MISWYQFEHLKGLVSESEMAAMI YGRQIRLESPTINDVLLAQSR ANLKNEYONKWKASKDLHDYI 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	MKTLLERYECSDRYDICHONA SSISEDIEHAKALDDAGKALRKEA KARGFDMYQLKNHMIKFISSNVQ KGSVQNSTAELYKGRREHNIRIL 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	MMKILITIGCPGSGKSTWAREFI AKNPGFYNNRDDYRQSIMAHEE RDEYKYTKNKEGIVTYMQHDVA NMILCQDATKGIVSDTNLNP RKVWEEFAKELGHOIEYKVDVP WTELKRNKRGTAKAPIDVLR MYKSMREYGLPYYKGTGPKPK AVIFDVGDTLAKMNGRGPYDLEK CDIDINPMVVELSKYALMGYQI VWSGREGSGTEEDPTKYRMTR KWVEDIAGVPLVMOCOREQGD RKDDVVYKEEIFWKHIAHFQV AIDDRQVVMWRRRIGVECWQV ASGDF	301	dN 3'fosfatasa [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 74.1	1e-170 (250/300)	Quinasa predicha	COG4639 8e-12
242	140158	140334	465	LGFVIVNSGLVGTSGNGQFCVFTS ENRAWEECLKREKNPDVELV KTKLPLPWKTYE	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	MNNLEKIYRLCDKIEKKYLFCL WPIVDGRVGLVDLYETEDKVD 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	MFPTYSKIVEVVFSSQIANNMFEK LDNAELRIHAQVTHVLNALLPD	91	Proteína hipotética RB32ORF215c	YP_803157.1	2e-45 (91/91)	No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 6UU

245	140868	141395	468	QVDSIATLYPGSAHIHVFGLDAE LVIKGDIRFESQTSFKAI	175	[Fago R632 de Enterobacteria] 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	MSEWFEEDKYRFGKAGYKIDFN ETCGANKRIAGFGENSFVKYIDP AKNVISIKREIDDCWYKAVDVMG ESYKVSPLFSIAYMLEYSFEEV OKDDSVSKFEIKTDKEIKWKVYGI TGCMFYIYAQTDITKEEAKKALE YLEEHEEGPVMITQDAELVSVKL VKNVESKELGSGTC	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	MMNLTDIINDNCLENDTGDHRLD SETAQFIRITLMDTLVNSIHPSV YDAIVTKYPVELHKMTGAVFID KKNRFKDGONITSSVIKSLTLRH EYRVETAKSAYLVIMK	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	MKASTVLQIAYLVQESKCCSW KVGVIEKNGRIISTGYNGSPAG GVNCCDYAAEQGWLLNKPXHTII QGHKPECVSGSTDRFLAKEH RSAHSEWSSKNEIHAELNAILFA ARNGSSIEGATMYVTLSPCPDCA KAAQSGIKLVCETYDKNKPG WDDILRNAGIEVFNVPKKNLNL NWNINEFCGE	193	dCMP desaminasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803153.1	3e-110 (193/193)	dCMP desaminasa Desoxici- tidilato desami- nasa cd01286	1e-37
249	142538	142774	472	MKFRLVKLTAISSYNSNENISFAVE YKKYFFSKWKQYKTDWTSIDR PYSWKSDLEKCKQLLSTLKERG 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	MKLTTQKVAIREILKTKLSMGIS NVVFEKSDGTIRIMKCTRDADFIM PTMQTGKLTSTRKESTDMIPVF DVELGAWRGFSIDKLSVNGMKV EHLLOFIGK	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 OAGDEEVTEGLIGKRIOGEVP ELCVHVSVPDVPPEGFEVGDGL TSLPVGQIRNVHPFVALGLKQP KEIKQKFTVCHYKAIPCLYK	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
252	143623	143871	475	MIKQLQHALELQRNAWNNGHEN YGASIDVEAEALILRYFKHLNPA	82	Proteína accesoria de inhibición de lisis.	NP_049824.	6e-40	Proteína rlll accesoria	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6VV

					QTALAAELQEKDELKYAKPLASA ARKAVRHFVVTLK				fenotipo de lisis rápida [Fago T4 de Enterobacteria]	1	(32/82)	de inhibición de lisis	putativos conservados
253	144226	14444	476		MPISPAFSFKREFIMAKQVKA AVEKKVGDSCRAGYKRGNSRI NQTVKIMRRARAVLRDDASRF GKOKA	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		MINYINFERKYVNGIAGSIDTICL WKHQNGSVCEIDQYMTNPVY MPFENGITV/SITKEGNSFKALDD 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	3e-66 pfam0691 9
255	144949	145236	478		MFMTTYFDTRKNFCEVFSKAP KDLPAHLQPTSESINKYNNVWCP LEFRVTNGRDLTALTILNREIDID PSIAREINSSDINGGNVKSNGFQ 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		MKFLGQTVLKG/GVIGPLISKVL PPFKWVGIOIKAEYVSWWDGNE 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		MNIINKIFGIQYKVTYKVTOKNPY TDEHEEPQVKSIILEKGSDDWPE FRLPNYGHWADVEIISNV	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 WPFVMDIGQFGLLEGLGCKV KNVEQORRIFGLSLAAQQAGR SYARQDRGTFLWLGVPFSRYS PAWKELYTNAYFEAIONKGFDD ALHASKGKVLKHSMAAGLTDD TILTEAEFIDVLNLRDSL	152		Proteína Gp30.3 [Bacteriófago Pol]	CAD30242.1	5e-85 (152/152)		Proteína GP30.3 de bacterio- fago	6e-71 pfam0801 0
259	146084	146923	482		MKPTILTDIDGVCLSWQSLPYF AOKYNLPLEHILMKIQDEKFSIPG KLNCDEELGVKLEIKYNRSDIR YLSPYKDALCVINKLKEDYNFA VTALGDSIDALLNROFNALFP GAFSEVLMCGHSDSKEELFKKA KEKYNVICYIDDLAHCHDHAEL NYPVVMARGERSIPKTAQRY YTWDVNEKLFSPKENESFDS EKAIKDVIEKNIKNDSPWNTTW STGCEVNRKLVILNLRDQVLRFCAT	279		Proteína hipotética RB32ORF199c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803141.1	2e-163 (276/279)			No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 6WW

[illegible]

Figura 6XX

264	150987	153044	487	MTKNSWNAAKTKFLKRMISFS GIGAGPMIDITARDGSKYTPSQK RGIREYCGSGYTDNNLLGRYD PEREYVMESEKEIEAAITNLSAFE NGDRIPGITYVYRAQSMIPIYE ALVKNKYFRNFVSTSLPIIFG RFGITHAGIGLLEPEARNELTVDK NEEGITINPEIRAYKENPEYVKV QIGWADGAHKVNVVYPGSLGIA TEAEVILPRGLMVKNKITDASN NDGTTNNTKLQAEVMTTEELT ESVIYDGDHLMETGELVAMTGDI EIEDRVDFASFVSSNVKQKVESS LGIASCIIDITNMPYKFVQG	685	Proteína hipotética RB32ORF194c [Fago R632 de Enterobacteria]	YP_803136.1	0.0 (679/685)		VIP2: una familia de toxina rebotilant de ADP de actina	cd00233	6e-11	
				MELITELFDGASAPVNLNPKHKI PQIFAQAGEESVLPQGFECTYTS GGDTNKNVYKPGDKMMHIMIGV NEKLSLVKLRNLGNPIGVINAVF DTALQTMKQYKIDACLFRLVLSK TNGAARQMQVIADRLVRTKGAG RYVLLKEIWGYDKKYAYIMVYRK NANLEDIPGVPISTELFTKVESK VGDVYVDVKTGNAPKAVAVAA SIALENDKRTDQAVIQTKISRRLL AAQAQYSTVDASLOGDSFAAKK YQEFESKVPYKAEQPMNSGVI QIGSNFSKGAIGMRSASRFSKN DYELESFRNHIALAHARLRDPSIK LQSDITYQGSQEYLKNEFFDYK TDKILSLADINISNFDVKKIIND LVKGSKATPDEKTAIQFVMNGIY KLINESAAQAYEYASTEIVPKGL TOAESDVIEDYCADSYVEMNSFL LGKPDSTREEYMERAIKHIEITLD SAFAKGSVLPPTTLYRGQEVTF KTLRHNIENKMFYKNFVSTSLK PNIFGEHGKNYMALDDSGAVFS GEGESIDAEDLMHMGSHSTYV NEDAETSGVMVVKGAERIKVVP GHLSGFSPSEAEVILPRGILLKINK VSTYFNKETAYNKYLEGTIVPPS EQLEESVYDGDHLMETGEVRPM TGFNOFLVEESKEEENEVSQILA SLVNINGMSKKFKM		Alt ribosilasa de ARN polimerasa ADP	NP_049811. 1	8e-130 (296/719)		Alt ribosilasa de ARN polimerasa ADP			

Figura 6YY

					[Fago T4 de Enterobacteria]						No se han detectado dominios putativos conservados
265	153105	153395	488	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	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	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	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

Figura 6ZZ

269	157794	157261	492	<p>EAAKMTAMILAVVVGIDLLMVHF KYWSDKFSQAWDLFSNFTKFS SETGTWGPILLQSFISIDKIKLW EAGDWGGLTYAVEGLGKVLN GELIQLGMAKLSAAILRVPIMKD TADVEGRALENFQNTTNSLSK EDQEKVANYQYKRINDDLGPIA KGLDKIANWKTRASNWIRGVON KEALTDEERAEKEELKOLSPE EAKIALMKANEARAAMNRFDEYA NSADMKSOSTYKSVAAAYEDLK KRMDPDLNNSPAVKKELAAAF SKIDATYQELKKNQPNKAPQTS KSPKAKQVQVIEKNKAQQAPIOQ ASPSINNTNNVKKNTVYHNMT VTSTAPGVFDTATGVN</p>	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		
270	158914	157742	493	<p>MSMLORPGYPNLSVKLFESYDA WSNNRFVELAATITTLTMRDLSY GRNEGMLQFYDSKNIHTKMDGN EIIQISVANANDINNVKTRIYGCKH FSVSVDSKGDNIIELGTHSIEIN LKFGRPFPPDAGESIKMLGVY QDRLLTPAINAINAYVPDIPWTS TFENYLSYVREVALAVGSKPFV VWQDIMGVNMMDYDMMINQEP YPMIVGEPTLIGQFVQELKYPLAY DFWLTKSNPHKRPIMKNATY AHSFLDSSLPMITTKGENSVWS RSGAYSEMTYRNGYEEAIRLQT MAQYDGYAKCSTVGNFNLTPGV KIIFNDSKNQKTEFYVDEVIHEL SNNSVTHLYMFTNATKLETIDP VKYKNEFKTDITTESSSSDK</p>	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 estructural de placa base, dominio 1	pfam0909 7
										Cola 2 de fago, pro- teína es- tructural de placa base, dominio 2	pfam0909 6	9e-86

Figura 6AAA

271	159663	158911	494	MANIRCKLPDGVHRRFPKFTVED YRDFLLVRNDIEHRSPOQKEIT DLIDYFGDYPTKTPQRFELQVF VGSIGKTKVPPTVCPKCKAKET VPFEITOKELKEPFDVAVYKRL KFPSEFYENKAKMITENIHVSQV DENWYDWKEISESQIELVDAEI ETLEKLDAMINPILTHMSCCOK YIKYTDVDFVFKLLVNPDEIFTY QINHTLVKSNSLSNIMKMPAER GFVLKLEKQKHQ	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	MYEYKFDVRVSGKIINCRAFTLK EYELITAKNNGSVSEVVKKIKD CTNAKDLNRQESSELLHLWAHS LGEVNHENSWKCTCGTEIPHTN LLHTOIDAPEDLWYTLGQIKKFR YPKIFDOKNAHNVSCIEIHANG ESIPVEDLNEKELEDLYSIITESDI VAKOMLLKFTYTLAVPKCPCEG KTHAVYRGLKEFFELL	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	MANIKLYSDIOPEMKMOWNKD VSRSLGLRSIKNSLLGIITRKGS RPHDFGCDLSDDLFEHNITPL TADTVERNIESAVRNYEPRIKRL VINPVYDDYTLIVERFSVDNPD DIEQIKLQASSNRV	132	Subunidad Gp25 de bielagra de placa base [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049800. 1	2e-70 (132/132)	Subunidad de bielagra de placa base	Subunidad Gp25 de bielagra de placa base	PHA00415 3e-54
274	160605	161218	497	MRLLEDLEELKGVFDISTKLOY EAMNVMLYSKVNLNHSIKKE MLREACKKVALKALDYTSGRG DGDEFSDIRYKSEKMTYLSAQ KQVLKVDTSLOYWGILLDFCSGA LDAKSRGFARKHQDMRAFEAGK	137	UvsY [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_0028541 41.1	3e-73 (137/137)	Proteína de recombina- ción, reparación y unión de ADNmc	No se han detectado dominios putativos conservados	
275	161218	161442	498	MRYNDDAFNVEEETETIQFLM KQNLKRGQIRILADHPCGEDVL YIKGKFAGYLDEYFSKONGIDM HMRV	74	Proteína UvsY-1 hipotética conser- vada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049798. 1	1e-35 (73/74)		No se han detectado dominios putativos conservados	
276	161471	161638	499	MISOKICVCKTPIOSALVETDK GPVHPGFCYNTIKELPVSESEE QLNETOLL	55	Proteína UvsY-2 hipotética conser- vada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049797. 1	1e-23 (55/55)		No se han detectado dominios putativos conservados	
277	161924	161694	500	MILEEKOFLEYASIDFENGKIASG QTLEGLEELEAYYKRYKTELEK DTDDISVRDALAGRAELEDSDQ 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	

Figura 6BBB

278	163461	161950	501	MTDIKVFHYDFSHVRIDCEESTF HELROFFSEADGGRFNPKYKY GHWDGRIRLLDYNRLPLFGLVG QIKKFCDFNGYKAWIDPQINEKE ELSRKDFDEWLSKLEIYSGNKRI EPHWYQKDAVFEGLVNRRLIN LPTSAGKSLIQAALLARYLENYE GKILIVPTTALTQMADDFVDR LFHAMIKKIGGASKDDKYKND APVVVGTWQTVKOPKEWFSQ FGMMNDECHILATGKSIISIG LNNCFKFLGSLRDKANIM QYVGMFGEIFKPVTTSKLMEDG QVTELKINSIFLRYPDEFITKLKG KTYQEEIKITGLSKRNKWIAKLAI KLAOKDENAFVFKHVSHGKAIF DLIKNEYDKVYVVSGEVDTETRN IMKTLAENGKGIIVASYGVFSTGI SVKNLHHVLAHGVKSKIMLQTI GRVLRKHGSKTIATVWDLDDCG VKPKSANTKKKYVHLNYLLKHGI DRIQRYADEKFNVMKTVNL	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 de superfami- lia II	COG1061	8e-27
279	163512	164192	502	MIDKDYIAELKALDDNKEAKAKLA EYAEQFGIKKKNKSFNIVNDIE EALOKLASEPMPETDGLSIKOLID AADAAGLKYDDEEVNPEAALLI DSPVKSDIKIEVETDKIPENTDV LIEDTPFEVEKFEQAVAEIESEKP SVFTLPENFSPNLQIGKNPGFC TVPWYIYQWIAETPDWKKSHPTS FEHASAHQTLFSLIYINRDGSVL 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	Transporta- dor de hierro ferroso, FeoB	TIGR0043 7	2e-04
280	164202	165620	503	MTFTVDITPKTPTGVDETQKQFTA TPSGETGGTITYAWTVDDAPQ EETSATFSYVLKGPAGQKTKW ATNQVAESEPETAEISITITVQNK TQTTTLAVTPGSPDAGVIGTPIEF TAALASQPSGANATYQWYVDGS PVGEATSTTFNTYTPDASGVKTIK CVAQVATATDYDTKEVTSNEVSLT VNNKTQITTLAVTPDSPAGVIG TPVQFTALASQPDGASATYQW YVDDSQVGGETNSTFSYTPITS GVKRIKICVAQVTAENYNEKEVTS NEVSLTVNKKTMNPQVTLTPPSI NVQODASATFTANVTGAPEEAGI TYSWKKDDSPVEGSTNVTYVDT	472	Proteína Hoc de cápside externa [Bacteriófago RB30]	AAM52483.1	0.0 (428/472)	Proteína Hoc de cápside externa	Domino PKD	pfam0080 1	0.001

Figura 6CCC

281	165722	165925	504	SSVGSQTIEVTAVTATDYDSKTI TAEQGVQVTDKVAPEPEGELPY VHPLPHRTSAIWWCGWWVMDEI QKMTTEEGKDWKTDGPDQSKYYLH RYTLQKMMKDYPEVDVQESRN GYIHKTALETGINTYP	67	Proteína hipotética RB32ORF177c [Fago R832 de Enterobacteria]	YP_803119.1	4e-30 (67/67)			No se han detectado dominios putativos conservados	
282	165912	166190	505	MEQYDLYENESFANOLREKALK SKQFKLECFIKDFSELANKAAEQ GKTHFSYYCIARDKLITEEGDWL RKEGFSFKVNSDQDRDGLWLEIT 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	MFKKYSSLENHYNSKFIKLYSL CLTGGEWVAREKIHGTNFSLIER DKVTCARITGPILPAEDFFGYEII LKNYEDSIKAVQDQIMETSAVSY QVFGFAGPGIQKXVDYGDQDF YVFDIIVTTESGDVTVDDYMMME SFCNTFKFKMAPLLGRGKFEELI KLPNDLDSVVQDYNFTVDHAGL VDANKCWKAEAKGEVFTAEGY VLKPCYPSWLHNGNRVAIKCKN SKFSEKKKSDPIKAKVELSEAD NKLVLGILACYVTLNRYNNVISKIG EIGPKDFGKVMGLTVQDILEETS REGITLTOADNPSPSLVKKELVKMV QDVLPAWIELVS	334	ARN ligasa 2 RnlB [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049790.1	0.0 (329/334)	ARN ligasa 2 RnlB	ARN ligasa 4 pfam0941	4e-132	

Figura 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

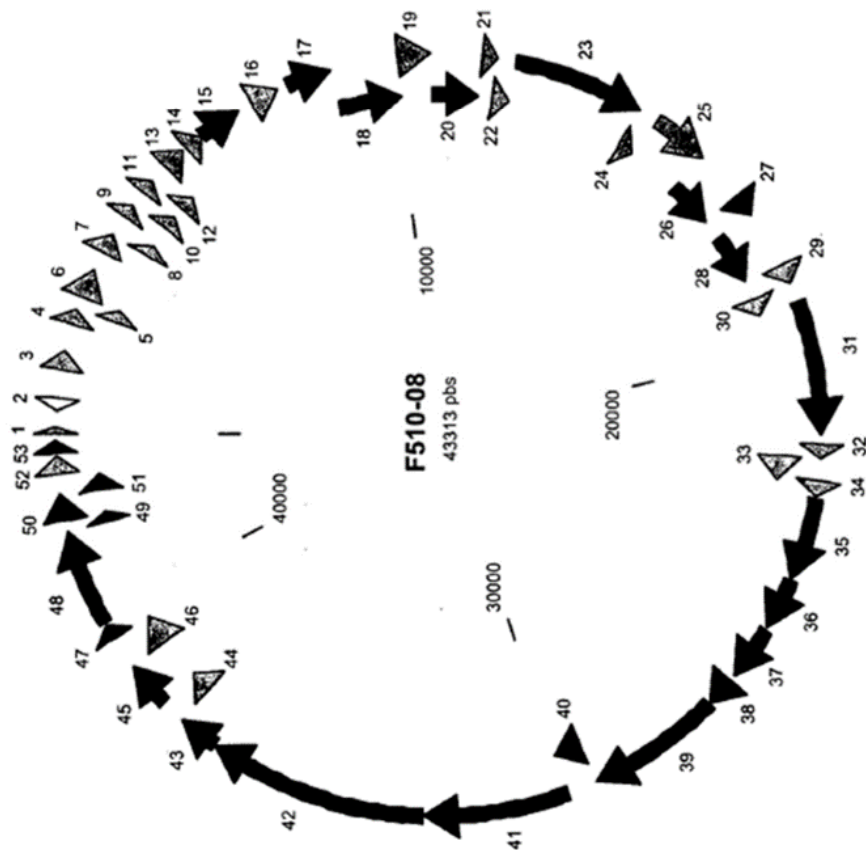


Figura 7

Tabla 7 – Características de los productos del gen fago F510 / 08 y asignación de funciones putativas.												
ORFs	Posición de inicio	Posición de detención	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácido	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/ similares	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Domínios conservados	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 QDAAWORQIATWAAQ DHRHYAPWRKROAS QEYAVALTKEARELER SRHYGQPKG	69	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
3	1175	1528	509	VGSRSEFEFALSSRNNA STGSLETGLTHCQIG RVRSONDGRQLQPSKR GTSRRKGGHKLGG EPQCVRPAGITEGIDTV QDTRYSSHLMATQQ 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	MAHFKAAPKSPFAAQ VAYWRDWEAKRTKLIA QDNVEGRKELRMKD VRYATDPEPAPGRYHN PEQKAFVKGSEKAR NLKGVNAKKSQKGGL	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	MPRVNELTPQRKAQK ARRDKARRIDLAHRMP KGADCPFRKAEQAOA KQPRVDTLTTPRSAGY LAAAAYLNKSI	75	Proteína hipotética PPLUZ19_gp2 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71944.1	3e-35 (75/75)		No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2534	3073	512	MTNAISKTVIAFRGTEEI NRAIDAIRVRGKELDEA IQLTGLSIHHIDQCGDV TVVKALYEAMPKGSRR NALVEWLVLHGKQVQN TDKSNKDLPLFYNKF GKTDLVGATNSPWYSF KPEKALDQEFNLAAL ATIKKQVLQAGTKGKVI VGMELLDLEALAAKA APIAEQSKRAAAH	179	Proteína hipotética PT2_gp04 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17783.1	3e-100 (179/179)		Proteína hipotética	PHA017 82	3e-72

Figura 8A

7	3441	3809	513	MQALNTLLIAIPKDPTA GMHAADKVLCAHGR MGDLNTAHLTPGGFV VVGAGVTNRYDEAY RMSRLDSEGFVLLV QGSPLSGRVTCAQYG WINAEYHKGCANGRP 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	MSSRDYRIGHRVGLV NYSRDYLGADAAAGTK GIIAEITRPSRCMTVYH VRCERTLRUEAEARNV 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	MTLVATVDSAHNLEV DDLTAGNLVAAASPSG NMFFVVGNGHNGRRLP VVLSSDTTRTIGDVISN TGFYSEIAGFSVNLA 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	MVTRTVVVTPEPTPI LSVGR LAPGELYKVA PSSAEGIVLATKQTPA 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 FLPFDLVSPRLPLSDE ALNRTALYTVLWPVTL PTLIATVVMVLMHSAYR 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	MIRTHINVERTPHRL YRHTELASGELYRVVQ PDSKRGTLVVGVAW DSQGRPAVL PVIHDD GDAKVTCAKPTVLRND 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	MTNVNTTITTTAAVL GAKLIKPAATVEDFRN NVVFFHSALTKLTEVY NEAVALQTAERLSSL VAGDVITFDHGKGEKA EVLSGEIVSVAGVYQ 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

Figura 8B

14	5842	6201	520	MSKRNPETHNGTVRSV SVQKLAATQLEDRLE AALAVCQQRAREDIDLL SRRLQAAERARRWEID EIRNHQATIRLLQNDLN AAHDAHEAQERRARK ATIMAWVCLLTAGLAV TLKAGV	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	MCKDLTYNLASGMF NVPCSQVTPEMRRA KSRFAHAYTPKKQAS GGTYTARVSGVTCDG GKVEVRLDNVERVSTF DYAELETRVAASLCOA DAKRAAEYEKLLKAF PSVSPKDGPLSAKDFE LRHDLCSKLVVLRAL RDAGIEMDGPLRSVR KLADRNVMGAELFSL KOELAQLVAVGOKAGL NWDGAETORLLTVAPT KALCRISALTGVRYTH HTVAKAEAEARERAK AEAKDSLQAATFAAIA GGVVGSLMFLLG	269	Proteína hipotética PPLUZ19_gp12 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71954.1	3e-145 (260/269)	ADN polimerasa	ADN_pol_A, familia A de ADN polimerasa dominio polimerasa 5'-3'	cd06444 5e-05
16	7284	7826	522	MSKTSLYPLNLHPGLIQ IRTHVFSIQAPSNAEN WWQWFLWQRYHPL RESLSPAGELSASIAEC VLHLRRNGWQDSDIW RKKGGVLAGAFDLSG LMVGSLVVGGEKAL CVDDRHSRQIGAEVL RAAELAGAEYLTCTFEF 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	

Figura 8C

17	8012	8836	523	MALRRDSWLKQAQSL AVGOAGRFRHVLGCQ SMRGGTNTCKNLP DRWVAYCYSCQGGV VEKTHVRRVQCAQOE RFMPWPEDASDWTQA DCYQSLYGLLLSGIDY NMTPLGLPLYSERQH RLJFTDAGWIGRATAD QNPKWVGYPAPDY HGWPOELSMGRPWVL TEDYLSALKVRWACPE VFAVGLNGTRLRDLA AIMLQQTCKRAFIIDG DRAGVRGSAGVMRRL RSLIEGQVPTPDGFD 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	LDVLTALHSDDRFR TLRSVPEGMGPET CFVIDWIEQYWKVYPA HOKYDPOALRELKLR GGYQPEQLAVLNLVN QLDKPVPDSLQGWVS QLNELDFSGRVDALLA QYNQGEDIDLAYELRR LSDEALRRGGVSTPTD YVTDVDFDLAEQGD HGKLPGLVLPAYMKG LHAGASVLAAPPDAG KTSFMAWIAVHAPQLK RYFDGPRPILWLNNEG KGRRIKPRLYSAALGM TVGEIALLDPEEVRRM YAEKIGGDSSELIRKDF HGGSLAQAEQVIDAMK PSVVFWDMIAHVKGG QRKQNRITDEMEYKV AEVREMAVRHDFISFM TWOISNDGHDQLFPPQ SCLKDSKTAVQGAADV QIHLGRLNGADQQVM RGLSLPKNKFQMDGK PSNVEAMINFEAARCR 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

Figura 8D

19	10063	10683	525	MQAKHSRVLEGTEIP LSGIEPLLSVAGLLLC LYSDATHEEGVALAGG FPRDLMHGATPKDVOV ALYSMTWGRAEHLQK ALPVLNPIFVRDGGWR SDYADGGDGGIFKGV MSLVGCRGLNGMDLD FNYDADSLGRVMESF DFTINQVGIAYNWPDP EGGPRLGAYLHKDVT WGVNKEVGAGSLRPE RCEKMRKAAAYYGWE NV	206	Proteína hipotética PPLUZ19_gp16 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71960.1	7e-111 (198/206)	Proteína hipotética	PHA01806	7e-92
20	10683	11630	526	MSKRDVMDIEKGIWR GVQDNKAVEAIKKN GYVVEPKIDGCRRAVG AHGVVSRSGRRFPALD GLEDRIERLARPLGLDS GLVDCEMYLAGMPFS EATGRMSSKTPLTEEE LECLHFAVFDATHIDL RKARTSHLVYEEERRAM ASSLLAACRLSDTPTFF QVGFTVCRMSDVYR QYKFNREVGEGSME KDPSLVYRNGKVAGCY KRKPGITVDGRINGYV MGKTGKNVGRVVGTR VELEDGSGTVAATGLS EEHIQILLTYAHLNAHID EAMPNYGRIVEVSAME RSANTLRHPSFSFRFD LASNPGVKV	315	ADN ligasa dependiente de ATP [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27538.1	5e-159 (275/315)	ADN ligasa dependiente de ATP	PHA00454	1e-99
21	11627	11911	527	MKIRKSRNRNYPEDMV YHATNRDLSLYKYVM GSVFISQDGTFRICVM AGTWHDVVGSEVLHHA RDIOSLGAGRRKLHRV MRRLRNLOQVGVKV	94	Proteína hipotética PPphikF77_gp20 [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27539.1	1e-46 (91/94)	No se han detectado dominios putativos conservados		
22	11908	12243	528	MRMPTEERTIRCLLA DIHEPLNLLFPGIRYKA ETMPLGWGDSICALVL RVSYEHLTLGRLEYMH EVPILHLSOWGRDGLL QHLMNEIPRRVLDGML ROKQKYSQSNWYSK	111	Proteína hipotética PT2_gp22 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17801.1	4e-56 (109/111)	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 8E

23	12240	14663	529	MTTIRILDLETESVEHK GRKASPFDPRIYVMA GWRDDVDGKVGOKVE HRFRSRAEADPNR WFNLDGVDVIVAHNAM FESNWFTRYRDEYLA FLRRGGRWCTQOAE YLLSHQTWLYPALDEL APKYGGTHKVDGKML WQQGLTSEMDQDL SEYLSGPCGDIENTAL VFYQLMKLOARGMW AGYLERCEALIGFSAM ECAGLKVDLEAVKNIH AKQLEEVAGIEAELKKL MPDFEYFEFKYTSLY HMSAWLYGGEVRYKG RVPYEDGRMEKADFV RFGTAKRGTPUESTSV RVPIHEVTDQGEWHW PTITELATKHGPIVTFSA GKNGSVKVFREDTDI PATKWDDDDQRFRRPG LINLTNLPELVREKFLG KRPEFCALTLADGSP VFSTSGDALKALEKOG FEAAKLLMRLAELHKD NSSFYITHYTYNKDGTIK DTGKMLQYVDDGIIH HSLNTTATATTRLSSS RPNLQQLPSKDEDDPE AGSRVKENFVSREGA DGMIGETDYTALEVM LAALSKDRNLLAKLMA GTDMHLYRLAGKHNN WNGFDYDQLVAIKDOP NHPVHGRMMQARKNI KPKAFSAQYGASAAGI AFNTGCTVEEAQEFLD NEAALPPESIAFRQIVR DSAEATSLVMYKAEDQ MPAGAFSEMGPDGNW ROYRRGFQWQAPGGTC YSFRQQRWDKEQRK TVMDFKOTQIANYYNQ GEAGFMMTVSVGRIFR WMLHRPGFMVTEFLIN NVHDAVYTDCHKDTAA EVNKGVRDIMADAARY MSERLGYDIADVPEPA	807	ADN putativo dirigido a ADN polimerasa [Fago phikMV de Pseudomonas]	NP_8774 58.1	0,0 (806/807)	ADN polimerasa	Familia A de ADN polimerasa, dominio de polimerasa 5'-3'	cd06444	2e-20
----	-------	-------	-----	--	-----	---	-----------------	------------------	-------------------	---	---------	-------

Figura 8F

24	14660	14971	530	VAEMGPNMFNMEVIQ VKELHPLHTPEFVKTL DQTGCLPGVRRGTGR TGIALQAGMALSHPRE TLTFVDHPDGSAAALV ASIEITILATLGYKNVLVR 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 cnservados	
25	15026	16075	531	MTQQLNALQAAALAN KAAETATIDMSETSG GGGRIFPAGTAMGR FCYIELGDHAKFQOK LKNPAPQIRLGFALWG DVNPQAGNPQSRPDD LFHTYEADGSIKPLFR TFEMTLGNNEKSKTKL AFDKMNVSGQHTHFA QMLGOAFIPIKRTKITK GNNAGKERNDIDWGGI MKPYNPVDGSPYNVP ELPMDLLQYFFDAPT KETWDALYIEGTSNG KSKNFLQETIRSATNFP GSALHIMLGGDDLIK PTSQAAGSNLPAPVNV AADAGVAAAPAVPAVP QAAVQTAAPSVPQAVNV AAPVVGTAEGQNVLPD 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	MRLPSEEFAGLSAQF DRSMAGGTLVCDADG PAYVAAATAKTLDAL RRFWKLEEQFLAHC TGTRVHLTAAGGAKAY RDYPTMKPYQGQOK GKAKPALLEPLRRAVA DVHERGGAPGIDVIL HTFFEADDDGMMMDAY AMQDKAIIRSDDKDLR MTIYPWEIDTACVSRI EGGFGYLKEAYTPSGQ FKLKGHRKFFLAQWL GGDTADNIRGIDRFNG KLCGMKTAFDILHPTD EDEAIDMILEAYAKIKQ NPLAEAEVLWMRRTP DNAAQYLLSRDLRPAE	313	Exonucleasa 5'-3' [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71966.1	0,0 (313/313)		Exonucle- asa 5'-3'	cd00008	0,006

Figura 8G

27	17006	17446	533	ROWIELDAYHEALLOK RRESYDE	146	ADN endonucleasa VII putativa [Fago phikF77 de Pseudomonas]	YP_0027 27845.1	8e-81 (144/146)	ADN endonu- cleasa VII	Endonucleasa endonucleasa VI de recombinación	pfam02945	8e-10
28	17443	18489	534	MSKLRKQFTNEYLRNV YVELGLKKGAEHLTEH SRFGEVSRQCFRNWCI KLGFHDSRTTRGMAYK KGAMHWLGRKAAEW RKFPFAGVGNVVGQGP KVLSDIETSPIEGWVW SLWKQNVGLNQIKRD WTLISFCAKWMHSDEV IYMDQGGDPLDDMIHL VALHKLDEADIIVQNG KRFDVPKINARFELNK MPPRPFPKVIDTLIAKQ QFAFTSRKLEYMTHKA CTIKKRLHGKPGFDL WAAACLDQNPFAWEEM RLYNIDVRSMEELYIL MRPWVFGHPNVAVYF NDAEPTIRQPKCGDTD VKQEGVWHTQTKYE HYHCGGCGGWSRGR YTRNTSEQRKALLSN	348	Proteína hipotética PPLUZ19_gp24 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71968.1	0.0 (346/348)	Actividad de endonu- cleasa 3'-5'	DEDDy Exonucleasa, parte de la Superfamilia de exonucleasas similar a DnaQ (o DEED)	cd06126	3e-04
29	18499	18870	535	MSLAFFDSYESTITTEP YRKGASLEERKVGKLP MHLVVEGFLLKRELA RMNQWAAEVKGYLPH DWKMTVGEFKSAQH RHESKRIDGPDDES NLMHLVHEAFNMAAA EVALMDREKNGE	123	Proteína hipotética PPLUZ19_gp25 [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71969.1	2e-66 (123/123)	No se han detectado dominios putativos conservados	No se han detectado dominios putativos conservados		
30	18863	19213	536	MSKICWCTRPHEDEG VRVIAFNERGIGVNY VTAYITPAMVSHRDWS DVILPDILREMAERLER EVKVLRLWFRFRAELSC 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	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 8H

31	19222	21672	537	SLAEAEWGPEIGRVI ERR	816	ARN polimerasa específica de fago putativo [Fago phik77 de Pseudomonas]	YP_0027 27849.1	0.0 (799/816)	ARN polimerasa	ARN polimerasa similar a T3/ T7	PHA00452	<1,0e- 180		
				MDLIQQIAHEEALVG AAQNDARIALEKIAQG SIDRIPRARIMLMPLPI VTEAFHQAQKAAGP AAKLRLHLLRIIDAQOLA VMALRAGLSMLINYPTI TATKYTHMGKILCREI EVRFAKVNOPYDRT LDYLTSTRTSRVRHIQK TMDALLDAVLPEARID LPDGDYLRIGKFIGDPL IQCGLFEPNFTGRGG TSVHLEPSPEAKEFLQ DPSAAMTWGGPGRSV MLAPRPWINDWCDG GYSAKAQKHHVLVRR TKHQTKRQMLRLH LGRDKMPRVYEAVNAL QSVAYEINHVDVEIER VFTSGGGVLGIPQRTY POKPEFPLGDEWAKE NASEQELEAFNRWKR SVHRWYTGEREHTAK LREFAALYRVVREHHG KAVYFPMHVDSDGRM YYWGTNPQGSIDAKA CLRFHEKRALGKRGLY WLKVHVANSILGCDKV YFDDRAAWWDERWDD FORALDEGPENYNLF PEDESPLCAIAGLELR AAYASGNPEGYASGFI VHMDATCSGLQHYSAL LRDEIGGAYVNLPPGL AKADIYSRVLGLVNESL ERDRAEGADGEARGY AILWDKAGLTRSLTKKP CMTLVYGTTFKGVDH CLDYLDSESGVEIEGV PSYRLGSMATLILDAI RETVPFAVAMEWLQ RLARALPDASKDLHWT TPLGMQVFQSYPKTEE VRVRLRAEAVEYVTL EAKDELDPVRNANGIA PNFVHGLDSSHGLGLTA LACAAEGIPQAIHDSM										

Figura 8I

32	21845	22096	538	GTAAADVDRMHVHIRE QFIAMYSGPCVLVELA KQLGIEATPPRRGSIN LEAVRDSWAFFC	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	MATMKTHRPTVMSPT VEGSRGKGRTARVTF TSQIEVLEQTFPEHQ IGPGTTMEDIQFOAGR RDVVRVAVRLRRDAIA VELK	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	MNKSIRWVHAKAGTPS ELQGLCWLAIQEEF TLFRSKDDALNMLDSI EGNDRTELLVFRDQGL AGGACINFEEDPHVGP CVTAQWQYVLPYRN TGVVREFIRELHROAG WGQIPLVCWVSHRES SRYTIHYRRAKPYGQE SKEGAGQDHHRQTR	98	Proteína hipotética PT2_gp34 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17813.1	2e-47 (98/98)				Proteína estructural putativa	PHA01808	8e-14

Figura 8J

35	22822	24354	541	MKTTAAMLWEKLRDG SVESRAIEFAKTTLPYL MVDPMSSGRGVVEHD FOSAGALLVNNLAACL ARSLFPTGIPFFRSELT DAIRREADSRDITTEV TAALARVDRKATORLF QNASLAVLTQVIKLLVT GNALLYRDSAAATVVA WSLSRYAVRRDATGR WMDIVLKQRYKSKDL EEYKQDLMRAGRNLS GSGVDLYTHVQRKK GTAMEYAELEYEIDGV RVGKEGRWPHLCPI VPTWNLAPGEHYGRG HVEDYIGDFAKLSLSE KLGLYELESLEVLNLD EAKGAWDDYQDAEM GDYVPGGAEAVRAYE RGDYNKMAAIQSLQA VVRLNQAFMYGANQ RDAERTAEVRITAE EAENTLGGTYSLLAEN LQSLAYVCLSEVDDA LLQGLTKQHKPAIETG LPALSRSAAVQSMNL SQVIAGLAPIAQLDPRI SLPKMMDTWAAFSVD TSQFYKSADLEAEAE QQRQQAQAQAQOET 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 bacteriófago	pflam12236	5e-103
36	24358	25326	542	MTQPNDDQLPPGLAN LVANVPPAAAPTSPHV QVLNPNVQIQAPVQVP GQVGAQQQLAIPQOQ QVPTSAMTPHYQVVA VPVAGOPVPOAPAC PAPVAPPAAGAVLPEN LEVPPPPAFTPNGEIVG TLAGNLEGDPQLAPSIS YLEAFSDKLDTVRAF KAAENRDPFRIDEHYL KEVLGPAAQAHVINA KGLTYVDAQTKAVLN QTYAAYVGGGAVLKQAA GVFNQHADPATKAIG RLMDSGDAQAMQYAA KOIVAFAGSGGAVVQA TGQPLGAAAPALAAALS	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

Figura 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	MSFLNDLTRPNYAGKN ADVDHLEHGLGVOKH FAYTSKFAPLMNIRDLR GSNVVRLDRLGNVEAK GRRAGEELERSRVN DKWNLTVDTLLYL RHQ FDHQDEWTSQFDMRK EVAELDGOELARKFDQ ACLIQVKAAMADAPVD LEDAFSPGVLEKDLT GLTAKQAAADKIVRMHR RVVETFDRLGDVY SEG LTPMSPRVFSLL EHDKLMNVEYQATGAT NDYVKSRAVAILNGYKV LETFRFATKAIAHPLG RHFNVSAEESERQIAL FLPSKTLTAQVAPVOA KLWEDNEKFSWLDTF QMYNIGARRPOTAGAI ELKGIGAFDITA	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 SQQVPFERLPGLSEQ INNVSDPVSGLRSSG IELMAHLLHTDQWPWR PFLYHTNLGGRSIAMIL VAQHRGELYLFDERDG RLLMGQPLAHDYKAD DYRQLRAATVADDLEIA NLSVKPEADRTDVKGV DPNKAGWLYKAGQYS 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		

Figura 8L

40	29520	30065	546	NPNI AEAPFQTSVGYI AWQLYKFFGAP EYTL PNSTKKYKVPDANA ATAGYLNQGVODGY IAFRGDADIVVEVSTDM GNNYGIASGGMSLNAT ADLPALLPGAGAPGVG VQFMGGAYMATGSTK APYVFEWDSANRRWA ERAAYGTDWLKKMP LALRWIDEATDTYSNE LEYDRRGSGDEDTNPT FNFVTRGITGMTTQ RYLLSQEYVCMASND NPHRWFKKSAALND DDPIELAAQGSLEPYE HAVTFNKDLIVFAKKYQ AVVPGGGIVTPRTAVIS ITTYDLDTRAAPAVTG RSVYFAERALGFML HEMAPSPSTDHYVAE DVTSHIPSYMGP AEYI QAAASSGYLVGTSTA DEMICHQYLWQGNK VONAFHRWTLRHQIIG AYFTGDNLMVLQKQ EIALGRHMLNSLPARE GLQYPKYDYWRRIEAT VGELELTKQHWDLIK DASAVYQLQPVAGAY MERTHLGVKRETNTKY FLDVPEAVVGAVYVVG CEFWSKVEFTPPVLRD HNLGPMTSTRAVLHRY NVNFGWTGEFLWRISD TARPNDQPYDITPLRL FSRQLNAGEPLVDSAV VPLPARVDMATSKFEL SCHSPYDMNVRAVEY NFKSNQTYRRV	181	Proteína de virión interno [It-ago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71980.1	2e-97 (181/181)	Proteína de virión interno	Proteína A de virión interno putativa	PHA01547	2e-66
----	-------	-------	-----	--	-----	--	--------------------	--------------------	----------------------------------	--	----------	-------

Figura 8M

41	30065	32761	547	GLMSAGSLYASQYFKF GATPKGGN	898	Proteína de virión interno [1-ago 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 QTQLQPGSQSARRQVR DSEVNSGPSVGSQIL DGILGAGQIQIAGKWF HNVQOEVLRLGERARM AGEAEAVDSNVIAKP FVKGGRKQDYRIAQ ADFSKIMQRFIAKGR EMTPEEFKRLSQEAT HVLDSIEGMNPNDAL QALAQQQKAEQQLFG MQAKAYMDWSIDQAA RGFRTQGSILAKAVQ AQATGDELSRLSLEE AGLFYTNMTSEDIPL VRDKVGMQFLAASLD MNRGIYEGLRDAGFL DSMSFDRRALNGLYE KSKAQTRAKESMATLR ADAOFQQRVANGAITD LAEVEAYSRSRMVEEG RWSDAQAISFMTKAMT GLGNAQRMQGIMAAL EAGDINALHTLGTNVT ALEQWDKMQAANGSS LTDRLVQGTQLGLRLG TFPKTYGESVGSVVRM IQAAKEGEANPELVNLT NSIFEQVASAQEINPSA GNVMLSGIPEAEQGA AWALKOMKMGIAPAQ ALREFSANAENVKQMD EFEKGONTKAFKONLG KVNDKFVNIFGRAW NMLTGESDLSNNEAVL SMYRRATIDEANWLAS DRKHAGLLTSDTGREA LLEIAAANVRNRTIQVG EGRNLKEGDLFSRRDS APLILPRGTGTAELFGT NDTETIGTYLAEQHKP HVEGLLGYKSVVAF DRTGSLLAVEYDENG VALDRTRVDPOAVGNE VLKRNDKLNAMRGAE YGANVKVSGTDIRMNG GNSAGNMLKDDVFNWR												

Figura 8N

42	32765	36778	548	<p>KELAQFEAYRGEAYKD ADGYSVGLGHLGSG NAGAGTTVTPEQAAQ WFAEDTRALDQGV LADELGVNNAISILGLA GMAFQMGEGRARQFR NTFQAIKDRNKEAFEA GVRNSKWYTQTPNRA EAFIKRMAPHFDTPSQI GVDWYSAATAE</p>	1337	Proteína de virión interno [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71982.1	0,0 (1327/1337)	Proteína de virión interno	PHA02006	<1,0e- 180
				<p>MAKQFKGRMTPKYPL DQVLDEAQVGGQLD AVPTVGFEDALTGGEIG ERNVAAGQRANAREL ERIVADQELPALDRAS ALWNGSTLVGRWYDA LQLDADLAANSTGEVD PNFDAGTYGVQALQAA GIQPTDNYLQIMARAG NAEDAAVLLSRQRYE QDEQIVRDNPNYWNFAV GMLDPAALAVDAVTFG AGRALRLGRAGMAAA GGAGQGVYVAGLDA GADVDAAGTYVAGALG AGVGALLGSGAGRIAA EAPTOPHYPEVSAPT GLPEVAMTAEAAARG FKAGDVWLLDEGTVL SRVSARVEQAEIPAIR ROTAFGOELHSLSGRK LSEVLDHIKTHAEVPPK LOGIAAKVADTIRTEG LGQRTAFRWQGGDT ASSAFLKPGTAGIHST OGLDTLVQVRGSTAPG RVGTNPVTVLHEAVHA ATVGVNMAALRNPGA MSPKVAQAMQTLLENV RGNVLNALKQDRAAG ROLSEFEETLLAGNSN TLNVKELVAVGLTDT RFQRTLNRLRYSDGGP GLWSRFVEGIRTLGL RSDADTALSRYLAASE TIMEAMPGYTKAQAKW ANKGAPVTEEASLETIV RSTRERAREGAGFVN RFFSEADLLAQPGEGA BRI L SRI IDDPVRRDG</p>							

Figura 80

43	36780	37535	549	<p>FSTNDNAASYLRRYRN EFGYVKSDEMMAK AMAEQGVGLTARALNS RRAMAVRDQLNEQVT RELLRRDREWTA YGS VRVDPNLPPTIKALADR SDEIHGLMGORAREAG VRGFENFAPRPGYFHR SWNWSKMAQMDAAA PGLARRAISEAVFRGIP GLERADADTIAQAVQR ARDRATGIRSEFMGAM GVADTAFIROALEEAN VSOAKFDSIMAKIEOK QSDQGTVKYKGRLS LDMTAEINHNGTVYRV QDLIDRLDLRLMENYA GSMGSRALRAGMMP GDSEIEAFIREYQREAA HLGTDKVQELTGQLRG VFGDFTGNVPREHQL GPVAQRASGLTSATML GFGSVYQLAELATMAH RQGVFNWMAKMLNSR LGDFVGAMRRDPDLA DEMOTVLGLNLANDIR MKPWKRQFDTFLVSQ DTFMDRFLHAGKQAVP VLNGMKFIHWWQSRM NANLTLNKVARAAQGD EAALRVLCQYKQDQD WTPVLARVGYVYTR GRNARSNNWGAWSQ ADVNTVMNTALRIMDD SLLYGRVGNQSGFARS PVGQILGQFRSFVAF HNKLLRGTYENSGVLG VASLLAFQYPLTALMM GAKAANGKFDTSDEGI RKMAIDGIGYTAGLGFT ADMWGVITGHSRMSA PVFGIAEHSNEVFRGV KDLVTGDDPAAATGDI VNGAAGALPFVNVFPA TKLLLESKGE</p>	251	Proteína de fibra de cola [Fago phikMV de Pseudomonas]	NP_8774 77.1	9e-144 (248/251)	Proteína de fibra de cola	Proteína de fibra de cola de fago	plam03906	4e-05
				<p>VARFKNPETHVADGV EAVFSLDFPFLRREDV FVQVDKILVTDTYTWVD DTNQLAVWPKKQDEV RIFRDTPAQVPTDTQFS</p>								

Figura 8p

44	37535	37975	550	<p>QGIFLPRIYDANKQL LYAVQEGINTANLALD GVLDARIAEEARRLAQ EALDAANEALRRALGF AEIRTVTEDSDIDPSWR GYWNRGITSEQSLLIT MQMEDPDEPWIEFSE VHFEQAGIRDLNIVAGP GVTLRLQNTLMQLYG ENGVCITLKRLLGNHMI IFGAMEDD</p>	146	<p>Proteína hipotética phikMVp39 [Fago phikMV de Pseudomonas]</p>	NP_8774 78.1	3e-76 (142/146)	No se han detectado dominios putativos conservados
45	37965	38843	551	<p>MYHSITIRGEFLEIVR PDGTVRQHLHFKNLIT DLALEAMSSKGVPSGG WTNMFAGTGNRTVPV ADVSLVAPVANASASL NYGNRAVNDSTTGEK VHTGTGTFRAGSFQ QSLAEVGIGRVSELY SRSLKDANGDPTTITV LVDEELRVTYTLRIAPP ASSEVKITMKGIEYTL MRDRRTFRQLSPEPAA EFGTSGLSWSAISAP DSNGQTKTANLSGDA GTGIIQVPAQSAQIMRI QPADANWTEGIIQYLR WETPAGRELEIKLDPP LVKNSLERVDITVTTHIF NRV</p>	292	<p>Proteína de fibra de cola putativa [Fago PT2 de Pseudomonas]</p>	YP_0021 17825.1	4e-164 (284/292)	No se han detectado dominios putativos conservados
46	38840	39430	552	<p>MIQFKFGDYRTRVPFQ GARDRRDINDRSDYVD GGAIAQDPSQGLLYQE WHAELLEGLYLTPEK ERVITTRIGPINEGVAS MAVTFDQNMNLYLVYT KQEGGIDFFDSATEE RNVNMLGPVDYIKTDL DDRRPGSAWAQVLY CYTROGNEYVIRASSTR</p>	196	<p>Proteína hipotética phikMVp41 [Fago phikMV de Pseudomonas]</p>	NP_8774 80.1	1e-70 (129/130)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 8Q

47	39430	39735	553	FTTEELIVGTGKYTRPI VKCGMAANWRFQVLF RGRM	101	Subunidad pequeña de terminasa [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71987.1	2e-53 (101/101)	Subuni- dad pequeña de termina- sa.	Proteína hipotética	PHA02046	9e-36
48	39745	41550	554	MTPQERFQIAHEVRDM YPRFRDFCLDAMFLG FKMTVMQLDIADFMQ DSPNKAMVAARGEAE KSTIACIYVWCITONP ATRAMLVSGSGDKAE NGOLITKLIMHWLLAY LRPEARMGORTSATSF DYNWALKGVEKSASIN CIGITAAALQGYRADILIP DDIETTKNGLTATERAK LTRQSOEFTSICHTGKI LYLGTPOQSRESIYNGLP ARGFLMRIWPGRFPTL DEQERYGDWLAPSLA RIARLEEKGNPRTGK GLDGTGWAADPQRY NEEDLLDKELDQPEG FOLQYMLDTSLADEQR MQLKRLDIFIDATHES VPEQVANAADERFKLK FDAHRFPVKEPELYLPA LMAGGWAPLOQMTMF VDPAGDGGDELSYAV GGTLGPYIHVVSIGGW KGGFAEENLEKICALAA RYGVKVYVEKNLGGAG AVGQLFRNHMRSDPD TNKPRYEGIGVEDROK SGOKERRIIDTLRPIMQ RHRLIFHVSAMDSOHV ACQYYPADKRNERSV FHOIHNTTDRGSLPKD 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	MMLDTEAGKGTAV	66	Holína	YP_0016	2e-29	Holína	No se han detectado dominios		

Figura 8R

				[Fago LUZ19 de Pseudomonas]	71989.1	(66/66)	putativos conservados					
				Endolisina [Fago LUZ de Pseudomonas]	YP_0016 71990.1	2e-89 (159/160)	endolisina	Endolisina_ autolisina	cd00737	5e-34		
50	41744	42226	556	160	TGVGIAYVSPYEIASLC AAVLTALVYGAQLITLL PKMLDSIAELRRFRKK VNKLPGAALAAALAG LVALESETTAYRDIAG VPTICSGTTAGVKMGD KATPEQCYQMTLKDY QRFERIVDAIKVPLNV NEOTALFFCYNVGPV CTTSTAFKRFNQGRAT EGCOALAMWNKVTIN GOKVSKGLVNRRA EIKQCLEPSSQYSLL W	109	Proteína Rz [Fago LUZ19 de Pseudomonas]	YP_0016 71991.1	2e-55 (108/109)	proteína similar a lambda Rz1	PHA020 47	3e-32
51	42184	42513	557	104	MPRTIVAILVAVWALG ASYGFVQSYRALGIAQ EEIKRQTARAEALEVR YATLQRHVKEVAARTN TORQEVDRALDQNRP WADRPVPAAVVDSL NRPGARCAVRTPTD	104	Proteína hipotética PT2_gp53 [Fago PT2 de Pseudomonas]	YP_0021 17832.1	2e-52 (104/104)	No se han detectado dominios putativos conservados		
52	42603	42917	558	81	MATFAAATQKDLRAFA GAENLRPLEEAALGS GTFEVITTKGTGDNET 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	I	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 8S

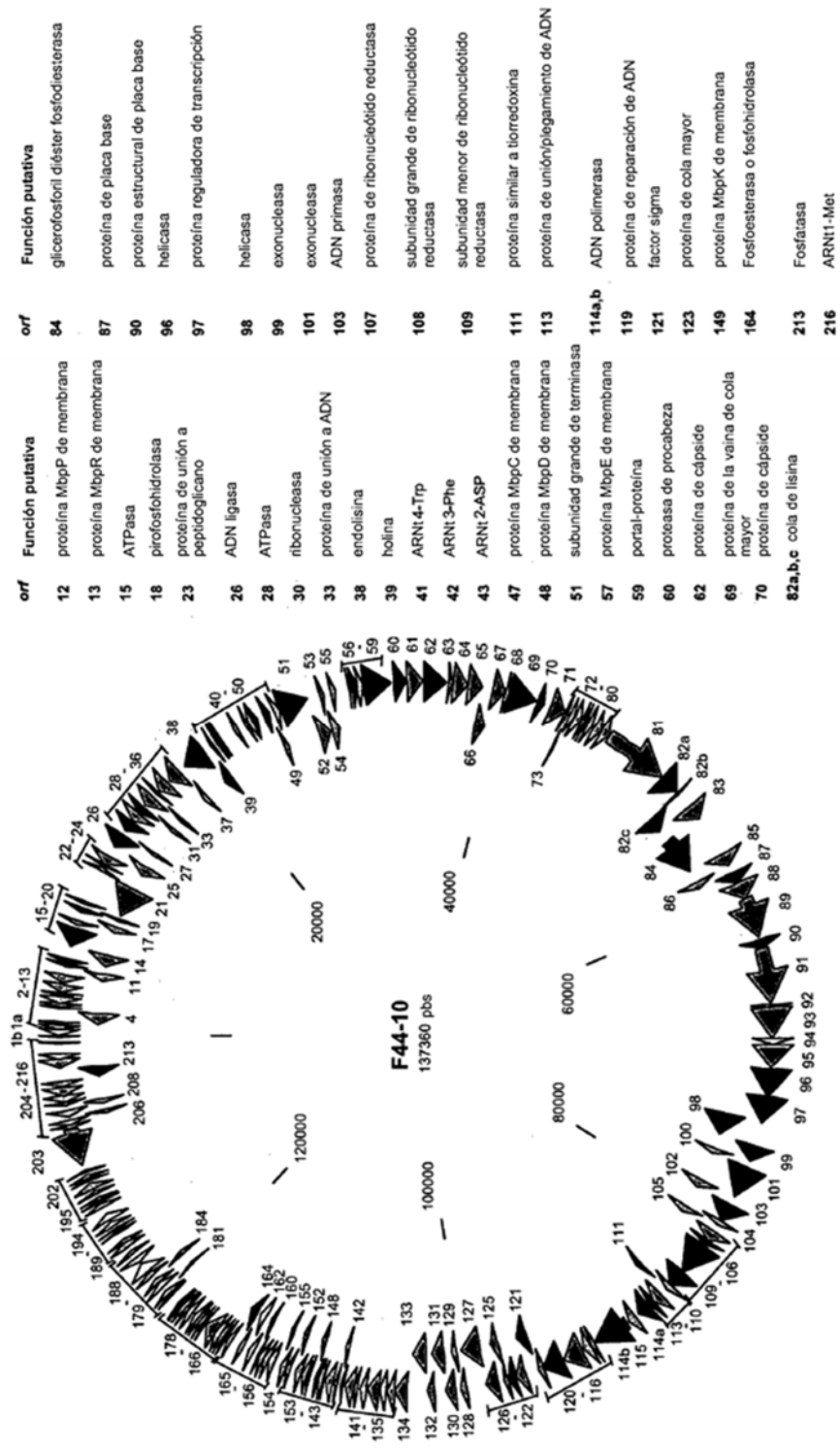


Figura 9

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)	Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Dominios conservados		
1a	467	1	561	MKKYILEEEIEEMDYDLWEEDT VYTTSYEVVLGYTDSLEDAEYIK NNYGTSPINFEYPLTKDKLI EEQRYRYNSAIELKRVGDYFE VYENDLNVTECFSSINKDDISFD CPFSIDMFSSDRNSIFEFNMY SEYDNKKDTIEKEKNISFLMK	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	MKKIINFVLYNINFSYSEDSLN VMGNSTYLVKDHGTQDYELIGNY GHITGVFSYQTEEEVIAKLKNI 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	MRDKRIHSELLYNICKHQEEE NITPYIEATYVDIMNIIVVEYTFYN ENGTRMLGGYPGEVM	64	ORF218 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241059.1	7e-28 (62/64)		No se han detectado dominios putativos conservados		
4	1611	874	564	MNLEKSFLLSTIEFGSTYQGT DEYSDKDYMSLVVQPLSDTIFR NSEKASKHTEVSRYAYVERFIS LVLSGDFNVLNLCAOLEQAKN TRFNKTVLDLFDYDFFELTYVRA NFKPIAYSIVGINNLIKKEELAG KOLVKFYTFYNHLEYNDLLDO LDNLNVSYKDFAKYKYNPKVEL DNKRSNVSIENKKDLVTKVEPLI QEVKDKLKSNEKNIHYKQAM 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	MKYILGLITLGVILFKIYEYFYIQ DEVDTEDI	34	ORF437 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241061.1	9e-08 (29/34)		No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2027	1800	566	MDFYOFLNHENVRVNSITPSQ KNFIRENDYTNLDTVDDFMNS KQAKKEIKIIRTKNEEYDMA 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	MFGKAPHEIMEIDKEDNILGED LTLNIDYKGINLTKRPHPSGHL NGYINVPNTITKEQFNSEDSSH GGITYDEHEGDIRVLFQFCAH YSDMTPYAVISFSDSYRDLKY VLNLTQDMAOCLKEGE	128	gp ORF021 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89012.1	4e-39 (79/130)		No se han detectado dominios putativos conservados		
8	2685	2512	568	MEKNHFEFLAELAKSNPVLNS	57	ORF245	YP_241064.1	3e-26		No se han detectado dominios		

Figura 10A

					[Fago G1 de Staphylococcus]			(55/57)		putativos conservados
9	3208	2726	569		KPLQDGYNIEFDYDGFHFEFS OKNGYWCWKYNK	160	Proteína hipotética KgORF11 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024442.1	56-78 (144/160)	PHA0224, Proteína hipotética PHA022 43 5.15e- 24
10	3800	3258	570		MDRIIGKHNLTDDLRLGDKVEV YDAHKFKENEDGTIELGDKVTE GIVVDYKDGFTGNTSGLVTLS SEELIIGHNFKLIEEGNLQAV YDSVSKNKVESLSESDYMYRK LLGVKSGELESDISYELERLMEY NKKVDNYNGLLTLSEKARELS LLTGDRKMIHPHMKNRLELGE 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		MYDSISIRTMASVILNKNWIAELI TDVLDKCKFTEEEYKGVATN SINKIOVLIEKNYEYTDGELYDI VCTELINPKNTEEEKHNEKN DLLEHLEDAFRHDIIDLYVSD GSYNLTVTHWLMQDEFTDNI KVNKDEDFYITITIPESKYFWLPI TKENLEMLTQDPINKGEIE	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		MKNLIKFLSMVVVTLTFLSYVI LKKETNNKRGVAPDFDSELD HIHLNKEIK	54	Proteína MbpP de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89017.1	5e-20 (50/54)	No se han detectado dominios putativos conservados
13	4781	4503	573		MYNNWAVVLSIILLILLILWFLF RKKNVGGSSKNVEIQEAEGN DNKEQVEEAQYKREKNEKEE KNENSSKOYKYDYKVKVKNKLK ELE	92	Proteína MbpR de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89018.1	5e-24 (89/92)	No se han detectado dominios putativos conservados
14	5626	4781	574		MGRRLIDNSELNVKYDGLPDF FSALKNNRVSGRENSSTGYSY DFTGTHSFOEAYNLNVKGDRE SYDMVVKLKKMTDALFRMDKS VKRPVWAPEGYQPVVPAIK GLPNSMMSSQORVKAEEKVIDV FYNSSISWMPEDPENLAYRGAIM LSAIQITLETGYSINLYLGLSN SEYENKLTGFVWNIKHYSORLN VEKSSXYLWRSFELPSEEDVLE	281	Proteína hipotética KgORF14 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024445.1	5e-160 (277/281)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10B

15	6756	5638	575	VEPDMVDLTNHGYGSWSKSS YGNKLTENHLDNAVIFDSSIGIDI NNDSSSENLRVAKKLFGGRL	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	MAQQTIERLERLVEQQMETT ADLAKLGEKNSNPYEQAVDA IVEKAGTESREIITDVKKQIEEY VEEQLSNLPVKIELQOEGKTIK DISGIFHYRYQDILKLVNQNPV FLKGAGSGKNHVLQVAAEAL DLDFYFSAITQEFKLTGFIDAN GKFHETQFYKAFKGGGLFDE MDASIEVLLILNSAIAKIFYDF PIGRVTAHEDFRVVSAGNTMG TGADHIYVGRQQLDGATLDRF AQVEFDYDTKVEHQLSSNEDL VNFVQQLRHENDEKGLPVVFS MRAINGSKLDGVMEDEFVYES IIFKSPKDEINQFISSLPEGNRY TEATRKLGMQEQEPKQEPKRS NSTSKDSMDFTIMDKLGL	108	ORF134 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241072.1	3e-55 (105/108)		No se han detectado dominios putativos conservados		
17	7642	7226	577	VSKRTDNFVFCYFSEYLPSS LGVEVLNHNESHGTMGEVRK YYIANILYEGQELTVTIDLEFN NATSMHNMLEIMNSHTYNCMF MYDMDTHGTKDIDDFKLMYF MNAKEFMKTOAQVEDYLDKLL VTIIEALSVSKEWSNDSNDLG YALSSLGESIGLLEYYNIQVDA HLPEHYKSGKDVISFLEEHSY DGFVDSMIFNIVKYTTRLGRKD AVDKVEVQIKITYYVRLERNIKY 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	MEKVELIKQWAKORNLTQTKGP EGOMLKLLEEAGELASGIAKSN DHVTRDSVGDFVLTCLQL DIDIECIDMAYDEIKERKGLIN GVFVKEEDLKK	100	Proteína hipotética KgORF17 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024448.1	2e-49 (99/100)	Pirófosfo- hidrolasa	MazG	pfam03 819	4.19e- 03
19	8265	8077	579	MEKFQEDYVNDIRKAYVRVG YRYEEDITNHLHELVEDNLNVT SDSDNLIIKOTEIKGDIE	62	ORF228 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241075.1	2e-26 (62/62)		No se han detectado dominios; putativos conservados		
20	8470	8309	580	MYKPVITLEPEDVKVLLDYLSFL EDDMRNYEGMRELYEELHKY 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	MAITYKQKGLTEQEINLPKVNK GCYIGEDVFLKKKNNINLG	682	Proteína hipotética KgORF18	YP_024449.1	0.0 (639/682)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 10C

22	10596	10859	582	SKELFRDIIHNFSDTATEIHLFL ALCGNKEVTNFEQDPYETVEK LVEGVGNKGRNYKEYEADR GERKDFPL YGSRRRKQIQSKG YVEEKIKELNENRLWGYEAR QLDEYKEAVDSLNDIMDIVLD QGYVLINSSIIVMNEDIEKGSS EYKEMSDSLYSRWYTHPST ENNSFGLKVRHDKHNMGN KWLENKSSFDVKTGAVKVL TDSL VNKELALNL YKODISKSEY KNEL TSVLL NVILKNYSQPNLN RGIHIEQTL EHNFDSSWCP DNIDVYGHINRGDKYRIFIGEN STSNYLITL TDVKNIDKINLEE FGLFERNALL FHPKNPKWKVH EAFNLTKQTYKLL TLNKFEQG NYLRFANTLYKNYNHLNEVNL HQLFDDTFLMVRDSRDVTNAL KVKPVMNEILSISFANYKKMTHY LDVDAODRQRITGYALDNYLD YLHLSILIREGYRTLESVNLTP FSLKLEHDIVTDEKQSIQOQLD DAELKAKYDNKLEIKIDKTYLK DGRKVKFLPADTVSKLDEGK MLSHCVGGYANRLKNSCLLL ARLEEDLNSWFTVEIRITDNG YVLGQOQSIDAYKLPNELKEAL EKDIKKINKEEFKEVA	87	gp ORF038 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89029.1	8e-41 (85/87)				No se han detectado dominios putativos conservados
23	11049	10876	583	MSIEKKEEIAHNEVFRSLTQG LYVKEVDIYSDVWSYTKOVDEA LAMPNTINFKNSRKYEKLIRNLD LEPLNKIOKVITYETHLEEL	57	gp ORF039 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89030.1	9e-24 (56/57)	Proteína de unión a pop- itidoglicano	LysM	pfam01 476	5.26e- 06
24	11634	11056	584	LNDLKEGNKYHYKVRAGETLW TISKNYDVEIKKLOELNNIKSVS LTNLEYVLVCVE	192	gp ORF040 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89031.1	13-93 (183/192)		PHA02246, Proteína hipotética	PHA022 46	6.35e- 42
25	12250	11627	585	MDNLSHYLSILYAILVTGYIPG LIALVKSDSVKGVSSYFWYLVA TVGISFYNLLTDAFMQWVS GLNLTGIVCLLVASYRKQDYF SIPFIVFSLLLFLSDFTALTQTV ATITILAYVTQTITFYTKSAEG TNRFLJLIGLGLASLVSMVLTH TVYHIATEFVNFVILICYLOAN YYSRR	207	Proteína hipotética KgORF20	YP_024451.1	6e-92				No se han detectado dominios

Figura 10D

26	13139	12243	586	HKKSINDKANAEQTKLAERILT NDFKAMQESDIFVDFVLNEGLG TIAELGILLGMKHAQETIKOLK ESELKFNEIDELSETYDILQD QIGQEYILKPVLYCSDIRQG HGKPYNDPRAEFSTNQFYVG MVLELTNGEGFISWEEVNRLE KLGEQDQD	298	[Fago K de Staphylococcus]	YP_024452.1	5e-169 (296/298)	ADN ligasa ADN ligasa dependiente de ATP	COG14 23	9,05e- 03	putativos conservados	
27	13363	13139	587	MKSYTKVKNNKGVLDKFKERGL VVOEKLKDGNSASFTVENGELV CFSSRRKLLNETLNGFYDWV HENINVRNTYVSALFKYIFGEW LVKHKIQYKEEFYNNFYFDVY DKENEVYLSIEDMNVIAHLGL KTVKTLVAKPSHYLNDLPKEEI QELVGKSDMTVPKDGEGEVK YLDGKSEYDDYFKLVSNFKEF SRQMKTEVKKNESVADYATR ARMEKMFRAIEEDRLSEDDLE LENFGLIMKQVQGNFVDDIMEE EKENILKIVDKQIKKKMPHILREI LEEKGDITDG	74	No se encontró una similitud significativa.	YP_024453.1	8e-144 (245/246)	ATP-asa	Proteína similar a PhoH	pfam02 562	1,46e- 21	No se han detectado dominios putativos conservados
28	14172	13432	588	MAIQLKELDFKLKQYNNVRYNM GEHLIFNEELKATTEQLDFCE DFNDNVEILWNESQAGTGKT MCSVACAYADYLNKRNKLVFI SPVSEDLGSRPGNQTEKEMAY FMGLHDALIELNMNPEQITEM LMMEDNVKEDKLGDCWVSQIS HLFLRGGNLRDATTIINEAQNFK RSELKKVLTTRVHTKNSTVVEG NFKQIDLKNEKSGFGDYMEY FKNYEGAVFHNFTVNFRSKLA QYADNFKW	246	Proteína relacionada a PhoH putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024454.1	3e-113 (204/204)		PHA02248, proteína hipotética	PHA022 48	9,28e- 98	
29	14838	14224	589	MKINSVIKGEKKVQIADVRK ISYVYKDYNPCMTYDDANDYN ATSQYLVSDNGKFIKYNKDM NAVGFYEEGSDTVKHLTHHTP ERLEGTFTIEEETEDLINDTLP QGDLIKFSDGSYLPDNEVSLD SVNYLAONDWDSVDIIYTGLS KGNSENCVDFNYYNYDGYDD VEDEDVCDNYPECECSNYCSS	204	Proteína hipotética KgORF23 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024454.1						

Figura 10E

30	15279	14854	590	TGEYIGN MQDSVNIYTDGSSSYNKGKVG SGAVLVSEKGNISEISKVDKP GLIKYNNVAGEILACCYGIEEI KLGYNQAIYIDYGLJHWEYGT WSARNILSKTYINMIREYQKVID INFVKYKSHSNDKWNIDYADNL AKKSIDL	141 [Fago K de Staphylococcus]	Ribonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024455.1	5e-74 (141/141)	Ribonucleasa	Rnasah	cd06222	4.11e-18
31	15460	15269	591	MKGGVFTVIADGKFNVIAKDK KEVQEHCFKCFDNYISVSFCR EVYSDCEFPQFMEDYKAG	63 [Fago G1 de Staphylococcus]	ORF222 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241086.1	1e-28 (63/63)				No se han detectado dominios putativos conservados
32	16124	15483	592	MENNILVNFLMITDDIDDIEM VDSFELQDINKVLGEDTFLTIME ITDSLQDQYKIVLSSLDKLN TDRKELVEYDEEPTIRKHNVS ELKRDYNSVIDSYMNTNIELY TEYPTISNYSVVVDVSKVLNLT YLIESKNGKIEATLSEDEGLHE YISEEGYSVTDLNKFDDVEDLF DEDDSLINFFSDIDEKKNKTIKS FIELVINLK	213 [Fago K de Staphylococcus]	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	MDEKKESKPLNLOKIRVEKGT LRSLASEIGVHYSLISYWEYCK KKPRSANLMRLKALNTPGKEL FKELEDDGE	76 [Fago G1 de Staphylococcus]	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	MNFKRWFRINVLKKTLLFKV YWRYESPSLKKPHVFHIELYAK SKAEARNKSOEYILKNKASED FKFLKVEEK	75 [Fago G1 de Staphylococcus]	ORF190 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241089.1	6e-34 (74/75)				No se han detectado dominios putativos conservados
35	17375	16683	595	MKKTIFATLALGTATFGGIATN EASADEIDYNKLAEOAKNSAE VNTKPIQEGNYDFSQDGEFTY HFYNYNGNFGYEHSGSTQVD NTVSRAGEEQTPKQVDDQQQ AQFDTONKQDQTKKEVQITTSAP VOKETKQPTQSTSGTGSVAE QIROAGGDEAMIEIAMRESTMN PNVAVASSGAQGLFQGLGKS WSGGSIAEQTKGAKQYMDRY GSTGALAYHNAHNSY	230 [Fago K de Staphylococcus]	Proteína hipotética KgORF26 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024457.1	1e-130 (229/230)		Transglucosilasa lítica LT_GEWL y dominio de lisozima blanca de huevo de ganso	cd00254	4.34e-03

Figura 10F

36	18367	17573	596	MRKSVVISGVLGFLAIGFIILL CITKIPQGHVGVVSVNGVKED TKSPGWHLTAPFDKVNKYPTK TQTHKYKDLNVAITSDGNLDM DIDSVYKYVDATKAVDLNFRGS ADIEELEKGYLRSRVQDNVRQ AVSKYSVIDAFGVKTGEIKDIL DSLNDNLEKQGFVEDIALSSPK ADKNTQKAIDSRVKAQDELERT KYDKQIAEQNAKKKEVEANGD KKANEIRESSLSDKILRQQLIEK WDGKQIQIGGGDTVDVTGK	264	Proteína hipotética KgORF28 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024459.1	2e-133 (229/261)		Proteínas si- milares al do- minio de ban- da 7 de flot- ilina (reggie)	pfam01 145	5.79e- 24
37	18675	18367	597	MALLTYFAIFVLVLVGFISY LFDLSMEKKSNIRKQYREL RQGLDEYGLEQYKYKQFL NDRRSIVTRADKQKQIDQEEKA LNSLIKEKGEIM	102	Proteína hipotética KgORF29 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024460.1	1e-50 (102/102)		No se han detectado dominios putativos conservados	COG03 30	1.86e- 13
38	20276	18789	598	MAKTAQAEINKRLDAYAKGTVD PYRVKATSYDPSFGVMEAGAI DADGYHAQCQDLITDYVLWL TDNKVRTWGNADQIKQSYGT GFKIHENKPTVPKGVIAVFT SGSYEQWGHGIVYDGGNTST FTILEQWNGYANKPKTKRVD NYYGLTHFIEIPVAKGTVVKET AKKSASKTPAPKKATLVKSKN HINYTMDKRGKKPEGMVIHND AGRSSGOQYENSLANAGYARY ANGIAHYGSEGVWEAIDAK NQIAWHTGGDTGANGSNFRFA GIEVCQSMSASDAQFLKNEQA VFQFTAEEKWGLTPNRKTV RLHMEFVPTACPHRSIMVLHTG FNPVTQGRPSOAMINKLKOYFI KOIKNYSNGTSSSTVVKDGK TSSASTPATRPVTVGSWKKNOF GTWYKPESTATVNGNQPVTRI GSPFLNAPVGGNLPAGATVYD EVCIAQAGHIWIGYINAYNGRYY CPVRTCQGVPPNQIPGVAVGV FK	495	Lisina putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024461.1	0.0 (491/495)	Endolisina	CHAP SH3_5, dominio SH3 bacteriano	pfam05 257 pfam08 460	1.22e- 15 2.54e- 14
39	20779	20276	599	MANETKQPKVVGGINLSTRKTS KTFWVAISAVAFANQITGAFG LDYSAQIEQGVNIVGSILTLGAG LGIIVDNNTKGLRSDIVQTDYV KPRDSKOPNEFVQVQTNANN ASTFEIDSYENNAEPDIDQSDSE	167	Holina putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024463.1	5e-89 (162/167)	Holina	Holina 1 de fago	COG56 32 pfam04 531	7.60e- 05 3.49e- 25

Figura 10G

40	21049	20864	600	VPAIEDEIDGGSAPSQDEEDTE EHGKVFEEVEVK	61	ORF233 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241098.1	9e-26 (61/61)			No se han detectado dominios putativos conservados	
41	21282	21211	601	MASAKQLYYTESLVGKAIINNK VSNKEEWDKLELLPETKLEDL DNKQSEVKKLNOINE					ARN14-Trp			
42	21361	21289	602	ACACCCUUAUAUUAUUAUAGU AGUACAAGGUCUCCAAAC CCUAGUCUUUGUGCAAUC AAAGAGGGUGUG					ARN13-Phe			
43	21441	21368	603	GGUUCUUAAGCUCAGAUUGGU AGAGCACUAGAUUAGAGCUC UAGGUGUUAUUGUUAUUAU CCAAUAGAAACCA					ARN12-ASP			
44	22812	22594	604	MRQKMFYSSLLCKECCGNVFK VPRKRANKREEGHKIDYCKIC CKTTKHIEDNRSEARRWDALQ 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 YTESAITSQVYINPNRIESFKIV 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	LKKEINLVSOVETIKSKIQEGN YIDRGTFKDLVEVAELRKMI SIDKQVAVNSEKQSAIYVQLER LDEKISELAGSTKTOTKKKOT TEKVLVLLVLAISFVFNKFA	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 RYFHVYRIDRVLINGSIYFDY YLPSPDPNIVIKELDLQSGKLR FEIDTKTSYGKVTNYMEIND 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	LNNIAIFFKTLVIFLLILSVIN SLSLIYSIRPSVMYTFIFGGIVS NVALTVTDKLLKKEDPLPEYV LKVEINDKEIRIKKIESNYGIT AEEIKYRAKAQRRIEEDSKED YDENKERN	128	Proteína MbpD de membrana hipotética [Fago AW5 de Staphylococcus]	ACB89048.1	4e-48 (125/128)	Proteína MbpD de membrana		No se han detectado dominios putativos conservados	
49	24987	25265	609	MKTKEIKEQRKELKDGATSVS LVKKGDKRIASPSRISLGGQ LSGMNYTKGKALSKVNHFLQ	92	ORF161 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241104.1	5e-47(92/92)			No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 10H

50	25262	25672	610	YSKYIYFDICADINNCYKRLRKR GEMD	136	ORF133 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241105.1	2e-71 (135/136)		No se han detectado dominios: putativos conservados			
51	25687	27504	611	MDGKELIKIAQETFTQTEKITREQ IDHINMLNPSTYMLKYHTLRGH PITFSIPNRDRSKAQAHPRWQT RIVNDTHPNKAVIKSRQLGLSE MGVMEVHFADMHSYANAKC LYTFPTNEQMKFVQSRNLNPLV EKEYFRDIVDWDKSLGFKKIR NSSLFFRTSSKASTVEGVDDIDY LSLDEYDRVNLLAESSALEMS SSPFKIVRRWSTPSVPGMGHKK LYQQSDQWYYGHRCHQCDYL NEMSYNDYNDNLEESGNMLC VNPFGVDEQAKTVQNGSYQFV CQKCGKPLDRWYNGEWHCKY PERTGKNGKVG/YGLITQMNAY WISADELKEKEMNTESKQAFY NYILGYPFEDVKLRVNEEDVYG NKSPIAETQLMKRDYSHIAIGI DWGNTHWTV/HGMLPNGKYDL IRLF/SVK/MTRPOLVEADLEKII WEISKYDPDIIADNGDSGNVVL KLINHFQKDKVFGCTYKSSPKS TGQLRPEFNENNRVTVDKLM QNKRYVQALKTKDISVYSTVDD DLKTLKHWQNVV/IMDEEDEK TGEMYQVIKRGDDHYAQASV YAYIGLTRIKELLKEGNGTSFGS TFVSTDYNQEGNKQFYFDE	605	gp74 [Fago A511 de Listeria]	YP_001468454.1	0,0 (308/503)	Subunidad grande de terminasa	GpA terminasa	pfam05 876	4.8e-22	No se han detectado dominios: putativos conservados
52	27497	28318	612	MNRGEIDLTKLFYGTISNEEIN KSVNLNLLGEELSLDYVSKNSD TLQVKEHYHYKSLGDFNFFDCF LYANREPEIVHKGGDKNLGGL NKVKRTVIRNGKEMEMTYVED GNKENDSKEQEGKEEVSRSR VGARAINSGEEGKVPKPKVAN SLSNLSKKGVDSHINTNSSLY KEFVDDNGDITLGTISFKRTEND IILESAYSSHSDSGVGARAIMEL	273	Proteína hipotética KgORF36 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024466.1	3e-153 (273/273)		No se han detectado dominios: putativos conservados			

Figura 10I

53	28296	28478	613	LRLSIKENKNAVYDIPLPEAVE YLKTLGFKPNKOGYLRKKXDKV QFLGDYSDFI	60	ORF235 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240894.1	3e-23 (59/60)			No se han detectado dominios putativos conservados
54	28475	28954	614	VIVILFSTVIYSIVFVLYLTKTYI KSNMSRIDNTTELLKQLEDIEG KIKKEGRNK	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	MTLEENKLTLEESITPLSKEEKE DSIKEFSSLLCEMVRNLKYSYN VFRQDPMDETQRDLGSLMVFQ SRINDPLTGOLHDKMYKLAFS KRIDIFANKOFKQVEAGKAIE LGDVAIIDTALSILSGNEFQGS SFMRLRKDFEERKERIRKEEEKL NNL	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	LKKKPGQNEVIITITMIAVFPVI MTIFFNKYQDAKEDKORYQRL VEIYKADDDNGETKKYVKRL NKAEEELKKVKKQIKIIRSOV KKDKKKIKKLERKYYMM	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	VDEEDKNEDTTDDKQTEQPD DNNIDNEDKTEEE	113	Proteína MbpE de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89055.1	5e-56 (113/113)	Proteína MbpE de membrana	PHA02256, proteína hipotética	6,49e- 28
58	30665	31036	618	MNIITSLSVFTCLSLTLTLMFVH SKFSSKNVFLVYVIAIGTYI VLTMFQTTSVLIKNDVIDSIENT EHYIGFNDPIIFTISFIGAILGGI WYKMKIKKSNFKDKK	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	LIFSOKKWKDEAKDFIKGQGM QDNWIEVDYRQIGGKHVAVF IALNKYKYLEATKDNKVILVD KONNILLDIDYIMESKMFYI EEPFEVKINIPQHIROVTYNNTV VLTTVRGSRGD	563	Portal-proteína putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024471.1	0,0 (562/563)	Portal- proteína	Portal de fago	1,13e- 13
				LADLFKQFRLGKDYGNNTIAQ VPIDEGLQANIKKIEQDNKEYQ DLTKSLYQQQAYAEPIEMM DTNPEFRDKRSYMKNEHLHD VLKFGNNPILNAILTRSNQVA MYCQARYSEKGLGFEVRLRD LDAEPGRKEEEMKRIEDFTN TGKDKVDVDRDSFQTFCKKIVR DTYIVDQVNFVKFNKNTKL EKFIADPSTIFYATDKKGIKIG GKRFVQVVDKRVVASFSTREL							

Figura 10J

60	32925	33698	620	AMGIRNPRTLESSSGYGLSEVE IAMKEFIAYNNTESFNDRFFSH GGTTRGILQIRSDQQSQHALE NFKREWKSLSGIINGSWQIPV VMADDIKFNMTPTANDMOFE KWLNYLINISALYGIDPAEIGFP NRGGATSGKGGSTLNEADPGK KQQSQNKGLQPLRFIEDLVN RHISEYGDYTFQFVGSDTKS ATDKLNILKLETQIFKTVNEARE EQGKKPIEGGDIILDASFLOGTA QLOQDKYNDGKQKRLQMM MSLLEGDNDDSEEGQSTSSN DDKEIGTDAQIKGGDDNVYRTQT SNKGQGRKGEKSSDFKH	257	Proteína hipotética KgORF42 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024472.1	9e-147 (256/257)	Proteasa de procabeza	Peptidasa _U35	pfam04 586	8.72e- 05	No se han detectado dominios putativos conservados
61	33717	34667	621	MSKEMQNIILEEYDKLNAQEA SKSVEDDEKNTVESTEEQVAE TTEEPAPKEPEKVSSEDAKAAQ EQGEKVESEEAEGNEDEEVE KSAREKDPVDQKDTKTENKD DDKDKKEDKKEKTSKSIDED ITTVFKSILTSFENLNKEKENFA TKEDLSEVSKSINLSAKISEIQ AEDVSKSVDTDEEAVEKSVTST NGDEKVEGYVSKSVDTTEQA ETGEAKSEEAEEVQEDNTFKG LSQEERTKFMDSYKAQAKDPR ASKHDLQSAYSYLNINPTDN ASEKDIKTVKDFAQI	316	Proteína hipotética KgORF43 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024473.1	4e-170 (316/316)					
62	34783	36174	622	MTIEKNLSDVOQKYADQFOED VVKSFQTYGYITPDTQIDAGAL RREILDQITMLTWTNEDLIFYR DISRRPAQSTVVKYDQYL RHG NVGHSRFRVKEIGVAPVSDPNIR	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

Figura 10K

63	36266	36562	623	OKTVSMKYVSDTKNMSIASGL VNIADPSQILTEDAIAVAKTIE WASYGDASLTSEVEGLEF DGLAKLIDKNNVINAKGNCLTE KHLNEAAVRIGKGFGTATDAY MPIGVHADFNISILGRQMQLM ODNSGNVNTGYSVNGFYSSR GFIKLGSTVMENELILDESLOP LPNAPQPAKVATVETKOKGA FENEEDRAGLSYKVVVNSDDA QSAPSEEVATVSNVDDGKVL SINVAMYQQQPOQFVSIYRQG KETGMFLUKRVPVKDAQEDGT IVFVOKNETLPETADVFGEMS POVHILFELLPMMKLPLACINA SITFAVLWYGALALRAPKKWAR IKNVRYIAV	98	ORF151 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240904.1	7e-46 (97/98)		No se han detectado dominios putativos conservados
64	36575	37483	624	MLYYKLLDKKMATVYGTVEID KDGVVKGLTKEQKEFANVPG FEFEEEKKTTKRQASASTSKEEE PKEEEKKASTRKTTTTRKSTA RKTTAKKDENK	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	MEKPYMIGANSNPVINKSTTY TTTTQADEQDKPKYTTTRLEFDT IDMIRFINDRGIKVLWEEAYFCP CLNPDTGHPRVDCPRCHGKGI AYLPPKETIMAIQSQEKGTNQL DIGILDGTGTAIGTQLEKRSYR DRFTVPEVLMPQOMIYFVNKD RIKRGIPLYYDVKEVTYATQDG TVYEEDYEIKNNRLYLNKEYEN HTVTLKILMTLRVYVSDILKESR YQYTKFNQPKSKFENLPQKLL	292	Proteína hipotética KgORF46 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024476.1	2e-170 (290/292)		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10L

66	38375	38995	626	KREDVIVLQDPYKYNDGIEEDL EIQVDDPKASASNPNSLGGFF GGAFF	206	Proteína hipotética KgORF47 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024477.1	1e-116 (206/206)			No se han detectado dominios putativos conservados	
67	39014	39850	627	MAITSVDSYLLSEIKPRLNTVLE NCYIDEVLKDFDYQITRESFKE AFCGKNAQHEVTYGFNFPKFK NNYEAYLIQLQGQGETKNSL GSIQSSYFEATGDTLVESSTAIR EDDKLVFTVSKPIGELIKVEDIE FAKYDNLQVEGNKVSFKYQTN EDYENYANIIFTEKINDSKGL VKGFTVEEQVTYVGLSFNVDV ARCLDAVLKMLISMROSIEEQ TFQLONLSFGDIPIEDGDSMI FGRPTIKYTTSSLDLDYITQDIN 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	MAVEFPFRPITRPHASIEVDIT SGIGGSAGSSEKVFCLIGQAE GEPNTVYELRNAYQAQRLFRS GELLDAIELAWGSPNPTAGKI LAMRIEDAKPASAEIGGLKVT KIYGNVANNIQVGLKNTLSDS LRLRVIFQDDRFNEYVDNIGNIF TIKYGEEANATFSVEHDEETQ KASRLVLKVGDDQEVKSYDLTG GAYDYTNAITDINQLPDFEAKL SPFGOKNLESSKLDKIENANIK DKAVYVKA/VFGDLEKQAYNGI VSFEQLNAEGEVPNSNVEEAG EESATVTATSPIKTIEPFELTKLT GGTNGEPPATWADKDKFAHE GGYIVPLSSKQSVHAEVASFV 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	plam04 984	6.04e- 09

Figura 10M

70	41930	42334	630	KEQLFGROASLSNPRVSLVAN SGTFVMDDDGRKNHVPAYMVA VALGGLASGLEIGESITFKPLRV SSLDQIYESIDLDELNENGISIE FVRNRTNTFFRIVDDVTTFNDK SDPVKAEMAVGEANDFLVSEL KVQLEDQFIGTRTINTSASIKOF IQSYLGRKKRNEIQDFPAEDV 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		
71	42754	43683	631	MASEAKQTVHTGNTVLLMIKKG PVGRAQASAGOREYGTGTGYVE IGSIMPQEHVLYRYEGTITVERL RMKKNFADLGYASLGEEILKK DIIDILVVDNLTKQVVISYHGCSA NNYNETWQTNIEIVTEIEFSYL	309	ORF018 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238556.1	2e-19 (79/239)		No se han detectado dominios putativos conservados		
72	43741	43899	632	MNNRQAKLGYNOFYHYDFPT TKGKFKDIMKRSRTELKOLQ 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	LTNKRKTIGKMSNTRATVNNIP VTKVKKDKTKYSRKNKHKGLD 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	MRYISNDYNNKELDKCLSDINK DKGNINYSINYEGNIKEADVEI IKLDKNLLETESRAFAYSKFVED CIFLFPYKIALRGGKIELRFDW NEIL	96	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
75	44385	44843	635	MSTFWSEERRTTNKDRQVKKHY TQMSMYERKKCVELLOETITEN RIINFTRHSAAKKVKGKPTTNIPK LIGFIFKNKFAYENIEYNNNTDYN GNIERRVVKKHPKVITVEGKLSY	152	Proteína hipotética KgORF51 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024481.1	2e-83 (151/152)		PHA02264 proteína hipotética	PHA022 64	2.05e- 29

Figura 10N

76	44856	45050	636	QFLTISLEDAARVITWYNSVDD THRTLDLNYYSKDLTIQ	64	ORF215 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240914.1	4e-19 (49/64)	No se han detectado dominios putativos conservados
77	45066	45218	637	MGLTIVNGYFFLSSIIIVVLSILN GKGTVTRESLAMSQALVITSIQ FLAFLINGIYYSLKYM	50	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
78	45286	45597	638	MEIYVIDLRGSTEETESMDFA FRKLQDAITYVDGNGNRDLHIIP LELE	103	Proteína hipotética KgORF52 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024482.1	3e-51 (102/103)	PHA02265, proteína hipotética 2.51e- 17
79	45730	46188	639	MAEIKKQDVQETTKEEKQDV SKMTPEIDKLKYQDKQKEQ VINKVIGVNDTWEKYNFEEL DLRFVKIKLPNARECGNIFALR SAYLGGMDMYQTQDVIRAYQM LATLOEVGIEVPKEFQDPDIY NLYPLTVMYEDWLGFNSFY	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	MESNVKQPLSRNLWAIMKEFNV LPTEQRFKLDLDYQIEFIIGNMN RDVYEHNKQLKQAKGKGFDS QFEDDDSSWWNESHEDFDPV PDFLDADDLQOMEAKLSDRD KEERAKRNDALNDETEGLT QHLAMMEYIROKQQLDDEVG NGKTSDDATISQDSVNAKLED LDDDWYIM	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	MMAMNDYRLVLSGDSSDLEN SLKALIELYMDLSLEKNIDAPLDN FLKLLKLVIAKEVKNVQNAQMDKQ DGKSVISSKQMDSEKSTQSAT KNINELKKALDLDQENISKQIA POPEVEKAYAKMGKVVDETOE KLEKMSQKIGSDASQNRKE MKTLDQVTEEYNKISKDSSATK DYTKRLRANRMTRGYMERSE GTGRLTYDQGARVRSELGKVS SYESQRKONQRNLGOAREQY SNYRNQQDLTKRRASQINK AOYEQELASIKQENMKAREELIS NYEKLGAELDKTVQYKGSVQ KDFQSRDQVQQRGTGFRMVQ ERLPSIGSHAMMGTTAMATGL YMKGASLSETNRPMTVSLQON	1352	Proteína hipotética KgORF55 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024485.1	0,0 (1343/1351)	Smc, cromosomas de segregación de ATPasas 8,71e- 06

Figura 100

82a	50957	52159	642	400	Proteína hipotética	YP_024486.1	0,0	Cola de lisina	No se han detectado dominios
SDNMDIDSVRNAYGDLSDNKL GYNSTDMKMATSYEASVGHK SDEDTMAGTKOLAIGRSLGIK DOEAYQESMGQIMHTGGVNS DNMKEMQDAFLGGIKOSGMV GRQDEQLKALGSIAEQSGEGR TLTKDOMSNLTAMQSTFAESG SKGLQGEQGANAINSDOGLKN GMNSSYARIAM/GWGTQYQGL EGGYDLOKRMDEGISNPENLT DMADMATQMGSGSEKEQKYL NRSMEIGANLTMQSDIEIFKD SKEGKLSKEELAKKAKMEKE GKKEGEDNATDYKESKSGKND QNKSKTDDKAEDTYDMAQPLR DAHSALAGLPAPIYLAIGAFA TASLIASASQFAGHLIGKGA GLRNKFGRNKGGSSGGNPM GGMPSGGSGPKGGSPKGG GTRSTGGKILDSAKGLGGFLVG GAGWKGMFGQESKGGKFKQT SKEAWSGTRKVFNRDNGRKA MDKSKDIAKGTGSGLKOYND IFGKERRQNLGEKAKFGGKA KGLYGFADKFGDGKNGILS QSPKAGSGIGKLGKLAGGLG KGAGVLGVAISALSLIPALASG DSKAIGGIGSMGGMGAGASA GASIGALFGGVGAIPGALIGAI GSFGGGAVGEKVGDMAKKAN QDSLLGKPSKAWSGITGLFDN DAEASEENSKDKKGVKGVKG DTKKKEKMTAEQLREKNNQSE TKNLKIYSDLLDRAOKIIESAKGI NIDGGTSDSGSDSGGSASVVG GEGAEKMYKFLKGKGLSDNQV GAVMGNLQOESNLDPNKPNPS SGAFGIAQWLGAARTGLDNFA KSKGKSSDLDVQLDYLWKEM QSDYESKNLKNAGWSKGSLE QNTKAFATGFERMGANEAMM GTRVNNAKFEKKYGGSGGG GGGAMSSSTTYQEAAMSNPVLTT GSNYRGSNDASNASTTNRTV NVNVQGGNPEETGDIIGGRIR EVLDSNMIDIFANEHRSY									

Figura 10P

																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																															</
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

Figura 10Q

84	54282	56828	646	TNIGIYVGDEGEFISIMIGKFPKDE TPIGKYKLLDDYWNNEFNGRVMR FDEEVYI MIVRFQSSMGRSLKRVDSDDL NVKGLVLATVSKINYKYSVEV KVNLLTGSRRIGDGLAVPY KSFGRTPEGSVFGTKPLITEGS VWLGFLNDIINSPILSVYGDNE QNKMINTPLDGGKFDTSVY KYSSALYEILPSLNYKYDDGEG TSIKTYNGKSFFSMTSGEEKP QATDFYGTGEYQDLFTSYGN KTLIEPRIQKAPNMLFKHQGVF YDDGTPDNHITLFIISERGOIRA SVLNTETQKRTTQEMSSDGSY RVIKQDDDLMLDEAQWIEYGI SEDNKFYKNDXKHKFEFTDEGI YIDDKPMLENDIESIAEAMKIL NEIQKELDDINYLEGVGKDNL EELJESTKESIEASKKATSDVNR LTTQIAEVSGRTEGIITQFKFR DETFRDYEDASTVINEVQNF PTMKTDVNTLTKVDNLEKTEI PNIKTRLTELENNNNNADKISD RGEHIGAMIQLEENVTVPTRY MPIPWSKVYTNNAEFWDSSNP TRLVVPKGITKVRVAGNVLWDS NATGQRMILRLKNGTYSGLPY TRDVAISTAPONGTSGVIPVKE GDYFEFEAFQDSEGDQFRAD PYTWFSIEAIELETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIKGYQMA LDKGADYIELDLQLTNDKLLC MHDSTIDRTTTGTGKVGDMTL SYIQTNFTSLNGEPIPSLDDVLN HFGTKVKYKYYIETKRPFDMIDK ELLTOLKAKGLIGISERFOVIQ SFARESLINHNQFSNIPLAYLT STFSESEMDCLSYGYAIAPK YTTITKELVDLAHSGKGLKHAW TVNTKEEMQSLIQMGVDGFFT NYLDEYKKI	848	Glicerofosforil diéster fosfodiésterasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024488.1	0.0 (838/848)	Glicerofos- foril diéster fosfodies- terasa	GDPD_SaG IpQ como, dominio de glicerofos- foril diéster fosfodies- terasa	cd08601	1.70e- 60	No se han detectado dominios putativos conservados
85	56935	57726	647	MPQSDGISNLHRIALRFPKEGG GYDMYRFKYNPENYIDISQPR TTAIRTSDIVIEDYKDIENVF TGTTGFRPVRADGLKTGKOK MEELQSRVSEYAMQGGSGNV	263	Proteína hipotética KgORF59 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024489.1	1e-150 (262/263)					85

Figura 10R

86	57726	58250	648	174	ORF078 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240925.1	8e-95 (173/174)			No se han detectado dominios putativos conservados	
SGSYLQFFNFTDDSYKVLHAP QGLKITRSKDEPLLFYIEITLVI GSLTEADRSAVTTEFGNVKP NASQRVDEGKELDKNARKTR DRNNOEISKRENTIPKSTGONT NEGNRLKQSPSSSYNPRQST NGLKGNIDNMALIGYGGGVS S											
87	58250	58954	649	234	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	7.96e- 04	No se han detectado dominios putativos conservados
MRFKKHVQHEETMQAQRV YGDVSYWIDLVEHNNLKYPLV ETDEEKMKOPERLASTGDTLIIP IESDLTDVSAKEINSRDKVLVE LALGRDLNITADEKYFNEHGT DNILAFSTNGGDLDTVKIDN MKQQLQARLLTPRGSMLHPN YGSDLHNLFGLNIPQEQATLIEM EVLRTLTSNRRVKSANLIDWKI QGNVYSGQFSVEIKSVEESINF VLQDEEGIFALFE											
88	58969	60015	650	348	Proteína hipotética KgORF62 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024492.1	0.0 (347/348)		XkdT, homólogo no caracteriza- do de la proteína gp47 del fago Mu	3.44e- 05	No se han detectado dominios putativos conservados
MKTRKLTNLSKLDKTMAGTSK ITDFTPGSASRSLLLEAVSLEIQ FYLTKENIDWGIQEGIEAFDFQ KRQSKRAYGDVTIQFYQPLDM RMYIPAGTFTSTRQEPQOFE TLVDYYAEPDSTEINVEVYCKE TGAVAGNYPEGTINTIASGSLIR SVNNEYSFNTGTKEESQEDFK RRFHSFVESRGRATNKSRYG ALQIPDVEGVYVYEETGHITVF AHDNRGNLSDTLKEDIIDALQD YRPSGIMLDVTGVEKEEVNVS TVTISNKSRIKGTDLQKHIEGVIR SYLNNLKTSDDLITDLQAIMNI DDVLIYDVSFDNLDENIIVPPQG IIRAGEIKVELK											
89	60036	62600	651	854	Proteína hipotética KgORF63 [Fago K de	YP_024493.1	0.0 (498/545)			No se han detectado dominios putativos conservados	
VANFLKNLHPLLRRDRNKKDN QDPNFALIDALNEEMNQVEKD AIESKLQSSLTSTSEYLDKFG DWEGVYRKTDENDVYRARIK											

Figura 10S

90	62711	63232	652		YLLKRGTTNNAIDAIKAYLGRD DIDVSVYEPFTNIFYTNKSHLNG EDHLMGYYYREAVINVSIGDYF PVEIIDVINEFKPAGVTLVYTYD GASTIRGGAIKWLGLPKIETY QEFDRFTGYDDTFYGHINMQ SKDTONSTDFKTNHSLNSLD VLTGSSVGRQYVNYGYTSYV YNPGMTSSVNCISASTEGRGQ EVPTDYMYTSTKNNITVELS MQTTSGVSYLYNNFNFRDYM KYRPOVNLQSDARRIVSDYIK ELSIDYYLSAVIPDESEIKLQV YDFSINRWLTVSINLNFYEKNI GSNIGYIKDYLNSLNMFTREI NAGKRDSDIKVNYLDLMPYYY ERGIYTIKPYKALVENYLDISRE TYEAFKISSLSNGDIHTKGYL PIGYLRVSGDIDNLSNHEITID NNNTSITSTLLEDDSNLSLSYG NVKTNHSHFELNSDASISNIKFE YSYYGDAWEELTVLTEISEGET IVPNLIDL YGLQTVDYSNINPM SKVSLRSIWNVWKLGLNNKEGS LSNMPNDYFNNAVWQDIDKLSDI DLGSMRMIKDTEGGVFDGATG EIKATLFNVGVYTDMLAYTL TNYTEPITLGSSRLISELKEELLT SESFVNDNRKVIDSISEQLPNN NILSNSYQTQITQNGFAKYNL KEPIEQKQYNLRHGDYFKEGL ERLAIGNSGNSGFNEVFPYFENI KDGIVDIYTSRDDNYAEGKQR LNNDYRVYAQPYDSEWVITIYSL 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	6.79e-04	No se han detectado dominios putativos conservados
91	63253	66711	653		MAIATYNSHVELAKYLVSKADS VYLTIGKSTPWSNETNPPQDIE NATVLOEVNIGYKKATKVLVVRP SKSPEDDNKNLISYGKNSWVE VTPENAKDEGAKWYVLESIV GDELPLGTGYRQVGFVMDLVAK SGISKNLVPSEVESTGTLFFD NKQFQNRSEQITTAKERFIVEV	1152	Proteína hipotética KgORF65 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024495.1	0.0 (1147/1152)				

Figura 10T

[illegible]

Figura 10U

92	66760	66918	654	ENSLRPRVRLMVTTRDE MPREVRDPYSQAKLFIPITVEEK SIKELEKTYKEIDEATKLINELK KERGEK	52	ORF262 [Staphylococcus phage G1]	YP_240931.1	3e-20 (52/52)			No se han detectado dominios putativos conservados	
93	66919	68838	655	MAFNYPILTETQKLDMYPKV NDIGNFLKTEVNLSDVKQISQP DFNILASIPDSGNYYTNSKG APSGEATAGFVRLDKRNYY KIYSPYSSNMKYIKTYANGTV YDWISFKLDEGNLYNEGNTLVN KELTESTTQYVTLVNPKNLN TGWVNYKESKNGVSSLVEFNP VNSTSTFKMIRKLPVQEQPNL LKDSLFFVYPETSSSNIKTDNWN TPPWGYGTANSRSGVRFGRG ENTIQIDGSSSTYPTAMTNRFK MGNELSVGDITTVSVYAKINDP ALLKONLYFELAGYDMVDRT DNPTTGGRRREITASEITTEWKK YSFTFTIPENTIGASGVKNVYS LLLRMNCSSSKGNGAVYYAL PKLEKSSKVTPTTHATDVRYK DEIWSNWQEVISKDELKGHP VDIEYNDYFYQIWWKSEVNEK SLKDLAMTVPGQYHTFYCQGS AGTPRGRSIRGTQVDYDKGDP YRANKFVKLLFTDEGIPYTLVY GGYNQGWKLLKQSETSTLLWE GTLDFGSTEAVNLNDSLNDYDL IEVYVWTRTSAGHFSTKRLDIKN TSNLLYIRDFNISNDSTGSSVDF FEGYCTFTPTRTSVQPGMVKSI LDGSTNTTKVASWNEKERIKV NIMGINRG	639	Proteína hipotética KgORF66 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024496.1	0.0 (617/640)		PHA01818, proteína hipotética	PHA01818 6.90e-04	
94	68862	69236	656	MAVKYDIGNNEIVLHREGKYIT GFTTVGGYDKELGQVKNREIL PAYFFDNFAYERLYYSKPEEV IENKNYVPPQINNGDEESQNT VPKEQYDSLKEELELMRKQOE AMMEMLOKLLGQKG	124	Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024497.1	3e-63 (121/124)			DUF2977, proteína de función desconocida	plam11 192 2.94e-12
95	69243	70619	657	MALNFTITENNVIKDLTQVNN IGEELTKERNIFDITDOLVYNFN KSQIKLTDKGLTKSYGNITAL RDIKEPGYVYIGARTLATLLDRP DMESLDVWLHVPLDTSKVV QHLVTLSTNNNQIKMLYRFVSG NNSSEWQFIQGLPSNKNNAVIG	458	Proteína hipotética KgORF68 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024498.1	0.0 (445/458)			PHA01818, proteína hipotética	PHA01818 0.0

Figura 10V

96	70709	72457	658	<p>TNILDASPGVYFVGMGTGGMP SGVDSGFLDLSVDANDNRLAR LTDAGTKEYTSIKKPTVYTA WKKEFEKDMKEYLLSSIRDD GSASFPLLVYTSDNKTFQQAID HIDRTGQTTFTFYVQGGVSGS PMSNSCRGLFMSDTPNTSSLH GVYNAIGTDGRNVTGSVVGGN WTSPTKPSHKLWTGAQSFL SVGTTKNLADISINYSYVEVYT KHKTVEKTKGNDOSGTICHKFY LDGSGTYVCSGTFVSGDRDIT KPPVTEFYRGVGSFGSTWTL VDSAVQNSKTQYVTRIIGNMP</p>	582	<p>Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]</p>	YP_024499.1	0,0 (582/582)	Helicasa	HELICc, dominio terminal C de la superfamilia de helicasa	cd000079	1.80e- 12
97	72469	74082	659	<p>MATKTQRKLYQYLEENATENK FHISTKKELADSLGV/SISALNN LKKLEENKVVTVSKRGKNGG VIITLVREYDTEELKEFNNSDNI ITSDLOYAKALREKHPSPRYE RKEQRRRTKIEMAQYNAIKDEK</p>	537	<p>Proteína Rep putativa [Fago K de Staphylococcus]</p>	YP_024500.1	0,0 (531/537)	Proteína reguladora de transcrip- ción	Subfamilia HTH_ARSR de proteínas reguladoras de transcripción	cd000090	4.28e- 03

Figura 10W

98	74075	75517	660	480	Helicase putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024501.1	0,0 (480/480)	Helicase	Helicase 41	PHA025 42	1.06e- 05	
				MSKKIKELILHKSMDIHFAREV LDNLPNLFSAESDMGYLFTA IKRTAHISDKMSNEALAKVEQL MGNKEDEEKTKTLTYLEDLY KVDVNEKDESVMYIEKYKTE MSKEVLVKFIAENKQEDSDNLH ELVDKLLQIEVSDISGGNGEFID FFEDTEKKQELLNLATNKFST GFTSIDNHIEGGIARGEVLIIAP TGRGKSLMASNLAKNYVKSGL SVLYIALEEKMDRMVLRAEQQ MAGAEEKSVNQDMSLNKVVY DAIONHYQKNRKLGLDFYISKH MPGEVTPNLEQIIVNTTIKKDK NIDVVIIDYPHLMRNPYAKYHSE SDAGGKLFEDIRRLSQQYGFV CWTLAQTNRGAYGSDVITSEH VEGSRKIVNAVEVSLAVNQKDE EFKSGFLRLYLDIRNSSNTGE RFVNLKVEPTKMIVROETPEEK QEHQILLSDNGKEDTSKFQNK DNKEAINNTFGGLPGV								
99	75596	76621	661	341	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024502.1	1e-172 (294/345)	Exonucleasa	Nucleasa MPP_Mre11 - N. dominio terminal N de metallofosfa- tasa	cd00840	3.56e- 21	
				MKPVFTDSHFLFTNYAKPDN EFVNDRFKEQIEALQKVFDIAK KEEATVIFGGDLFHKRNSVDTR VYNKVFSTFAKNNEVPVLLIRG NHDATTNSLYTDDSSIDTFEYLP NINVAKISLNTL KDNINIVETAY								

Figura 10X

100	76621	76998	662	GDETKEITYINSYDKM/VNII VGHVGESLTGKSGSHRLEGA FGYQDLLPKYDYDFILLGHYHRR QYFQNPNIHYGGSLMQQSFS DEQANGVHLIDTDKMTTEFIPI HTRRFITQGEDIPDNFEQLIEE DNFIRVIGTANHAHVLEMDSDM KOKNVEVQIKKEYTYEKRIDSD VSDPLTIATYAKQYSPSESEQ EILECLKEVL	125	Proteína hipotética KgORF73 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024503.1	3e-65 (123/125)			PHA02275, proteína hipotética	PHA022 75	2.14e- 21
101	76998	78917	663	MKKYREYLNKTDENLAEDWE KVTEDLWKVFKDMKPKINTLDI SNVGSKDLDKSKPIQFQDSD GVNIENICNVEGLEGLSKMKKIF DSDNFEKHYYNVRVVDHGGY WIDYGSHHCFRVTGDK	639	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024504.1	0.0 (638/639)	Exonucleasa	Subunidad 46 de endonuclea- sa		PHA025 62	1.68e- 26
102	78917	79513	664	MKLKILDKNATLNVFHRNKEH KTIDNVPTANLVVDWYPLSNAYE	198	Proteína hipotética KgORF75	YP_024505.1	2e-111 (197/198)			No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 10Y

103	79528	80595	665	YKLSRNGEYLELRLRSLTPSS YGLDDNNQDIIRNNHRCKIGY WYNPAVRKONLKIIEKAKQYGL PVITEEYDANTVEQGRDGVIF QSLKTIVWTRYLEGKTEELRIF NMKSESQLNEALKESDFSVD LTYSDLGOIYNMILLMKKISK	355	[Fago K de Staphylococcus]	YP_024506.1	0.0 (352/355)	ADN primasa	DnaG, ADN primasa (tipo bacteriano)	COG03 58	1.08e- 12
104	80661	80999	666	MRFEDFLTOELGEPKENTIGEL RYCCPFCGEKSYFYVKAOLD SSNGQYHCKKCDDETGNPITFM KTYNITGKQAFDLLESKNIDIE RAPLLTTNNKDLTSEKILMLR GVHQDKGTTTSIKPPRLPEGYKL LKNLNKKEIIPFLKYLKGRGITL EQIINNIGYVINGSFYKVDGES KVSRLNSIIFTYDNNNGYQYW NTRSEKNPYIKSINAPAKQDEV GRKDVFNLIARKKFLVITEG VFDALTFHEYGVATLKGQVTEN QIKKIIDYYSIDTSIYMLDLDALD NNIDLAYKLTHTFNKVFVPHG DEDANDMGTRKAFELLKQNRV LVTPESIQSYKIQCKLKL	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 AVWQGTVDGKQVDEKTAQOLD RIGSRVSLSLEATRIAKVLNAV AOEVTGDFNDAFNAIDLMMIIM EDELGVTKQKVGKAKDKLNEK REAYLKEKQDELROKQEEAQ KETESDSNEKVQLKKNDEQ	150	ORF098 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240944.1	2e-78 (149/150)		PHA02277, proteína hipotética	PHA022 77	9.45e- 43
106	81438	82046	668	MTNSKKKGDTFERKIAKELTAW WGYQFNRSPPQSGASWGKD NNAVGDIVVQAEANFLVVECK HREEWTIDVLLNNREPHTWW EQVINDSSKVDKTPCLIFTRNR AQSYVALPYDEKYVEDLRNNE YPMVRTDFIIDNIRKDKFFYDVLI TTMNGLTSTFSPSYIISCYDKKDI KPYKKVESNLSEVSKHEDELIN DLLSDI	202	ORF064 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240945.1	2e-115 (201/202)	No se han detectado dominios putativos censervados			

Figura 102

107	82063	82455	669	MTSKERPLIVFSGTGQTERLV NKLININNSFETFRVSGGKEKVN KPFILITPTVMKGAIKPKIERFLE INGSPKEVIGTGNKQWGSNFC GASKISEMFKIPIAKVQECSGH FNEIPILEHFSNKYKVA	130	Proteína NrdI putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024509.1	4e-68 (129/139)	Proteína de ribonucleó- tido reductasa	Flavodoxina _NrdI	pfam07 972	2.44e- 29
108	82470	84584	670	MATYGGKWIENNEITQDDNGK NKLKDOEALDEYLYKIEDNTR KFNSEVERIRVLKEGTDKIFD KVPDTIIDEMTKLAYSFNFKFPS FMAGQKFYESYASKQYDENKK PIFVEDYEQHNVRVALYLFOND YKARELLVQLMEQTFQPSPTT YNNSGQANRGELSSCYLFVD DSIESLNFVEDSVANASSNGG GVAIDLTRIRPKGAPVRNRPNS SKGVIAFAKAEHKSYSYDQGGV RQSGGAVYLNIFHNDILDLSS KKINASESVRLDKLSIGVTIPNK FMELVKEGRPFYTFDYDINKV YGYLDDELNDEWYDKLLNDS IGKVKHDAREVMTDIAKTQLES GYPYVFDNANDNHPKLNIGK VKMSNLCTEISQLQEVSEIYPY SYSNQNVINRDVVCITLGSNLV NVVEKGLL NESVDIGTRALTKV TDIMDLPLYPSVQKANDDIRAIG LGSMNLHGLLAKNMISYGSRE ALDLVNSLYSAINFQSIKTSMLM AKETGKPFKGFEEKSDYATGEY FVYRIRESNQPKTDKAKKVLDK VYIPTQDDWDELAKAVKVHGL YNGYRKAAPTQSISYVQNATS SIMPVPSAIENRQYGDMEITYP MPYLSPTQFFYEGETAYKIDN KRIINTSAVVKHTDQAVSTILY VESEIPTNKLVSLEYAWEQGL KSLYYTRSRKLSVIECTCSV	704	Subunidad grande de ribonucleótido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024510.1	0.0 (701/704)	Subunidad grande de ribonucleóti- do reductasa	RNR_I, ribonucleó- tido reductasa	cd01679	3.18e- 130
109	84598	85647	671	MDITQKVKQHKNNAVLKATNW NIEDDGMDSIYWEQISQFWT PEEFVDSRDLSSWNSLSEK NTYKKVLAGLTGLDTKQGEG MNLVSYHEPRPKYQAVAFMG GMEEIHAKSYSHIFITLLSNKET SYLLDTWVEENDFLKVKAOFIG YYDQLLKPNPTVFDRYMAKV ASAFLESALFYSGFYYPILLAG	349	Subunidad menor de ribonucleótido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024511.1	0.0 (347/349)	Subunidad menor de ribonucleóti- do reductasa	RNR2, ribonucleó- tido reductasa	cd01049	1.74e- 63

Figura 10AA

110	85665	85994	672	RGQMTQSGAIYKIQDEAYHG SAVGLTAQYDYNNLLTEEEKQOA DKETYELLDIILYTNVAYTHSLY DPLESEDEVINYVQYFNFRALQ NLGREDFNPEPYPNPIVENQTN VDLRNVDFGSKADYEKSTNI KDIKDEDFSLDSKEYNTAKEF	109	Proteína hipotética KgORF82 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024512.1	4e-55 (106/109)	Proteína similar a tioredoxina	PHA02278, proteína similar a tioredoxi- na	No se han detectado dominios putativos conservados		
111	85978	86298	673	MDRKEAMDLLSKAEILFKKHDE FSCVSDINDPMKLFSSSKDAKA DDTSKSFQLEFNMHDMTMYTSL YSGQLKLDIAEGYEAQKATV VNSFPIIKTLEKDDSEDKNE	106	Proteína similar a tioredoxina [Fago K de Staphylococcus]	YP_024513.1	8e-54 (106/106)	Proteína similar a tioredoxina	PHA02278, proteína similar a tioredoxi- na	1.12e- 45		
112	86505	87101	674	MDLISKSRRYIMRDENHYMLF NEKYNDRLEKVCXHGKQVY YYTDSVLPYYVLKOLSSHPOSE VYRMRNGFTAKEVDNIALSF MGTKYIDISVVPYYPNPIYIIRS LHDIKTNDVEVHLSPFRILEVDE KOEKFFDFGEAYDLKPEYKV DFADKIRVSLSWKMYIYLTSS RDFEDVDNVITKLKQORIKI	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	MSTANRRDIARKISENTGYIYQ DVEEILSAETDAISDLLEGGYTK VKNHKFMQIEVIERGKKAWD GLNKEYFHLNPKAIKFKPLKE LEEVIDRLNEEK	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	plam00 216	4.22e- 12	
114a	87492	88364	676	MKVILFDHIREEHFVSXKDG VKSNIPLNTPNGKTLKLLKCS NLKRDKTNRDYDIDFLYNAVPT PIRNDYGGIKIYQDVKQAEVVP YYERNMNIIDNSYDMVIVGKL GVKYLINVTAGKVRGVPKVTI ENETSSHDVWVLPYISYETNV NKNSEHVVSDLOTVGKFEQ GEEAFKPKESVSEYELVDNIERVR EIFNKEVKNNDYDGDITAWDL ETNSLKPDKEGSKPLVLSLW RNGQGVITPLYSDFNWENGQ DDIDEVLELLKNWLASKEDIKVA HNGK	290	ADN polimerasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024516.1	6e-167 (289/290)	ADN polimerasa	Exonucle- asa similar a ADN_poiA _I_Ecoli	cd06139	3.30e- 09	

Figura 10BB

115*	88530	89042	677	VYQLNRGGTVKKDYMTSVKNN KKVCRRCNEELDLNFKTKYKK NDKIYQSMCPCRCRKEYNKLDK TKNTIKKYDKNGDKYRKQGN EYNTSDRGRELNNKRSRYRE NNSLKAKARNSVRTALRNGSLL RPSKCECNKCEIPEAHIPDY NKPLEIKWLCKSCHETHKK	170	Proteína hipotética KgORF87 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024517.1	4e-79 (145/156)	ADN polimerasa	ADN_pol_ A_I_C	cd08637	8.00e- 72	No se han detectado dominios putativos conservados
114b	89178	91508	678	MSTENFKDFESIQDTKVGWYL AVTQEVKESLRLSDLAYEYTDV GGYDKPLEDFKLWFTKLLRFF SDKIKEIQENKNAKKEYDVKA PEYKEWLENKLNETHWELDDT EKKFRVSELEKKYIQLGLSPEIV NMNLVMNDEFISIAEQSPYEM GLSDYAKSYTLNTAINLINEYRD VKDVNDIDGGNFYDWFPIEL MHPYASGDTDVCRRHCDVVK KLKEQDRPKSMHLLVNYPRLL TKSLARIESNGLYCDLDYMKEN DESYSEMAKNHATMREHWA VKEFEYQYNLYQMALEEHEK KPKORDKDIHOYRDKFKGKW MFSPPSGDHKGRVYDILGIQL PYDKEYVKEKPFNANKEADLT WODYKTDKKAIGYALDNLKLD DVRELLELLKYHASMOTKRNFS TKKLPNMINKQKRTLHGSFSET GTETSRLLSSNPNLONLPAHTS DVNKFDYKHPKRSFVSFRFENG VLLGADYSALEMRIIGLFTKDPD MLQSLNGEDIHKATASIVYK PVEEYTKERQATKAVNFGFLAF GESPSFAGKNNMEVSEAEIF EKYFQTKPSVKTSIDNVHEFVQ QYGYVDTHIGHRRFRISAQST DKKIKNEGLRQSFNTIIQGSF LTNMSLTLYLDDFIQSRNLKSKI ATVHDSILIDCPPEEAKIMAKVTI HIMENLPFDLKAEDIGKEVQY PIEADMEIGLNYNDMVEYDEEE IDTFNSYQGYIKYMMNLQTLIED YKESGKLTDEQFEKATNVKS EKHYQEI	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	No se han detectado dominios putativos conservados
116	91577	91819	679	VNTGEIRFNRSMDWEIITSMYQ DELGMNIVVTFYNREENKHG STVLPTESSSTGEVTEELANLEE	80	ORF181 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240959.1	7e-37 (77/80)					No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10CC

117	91836	92318	680	EYPLALPLSSISVNI MEIHDSLDFTNFTIKDRNGNSQ EFDITDELRIETYTEQEDFMOQS AKYARVASILEKVRAYSEMEQ RNLETIGSKLNLTRQEYEQQ KKPTKDMIESSVYHDSYQOQL KVVEAWNKYKGLQYVVKAFE TRRDMIMQLGAELQOTNKNGG 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 NNVESYKPNPVLRLGNIKDAN GNKYVKENAFVRVLPAAQGTN VFFKEFRITGINYSKDGSGGF TGLTLPAAEGSSVLDYQDWI TNGVQFSRFPNKPGRVYIYHVI EYFNNGIQPKTDAQGNVMI QPMELSNTRYKELLANLQDTM LKPSNAPHSFISANEAFVNIIV KAKKGEMSWKVSYPNAPLGA LPQGWEEQLSOLDLAKPTTEE QNPNFVNLNNVNTLSHDN FKFNRETIVLGEERPSEPKQAP TQDDVDSQMPSNMGGQPNQP QQGVQGYAQGGQSGGGQ QLGGTQPINNTQFGGTPSG QQPSNTGSVDWNLAAQQSQ PDSNPFNDFVSSVDDSDQVFF ETQPNQQAPEPHQTTPPP KOKQTQSIDDLVGLGLDNL	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	MARAKKGKVDLTDLTDLGK ELGLTLLSDTNRADIKNVPTMV PQDYILGGIPLRLTEVYGL TSGSKSTFAVHLRIATQLGVT IWIDIEGTADNRMEQLGVDVS KLFSIQSGEGRKNTVELSVEQ VGKELEYWIDTFNEKIPGVIVF IWDSLGAIRTRQKEIDGIDEKQ MGLKASATQKVINAVTPKNDT NTGLIVINQARDMDNAGMYGD PIKSTGGRAFEHSASLRIVHK ASQLKQKSELTKDEYHGHIM RIETKSKLSRPGQKAEADLLS DYMVGKEDDPILLNGIDLEHTV YKEAVERGLITKGAWRNVTTLN GEEIKLRDAEWVPLKDNRELY 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

Figura 10DD

120	94996	95349	683	DNKQEEQEEELKGESEKQDSE	117	ORF121 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240963.1	3e-61 (116/117)		No se han detectado dominios putativos conservados		
121	95336	95998	684	MDNLIDKNMSQVKESLGNANS SDVLPYPYDKIAKFEVKEKG ESIIIEGGFPYTDSTVMYIEHV TDRWAGGYSILIRHEGEEVKVP KTIHFSDIYVKDKSHKVRIFEGA NPYEES	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	MKANVNDVLQESVTVADKY LOVKVNRDGYTRTHEGOYAYK VYSEGEELFLYPVQTDGKGL NVNKKSPIAYTDGDNHIFVNT VDPYNHSFRTEDIKGLDKGK QLIQAFVAFVEDRFKFGVYVWF VANNKEDVLSVDPTDNDADDEV KDSLEHAHEDVIADFPASPARK DVKGVDGSEGGQDTSSEPSAPK 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	LAKNLKNGNELLNSVEKTEGK STITIENLDANTDYPKGTGKVSF SNDSEGESEKVDVPQFKTKAIKV ISVTLDDVSLDLTVGDTHQLST TITPSEASNNKVSFESDKSGVA SVTSEDIEAVSAGTANVTYTT EDGSHTDIVAVTVKEPIEAPA DVTVEPGENSADIV	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 con- tienen do- minios simi- lares a Ig	pfam02 368	1.61e- 03
124	97308	97535	687	MEKTLKVSNGEWSQVANN 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 NKEQYVWKFDSYSVHNLNVQ GMNVVQDYLHYGYRVKEYG QENSSKODDERDVKGYLYERVG 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	MGIIVNSNHQSDTLYEYDSFFD	251	Proteína hipotética	YP_024525.1	1e-141		PHA02284, PHA022	1.74e-	

Figura 10EE

127	98643	99893	690	IEKVDTFEEGLLSIQDEPTVLG FIYDDITFNKVINSDIDDYIKN NDIYYSDIGLLPOTFITVDSOR KYYSLQOITELSKDFPKWVE DDAKGLTKYYNFQDFEDVFL NSFYKVEDMAREKCYNNGV YLLYEVLPDYKLPAYSLLSNK EHGIVIGSQTRSNNDILTFYVK GMDAKAASMFNVEHYDSNIF HTFVNSHINILNQITKIREKG SSYE	416	KgORF97 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024526.1	0.0 (413/416)		proteína hipotética	84	41
				MSNYKTIEEVOAIVIGLVFKDEG KIITSKFNKITKEFLDRIGKDDL KEIVEDIRQDAYLNLKNKAIGK KYTLGDLKOVADNOVFEKNY HEEVSTYVVAKEKELSHLREQ RKHNRTATYPOIMFDELKEHM VKELQGETLVEHHGSKANINDT ELIVLSDFHIGSIVSDMTNGKY DFEVLKARLNHFINTTVKEIEDR EISNTVYVFGDLVEHINMRDV NOAFETEFTLAEQISKGTLLID ILNVLNVVSGELRFGIIGNHD RMQGNKNQKYNNDNIAYVWLS LLLFQEOGLLNGVDIINDREDIY TIRDTFGGKSIINHGDLGKGGK NHINKFILDHIDLITGHVHHFS VKQEDFNRMHVASSPMGYNN YAKELHLSKTKPSQQLFINKE NKDIDIKTVFLD	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	MKFNDIYEQLIKNDTVONIHES ODDKGNIYTIQFDKNDKYLFN VINDGFLKEMTNGMYDHPEGO 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	MDNFSAFDNSSLAMRISEGV YYFNDTPYYFIEHVEEEMSEYV IVYDIHDREEKENPKKYRIEY QRTIPGGTPLSLNLSKMPQORR YPKKVTEDPFIVANVPLGTDV TGKTGKGFERDKORTIYSQKE	178	ORF075 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240973.1	8e-100 (178/178)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 10FF

131	101166	101933	694	PTKVHGOYTGVFGLTSKRW NRTYTPLESVWEYKRVKGR LNV	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	MSNDVAFYEKDIKURTKKH MFKDEITSNDIRFNEKVICQ GKRTDCLVLDNRGTYMGIEIK TERDSTORLNNOLKYYSLVCK YVVMCHDKHVPKVEQILKRY KHNVGIMSYISFKGPVWGKY KDATSPHRSPTYHTMNLWKT NLMILRLIRDPHTYRTGYSYN ASGRYSGGEGNFQTTQSKR MKKPAIINQIIHYGVONTYKLF TRGVYGYNNRWVEIEEDFFNT MKNGVRVINEQRQTK	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	MLKGFSEHVDPKPTSKTYKTL TSGKVELLGVSYSDYFPGV TVQSYIEDIGNEDEGLQFVANKV NVVESMKQAVVGANNQLGSS GLGYVRTEQLKKELEETGLMT DILARGTNLTSTKKVDMVSTFIE PEVYQNTIAKDIKRLRYKVEE ESPLNGYTHIVYLLTTEKLYDG QTLFGMLSKDKLSKGDOKLL AFFRNNLSLSKSVFCVKLLSKD YYFNLYNTHETGIFLEDVITI ACGQSYVKVNTKQIKSSYVKIE DKTHKLTENVLKGDDTLTILF	287	ORF036 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240976.1	1e-160 (286/287)		No se han detectado dominios putativos conservados
134	103592	104323	697	MARKKNLRNKNSDIKVDPKE KESILSKLYHNKLLRSKVONAL DEDMSYDDIELCKEYDLELSK SAITRYKSKRKEAENGWDLGE LIDKRRKTSVKOIKEKETPILEEE QLSPFEQSKHHTQTYDDIQVL DMIISKGAKGLEFVETLDPALMI RAMETKDKITGNQLKGMFIGL RELQLKOTAOOTAMSEVLEFI PEEKHEEVLORLEELONEFYK NLDLDEESRKLKEALDRVGYTI	243	Proteína hipotética KgORF103 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024531.1	6e-136 (243/243)		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10GG

135	104341	104799	698	MADEISLNPIQADAKPIDDIVDMIT YLNKGKVLRVKQDNQGDILVR MSPGKHKEFEVSRDLKESFY YKRHWLVYVSVNSLITFDVYL DEEYSETTKVKYPKDTIVEYTR EDQEKDVAMIKELTNNNGNYF 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	MFISLNOEEKELLTKESKYTP ETSRFNTPKKEFIVTSYNEGK PLDYIAKEAKVSMGLIYTLNYY KVGKRNKKSPEVEERIAHLKDK NLVKEIKDYQYMNLDIYSKYN 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	MRNKKSFOEQLNDMRNKEKW VSEEFTEEVAPSEPEVEEEK LYTLNELKENLLDAQGLKDVVA DFPASKOLYEPNKLICTIPKGY RSTEVQPGQYIGISTGLLSESE DFSHLRGQMPRNLYETSHVLK PLVRINNTNLEYQOHELLEDIKO DKKIYDVELEDRLVTGEEISHL EIVDSKFFESRINEILDRTYELT DSDLLIYYSKLRELVGSDKMIY CSLLDKCKVKIID	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	MSRKASIFYLVVILAFSSISYYI SSFMYHDKAKNEVSTELSNIG KIKEKNVEFVGDTLKKVENN KAYFMETLPTPLPGRTGDSID MRYKTSRFKEGVNFKLIRVYT 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	MEMADLERDFTFVRLVSDDEL SEERALELSDLLNPILEGGTA YOAKKRIRSKFGKIEAKNFKN YKFLKSIQIDQRR	80	ORF182 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240982.1	2e-35 (74/80)	No se han detectado dominios putativos conservados		
140	106883	107440	703	MIEREKLVKEIEDANRDIOLRLK EVDDYKDSIRSKGTRNYYSTKV LDSVMVGLIISFFILVLRVLEYF VTGNAVYSPLAPAVIMFVLALG TWKVSMMNKIVSYRGTKIMYW ELSNAEQNOAKVFKYPNDEVDI VSKHNLROITFSEINILHLKYM YNKAVEQHTKLKSKELFKDKET VDKKNK	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	MVPSIKAQNKFKNELEYKQG	58	ORF240	YP_240984.1	8e-25	No se han detectado dominios		

Figura 10HH

142	107645	107893	705	HISESKMILELAFDYIOLEONN EYVNNLEEEERYGE		[Fago G1 de Staphylococcus]		(58/58)	putativos conservados
				VSKFIGVYLFNLLVVALITYVGF LFFYGYASLVLLTHATIDPFVLA TFLGIGFLVIRTAHRIMARVIND AVAKAIKDKENE	82	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
143	107886	108119	706	MNKGEMDKTLPKFSVYEVIV KTVIMTPTEGSSDLESFYSTR ELAEKFVEENTVETKNGKRVSF AVKERKVNQPG	77	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados
144	108200	108688	707	MKVSEEVKQSYLENRANTKMD KISWSELRSSPLGITLGDIFYSV VIDNIAIILTLTIGITIDSISTL AQIVGMFIITTYGILSALIPLVHK AVSPGWSYTEWNESSYIRLPG EENKYKYYKSWYLDLGVKEFY YKRDNGEEVKKIYHGLFKLK	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	MISSFDSILLVYIIIAFAVAMAIY LVFKGMTILLDKMLLSKTLT DVEACSMIMAVISTVFGIIVLLI WLAVNNILL	82	No significant similarity found.			No se han detectado dominios putativos conservados
147	109118	109294	710	MDFNFINSESDRVGKPKQKK KVENKLPSSPTIEDKEKKLKEIR KKSLEYDLRRKND	58	ORF241 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240986.1	1e-23 (58/58)	No se han detectado dominios putativos conservados
148	109287	109583	711	MTKETNVLKDKYRDYTVVRL AGNIIVTEVDKXHKHTAFTPIFDN GVGVELVMRIGSVELSMIDL REFTEKVESTAGKALEYFNKLY 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	MLLGILWFNWFVSYFVLMFGI EFWKDRWMPGVIGAGALLFL FWIMKSHNAMTVVYLY	60	Proteína MbpK de membrana hipotética [Fago K de Staphylococcus]	ACB89144.1	3e-25 (60/60)	No se han detectado dominios. putativos conservados
150	109826	110197	713	MIDILVIHYEETNKRVLKETIQT ONHLNDEHGLVKMTATKLSRE NIEKRFNNYNVIAEDDPDPSYH YGEAVEDADFIIPISYLDIHAGI EWDVDNPDVMDLDRNPDIKFEAV NKLNEML	123	ORF119 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240989.1	9e-63 (119/122)	No se han detectado dominios putativos conservados
151	110210	110557	714	MLNEKLKNILEDTKYMINIASL LSASTGKSSKVFFDEGTIKIVSG	115	ORF124 [Fago G1 de	YP_240990.1	9e-60	No se han detectado dominios

Figura 10II

					ETKAVEVIDNLVPHSGRLPIKT TERIALGRLTDSLQFVISEI KDQIIDEENEAYIDFVME DWNW		Staphylococcus]		(115/115)		putativos cnservados
152	110557	110835	715		MPMDLLTIASVAFIAVVIDLND DMSYMLTGTALINWAGFYGW FFLLQAGMILLFLLARKVKDDK 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		MSKETIRROFSNAIEIMATTKE WWNFPSFDTNKEFKIKTFKN DTLVFEVREGSRNLGSRVFTN IDFDYDKLEGSTQYMINYFAK KLTDMFNFYHKLQL	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 VKYSKRRRHKGNOHGCYKTV TDVKINGIPIDHVNIEVGISFYEK LKELOGKRIQFVGTVYKYVKAHA RGRKGRIKGYFYKEDYSVTLDDKX 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		MTEWYALCYDKVKKKIPRO VRAHRDISVLEELKERLEERNP NTEYSIKTTKEDEER	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 QHAWEALVKYIYIGIIDLIVGIV VIALTLFLWKVFINOHKKVNDM DRDDYSLLFEDCEDLSGIGLF YVIVTSLISLFAFYIYIGIPMDIHK ILNPEVFAVKDLIEQAKGGN	136	ORF107 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240996.1	3e-34 (81/136)		No se han detectado dominios putativos conservados
157	112392	112685	720		MKQDFFEEEDVLTCECEDC KHFEOWGHDEEPEECSECGS SDLINNTSHEDTECDMCKGYID MWQDGYRYMGDNKAYLEKED SGLICEDCYEKLDI	97	90 ORF160 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB88153.1	4e-47 (93/97)		No se han detectado dominios putativos cnservados
158	112701	112988	721		MNKAVEQASNAVGGGFSAMV WHQVLVGLGILLGLILLVWV LVKKFHVFPFNHPTAFVYYSIML VSIVASFWGGLHVNPEYTAIL ELKGFIF	95	ORF157 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240999.1	3e-37 (93/95)		No se han detectado dominios putativos conservados
159	112999	113112	722		MTKEELEQORVKELEAENKELKK 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		MNSROKKILTLTVSNFLIALDT VALIRYKKGKIKENYNTGQITR MIATTANSLSLILEEQERKEVK	88	ORF170 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241001.1	2e-31 (68/86)		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10JJ

161	113449	113754	724	DIKVGTFEIGALKRFTNNK	101	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados	
162	113754	114155	725	MKGIIIFYKEETKEDLGYFLGFIN FKLEGLSYTTEGLVDNDVWL KQKQEDNLEQFSMNNLVI GILGHSSLVRIYKGIQOEFD VEEYLELRQ	133	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados	
163	114166	114402	726	MIFILFGLFILSLGIFYSIVLR KKKQLIEERESFGYNRTKEKL GDVTRLGYEEDVYKLIHQSNK TIEDKSKAVDTIKMYELELT SVDVSKVEGLSPDTEPMTNM KLLSYKLDREGLYSLSKFI	78	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados	
164	114399	114926	727	MNYVSOLHFGHDNIREFEAPT RSHWNSVEEMNEGUELWNNT RINDIVYNIQDFFNMKPSKE DILRLNYKEMILIAGHDHKKL IKLYERNGITVYADMIKKDKGR FYLSHYPTLIGRKNMFNIHGH SOLMGTEYHINVGVDVEGKIAY SFDDIISRAGEYNGEIOR	175	Proteína de fago [Staphylococcus aureus subesp. aureus TW20]	CBH49957.1	1e-66 (124/165)	Fosfoesterasa o fosfohidrolasa	MPP_AQ15 75, familia de metalofosfatasa	cd07390 2.83e-37
165	114907	115218	728	MEKFKGKDLKTRIRKQTIKINL VIKTEKLNKHKGYRPIGHVY YPKTEFTLSKPEQKIFIEYMK LGFSVKHKRRKIIVYKNVLE YLSWYQEAIESTC	103	No se encontró una similitud significativa.	YP_001468613.1 de Listeria]	2e-18 (65/174)			No se han detectado dominios putativos conservados
166	115264	115443	729	MKHFLILGIVLIVIALGIVLP AWILQLVLSAFGVKSVIWCIG FILISAVGSMFSRN	59	ORF236 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241002.1	3e-22 (58/59)			No se han detectado dominios putativos conservados
167	115458	115721	730	MAKYESNINGENYIATPSOALR EALAEIREKNFAEYQTKGEE QYESQLQRHFDMSISQYEEAI RVLEDYSPQIFIPKNKEEK	87	ORF171 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241003.1	3e-39 (80/86)			No se han detectado dominios putativos conservados
168	115724	116041	731	MKAESIRFFQDKVLQIEGVK VYRFTQASSSYLLDIDTMDSE VLFPLDTWFTLSGKYLDDTHIN KPEKTLSSNELYTEISNKLQEV GDQTKTDEL SKYFKEVK	105	ORF137 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241004.1	4e-42 (88/105)			No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10KK

169	116042	116722	732	MSSEAITNHLNINQIKIKEYNIH AVIKKSVCSGIENADFEVRINYI ADKOPNYRTINSIFVDYSNRN PKELLQFKEKLSIVKEQVEIDN DFIEAKDINTNHLEKLEPFINK EYYSMFKSSIEKEVPVALSSEV LNRCIGKSTSLAYLAIEKDLPLI VSNNSMMKMLKKOYPSVSVSS VEDFSNYNIKGEVLIDEVDVQ LYSADRVSVDALLGIIKN	226	ORF055 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241006.1	4e-84 (158/226)	No se han detectado dominios putativos conservados
170	116800	116958	733	MVGIIILVGLILFLASGYKLVLGK YYDDIDLKMLFTIFGIGAILLTG 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	MNYKEVLEVIKKNKPKVRFTG SILAVNKEFNADTKGLQIDVS NINKNDYIKLQCYCLERDDTV AGAILF	74	No se encontró una similitud significativa.			
172	117211	117411	735	MNYRDFITDCISCGYKVIHSVTE KRVHISEMTSAPPKKEINLDE LOAYVYVMNNGSQITTEGL	66	ORF211 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241008.1	5e-30 (64/66)	No se han detectado dominios putativos conservados
173	117412	117702	736	MELVINIAVLIGMYGIVYVTKF STGLSGILVLGMAVGLYFYLDY LNRENVIRLVSMF GAFLSIE MYNKMIFEIKKSKYDKTVRTYR 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	MNARKARKNTKNHKDSSVWTK EOHLTYVYNKINYLANSSQK TYVMNLRTGYPDEFSLSKLY LKEIKOHYKDLGFTVOTQVRKS RWSEKSIIRYYNGLGYDSVLVP IHSIW	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	MONPILNKKTLRAVIREMDKDI EERAEALRRELETHLSARDNRK RLYIELESILEE	57	No se encontró una similitud significativa.			
176	118401	118625	739	MOFNLKDYAVRPITDKGNIV VRTVYVCLKREYSDWVVDKVV GROESSE TWLKFMDIEIRNIERA KLKRVKQVQN	74	No se encontró una similitud significativa.			
177	118652	118810	740	MSLSELLEYHKNSGKERAEYIS DNGNCRVAIMHYDKWAVVGDIL ENAVFTIEK	52	No se encontró una similitud significativa.			
178	118816	118917	741	MYLFAKIIISIDVPLMSINVQLIT DYNDRH	33	ORF445 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241021.1	2e-04 (24/33)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10LI

179	119523	119693	742	MIPLILMMTFTGTFASFYVAHDA LYRDEKIGIMYAMVGVVNNVIG LEMINVECL	56	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados
180	119709	120002	743	MIDYHLHSEYDKDKLKFILKAIRD FSPRELTDFRNPADVSQEL LGDDIDIFESALDYPNDILVG DSGYISIVYQNDFLTISGLSTAM KEVIG	97	gp ORF182 [Fago ASW de Staphylococcus]	2e-08 (38/92)	No se han detectado dominios putativos conservados
181	119999	120184	744	MIGFTILSTMVILVMIAMYTQVLV DMIQSIRYDRFDKVLNIVTFVM TVLVSGILIMFDI	61	ORF231 [Fago G1 de Staphylococcus]	7e-11 (37/61)	No se han detectado dominios putativos conservados
182	120293	120607	745	MKAIVYCAKRYSKHTLKHILEEL EAENSOLFTEISDLGEVDIV QHTKLPELMDLCSKVSQGS DRFYVFGVGNHSGYINGDLYIN EIGKFTSRETIVMM	104	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados
183	120621	120938	746	MIERLVEGYDKSOLKFNMLKKIK RVAPRELTYDIEAGDSVDVNIIE DVLPKSPQYERYSMILLEED LWVILESGYIAYWDGKKGGE ALDDIYNMFKGRRL	105	Proteína hipotética KgORF117 [Fago K de Staphylococcus]	1e-22 (56/99)	No se han detectado dominios putativos conservados
184	120938	121234	747	MEVFLSKDYDKLLKAYLEYIR KSASRELKYNTHHTKGTDVNIE NIISYTNQEVHHESSYGMYRDD LCVFDINTRVSEYLNGEVPGVD TITYKIKEM	98	gp ORF185 [Fago ASW de Staphylococcus]	6e-19 (48/98)	No se han detectado dominios putativos conservados
185	121238	121495	748	MFVYVYTVYHRSQSMKTKDKLD RSGLYFLYETWYKQINNVCPS NYPFEGSLNKIDIDIRLIEAVN EEGILLNHGNYTVEEW	85	ORF175 [Fago G1 de Staphylococcus]	2e-33 (70/85)	No se han detectado dominios putativos conservados
186	121593	122201	749	MIDIEIKWDETLMQVEEEDVL SFLSKFNKTTGQKEESYGVL DESKWKVHPFYTRYEVHPEGY VRLKOTKTPVIFTYKRELHHK PQFSSNIMDDGKHTVALHKL VADTFIPYLYLQGYNYTDLV GLKDDGYENKEAVKAYNLAWY VGIIRGNAPMIKMLDLEDDRL YFASIPQIENFIRDNKLDPKRFN YKTE	202	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados
187	122667	122413	750	MEKFEGTKEELNKEVHLLKK VNYVYQVNIENELRNLDVKE KDYLSLSVDYNNWLMEEKQKD GYNDLASAIYEYIETLYN	84	No se encontró una similitud significativa.		No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 10MM

188	123008	123316	751	MDVKEIANTIMELWQMDGYRC TEPPLYESTLNHTRTYTALVSI KGNVDTVMFRKTPIMSMRGQ AQPASMLVNVDDVIVVYENVV YGVQNKKEIKFIEI	102	ORF145 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241031.1	5e-52 (99/102)	No se han detectado dominios putativos conservados	
189	123520	123807	752	MTNKNLYEEAHTVQGNITAF RIPNDANGNPRVYVHFMDLNK LADYNINKLYGFNKYRAKWF GGGVFGSYNIEDTLNFALDKV 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	MKFKIEKNNSDKTLWNLAANG YMSYQTVHINIKNESDEFIFNS KQTYNKFMEIYRNSAIQ	63	ORF221 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241033.1	6e-28 (62/63)	No se han detectado dominios putativos conservados	
191	124566	124724	754	MLKFKWKNKTKSTQKTDNILL IIGGLVATITPKLVNWFLLQDNI NIFLR	52	ORF253 [Fago Twaot de Staphylococcus]	YP_238667.1	0.012 (21/38)	No se han detectado dominios putativos conservados	
192	124794	124925	755	MKKITITLNLGKMKNNRFTTEL KNYRQDVITFLKANKVYKSK	43	ORF297 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241036.1	1e-15 (43/43)	No se han detectado dominios putativos conservados	
193	125091	125414	756	MKFKITENLLTKAENKGAALN GRYDGYRNGELEEKYAEIIEG NKLVMRHWGTQTEIDLGKMEI VSYYGESNSDRDSLNTLVYCL GIAPNFRYLPKDLFIYEN	107	ORF135 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241037.1	2e-50 (97/107)	No se han detectado dominios putativos conservados	
194	125514	125915	757	MFKLQNKVEIIPKTYTNSGKEIS SPAIKEAVNNATKICGGCTITEI KGQWWSDDQIRIMEDDNLNL EWYYDKGMQDMNDQQLLOA LSKARQLIVFYEQEASIKINGT LYIYIEDLDLLSYDLVELMFKN	133	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
195	126409	126630	758	MNRLEIVKDTAMEYILIMDNVS MDGVMTOEEYNEAVSFVKYVD YTLSEANQCKFLGGKVLTLV HEAIEEYA	73	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
196	126711	126848	759	MRYEIVTLVNGELFMFATFKKA EAEKNYQEWCDLYGQENV/SM EKN	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
197	126919	127083	760	MTKTIKQLESQLERLERKSDEQ LANGYEEAFERTCAQIRELDLQ IELKKNSETV	54	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
198	127321	127557	761	MKLLNRDNEVISIATLESVKQA LIWEYIDHNNILDSIYDQEA VWTSKTLQSIKFAOTMEDLOEYI	78	gp ORF194 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89187.1	1e-30 (66/78)	No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 10NN

199	127649	128122	762	ADINWKLV MTNTIKFLQTEEAATYKDVAT HGVSQGAIGRLVYSDWKFFD RHSQIEAVVLDLFEGFTGORY YDLDDYLMRELEHANVEFE DEDEYNNIOFLAENIASDEIEG FEDMDAEQADAVIEAMDIVE LEILDOTKVOFVNLAVEVAQQ MOEA	157	ORF092 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241038.1	3e-63 (120/154)	No se han detectado dominios putativos conservados
200	128202	128366	763	MTIKEINQLOAVENKELELVC DKEGNNISKOTILFDSEAEHTE NNPLGINV	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	LNIREVHVNVKSAAKSKLLQEQN NINNVMIIDYITEELHRRRTORS GTQMNNNTASYSNGSYGSLE 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	MRLDLOERKRELKTLFLNLAIEK NRATDETLRSVLEEAHQEVGN QLRKVRKEIILVEEKEREFPWN DFDFNGLD	73	gp ORF003 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB88994.1	2e-28 (64/73)	No se han detectado dominios putativos conservados
203	131537	129258	766	MPHLKAYDKENILAIQYNNVT EQGSVIIPNLKPHTKYPOGEFY VSWEGONYESEKTWPEFTTL ESSYKEITFYAKDILTVPKPTAY DIAVDNGFTGTEEEVWKSIGKE PGEPGKPGEPKPGKPGKTG EPGKDFTFDRFTEEQDLSLRF VNPSDSNLOEVNKTMEDSLIVY PONGEDIRLYPSTVDKTYFSNIT IRNSIPENTMNPQGSFTLNSNG WLFYTVKAVEKLAPGKTFSAKII TDDVDPKASFEYSQSDSGSY IQITITQLNKINDTTFAINNINPEN SSKISLRIDTROVTSVNIKQFL LFDGSSTKKIQTIVNNEEFKGLI KEIDNMKISMKKTSTYKIPVFTP VDYLKDHPLVNNIFDGLGKFS TSLNMENFKLRGKSYVVDGE NGNDTNDGLSQSTPFKTFKKA QGIINNGDTLYVSDGDYFRVGG TLLPPIPSNKSINIIGLGSNNLFM ADEPTWTKTSGRDSTYEFTRS AVRRVDFNNOREFTNVTSLD KVDTTLFSWYSDGTYKVVYNNNG	759	ORF002 [Fago 37 de Staphylococcus]	YP_240100.1	4e-105 (251/690)	No se han detectado dominios putativos conservados

Figura 1000

204	131859	131602	767	85	SIENPKKVVPLSSOHLVSSVP TDFYENLNL YGGARPARFELN QDSNYINNCVLSYASQVNGN GLEIVGGKEVINNSVANNNYM DGFNYHIGADSSKPLVIEINCTA LENGFEKGTAGTKSNNGSTTH DGLKAIRVNGIYARINDGGNVAD VNEGTSWNLGCTAFESYOGK DFQTSSGSHMWLDSCAYGST NSINSSDPNSKIYTRLGSYQNK LILGEEKY	gp ORF004 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88995.1	8e-31(65/76)	No se han detectado dominios putativos conservados	
205	132119	131874	768	81	MKLYQVEHNCPEYEDNFHFR EDNYVTNKEKLIKRIKEGYRE ETNYRGEOEFKGDPRGFGDM DMITHLHNVDCDINKKGN MEFFIDRTSTINKPIEGAVIKKL ELVDOKGNPFTLERWCVEINSL EELTEISKHEGEVINTRGDSFP SPYLEIYYRE	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
206	132289	132119	769	56	MERFKVKRIITTEEVRYIDAETE EDAWYSVEYDEGDTAHFNA EYGEWSYEKEN	gp ORF005 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88996.1	1e-19 (49/56)	No se han detectado dominios putativos conservados	
207	132773	132291	770	160	MNKTFFKAIGKNTLEYSKQGLG FLVALLMLILSVFLAIIIPAGII YGLYALDINNYFITMLVTVEWFI LYGIVRTQDNKKPFVKLKLKY LLTILYLTITATSVLESVLLFKVL PFTGOTRAVITLLSFLFLAVNR GICKVIVSYKEYKEN	ORF087 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241049.1	4e-65 (129/160)	No se han detectado dominios putativos conservados	
208	133017	132766	771	83	MEFKKHKEEEVKKQDINFIHIV SGTSTIIKOKDTKNLNSFIIGL VFNGVKFLESNKGDTSWFKD NIHIDTVYYKEVADE	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados
209	133262	133017	772	81	MAYEYKNIQDITDNENYWCID NEKELEELQEVYQKAEAFDEIV NEFHQLONLESWNTLDQKDC QTLKOILEENIKEE	ORF103 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241047.1	3e-17 (46/51)	No se han detectado dominios putativos conservados	
210	133682	133266	773	138	MNIKYIDLVLNCOVVRLEPKD VKRPHVGGITEGIDYGTSHISR TRRCTYFGILIDNPKESQVGF YPDNTNAYEMTAYSQITADIIY DDOTNEYTYVDFNEYNYYNIN QKNEYNNMILEVTITESNIEE EG	Proteína hipotética KgORF2 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024433.1	2e-61 (121/141)	No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 10PP

211	134191	133697	774	MIKETKEYIMFWGKEDIYSNFP ITFKHGRGTENNSEQAFNWRK AQYFKDWQIAGELLNAKHPNHA KSLGRKVRNFEQWNVRY DIMVEVVKDKFMTHLKOKILD TDLRKDFEASPYDKIWGVGK ANDPKILDESNNWKGONLLGV MEDVRVHCYVNRK	164	Proteína hipotética KgORF4 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024435.1	1e-84 (146/162)		Proteína de Riboflita conservada hipotética de fusión, ribA/ ribD fusionada	TIGR02 464	2.80e- 55
212	134602	134204	775	MKKRYFKGLKLNDFEKFVGL KKNKKYKMKNELGRNPKYW NYDMSFFQLYADLNAFVSSN HYDMEYHFTDIEGKERTQIDM IKHLSLQFYHESMDSFVDNE DEIEQVONKILDNFKVLPSLWN	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	MAIYVVDIHGEYOKLLTIMDKI NNEKPKETVFLGDYVDRGR SKDVNYIFDLMSNDNVVTL GNHDDFYNNMENVDRLSYDI EWLSRYCIETLNSYGVSTVTLK YSSVEENLRSNYDFIKSELKLL KESDDYRKFKILMNCRYKYE DKYFSSHSGGVSWKPVVEQID QLWSRDFQPRKDGFTYVCGH TPTDSGEVEINGDMLMCDVGA VFRDIDLPIKLEGNLS	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	MVNLPSVYDAEGEWVTLA KPIAEVFKIMKADYLEHKGNG FFISKYKDGSSIEQHNVVVFY NEKOYDTMELTESELTALNEY IDYTLGKYPKPSLNNFINLED YGYRLPVNFEVDVTHILSDGOK FTYPRTSSTNNASIVDAKSED QYIEVKYTYNDHAIIDDKLAHGN 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	VERTNLVDSKGLKKSSEKIT GASAKIIIEKLTPTNYVSQGSFKI SWTINGKESILTDPVEFTTKSN EDKQEVNFTLNIDSNSFVVSET 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	GGACUCUJAGCUJAAAGGUA AAGCCCAACCCUCUAACG					ARN1-Met			
1b	>137359	137279	780	KYLLKHSKEADIRSTSKMDSID KLT	26	Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024439.1	2e-14 (25/26)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 10QQ

orf	Función putativa
1	proteína de cabeza mayor
2	proteína de anclaje del núcleo de la procabeza
3	proteasa y proteína de anclaje 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	fibrina
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

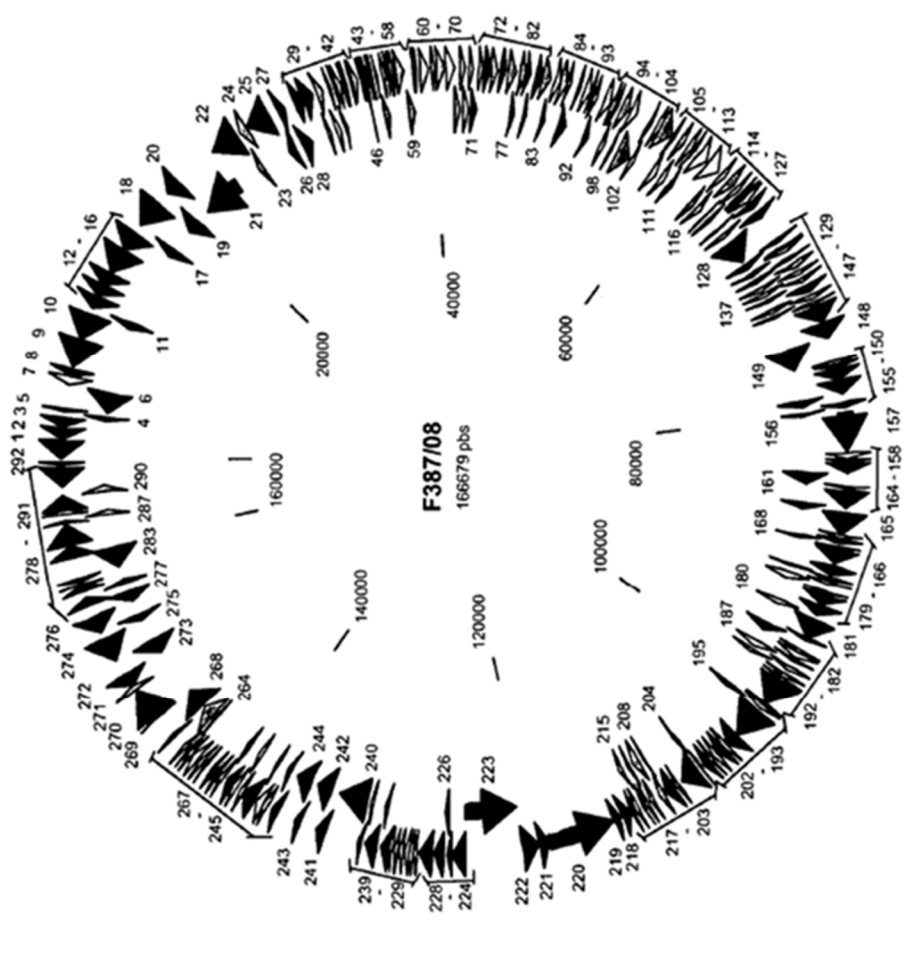


Figura 11A

orf	Función putativa	orf	Función putativa	orf	Función putativa
29	proteína de finalización de cola y estabilizadora de la vaina	127	endonucleasa VII de empaque de EndoVII y de recombinación	192	subunidad de ADN topoisomerasas
30	desoxinucleósido monofosfato quinasa	128	subunidad grande de NTP reductasa anaeróbica	196	protector rIIA de la lisis temprana inducida por profago
38	ARNt 1-Tyr	130	subunidad pequeña de NTP reductasa anaeróbica	197	protector rIIB de la lisis temprana inducida por profago
39	ARNt 2-Lys	133	glutarredoxina	199	endonucleasa IV
40	ARNt 3-Asn	142	factor sigma	202	proteína de disrupción nuclear
41	ARNt 4-Asp	147	alfa-glucosil-transferasa	205	subunidad mediana de topoisomerasa II
43	ARNt 5-Met	148	subunidad de endonucleasa de recombinación	207	promotor medio activador
44	ARNt 6-Gln	149	subunidad de endonucleasa de recombinación	217	AsiA anti-sigma 70
46	ARNt 7-His	151	ARN polimerasa de unión	218	holina
47	ARNt 8-Ser	152	pinza deslizante de ADN polimerasa	219	catalizador de montaje de fibra de cola larga distal
48	ARNt 9-Ile	153	subunidad de cargador de pinza	220	proteína de la cola en forma de L
49	ARNt 10-Trp	154	subunidad de cargador de pinza	221	conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga
50	ARNt 11-Gly	155	proteína represora de traducción	222	conector de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga
51	ARNt 12-Pro	157	ADN polimerasa	223	subunidad proximal de fibra de cola larga
56	ARNt 13-Met	159	inmunidad a la superinfección de proteína de membrana	224	subunidad proximal de fibra de cola larga
60	ARNt 14-Leu	160	timidilato sintasa y pirimida hidroximetilasa	225	RNasaH1 ribonucleasa
61	ARNt 15-Arg	161	beta-glucosil-HMC-alfa-glucosil transferasa	226	proteína de unión de ADNdc
62	ARNt 16-Thr	163	proteína recombinasa similar a RecA	227	proteína accesoria de transcripción del promotor tardío
71	hidrolasa nudix	164	chaperona de ensamble del vértice de cabeza	228	cargador de ADN helicasa
73	lisozima	165	ADN primasa-helicasa ATPasa	235	proteína de unión de ADNmc
75	proteína de cabeza interna	167	precursor de proteína de destello	237	dihidrofolato reductasa
79	cofactor del radical glicilo autónomo	170	subunidad de ADN primasa	240	timidilato sintasa
81	ARN endonucleasa RegB específica de sitio	172	dCTPasa pirofosfatasa	241	subunidad grande de NDP reductasa aeróbica
83	modificador ARNt-vallil sintetasa	174	proteína de cápside externa pequeña	242	endonucleasa II buscadora
87	timidina quinasa	178	ADP ribosilasa	243	subunidad pequeña de NDP reductasa aeróbica
90	regulador de la inhibición de lisis putativa	179	factor Srd anti-sigma	244	ARN ligasa A
92	regulador de la inhibición de lisis putativa	181	ADN helicasa	245	inhibidor de la transcripción del huésped
120	torredoxina	183	exonucleasa A	250	polinucleótido 5'-quinasa y 3'-fosfatasa
125	inhibidor de proteasa	186	modificador cof de ARNt supresores	254	dCMP desaminasa

Figura 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

Figura 11C

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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	MKKNKLIKWKOPPLENEALPEIV GASKKALIAKIFENOEDINQAP EYRDEKIAEAFSGFLSEAEIGGD HGYDAONIAAGQTSAGVTQIGP AVMGAMVRRRAIPNLAFDICGVQ PMSNPTGOVFALRAVYVGKQPL AAGAKEAFHFMYPADAMFSGQ GATEKFEAVKAGAAALTVGDIVV HDFATQGRAMLQWVEDFTVDA GATDAAKLDAAVTAALAEAGKV EIAEGMATSVAELOEAFNGSKD NPWNEMGFRIDKQTIKASROL KAQYSIELAQDLRAVHGMADA ELSSILATEIMLEINREVWVINY SAQVGKSGMTQTVGSKAGVFD FQPIDIRGARWAGESFKALLF QIDKESAEIAROTGRGEGNFIA SRNVVNLAAVDTNVSPAAG 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	MKELLMTEAKTIDASVALDSIF ESVOLSPKAKANFSTVFEATVK KHAVALAEKHIEKAEKAEKVE EEKEKAEAREELKEAASKYF DHIAEAWMAENQLAVDRGIKAD LFESMFVGMKELFVEHNVPIE ESVDVVAEMEEELAEQKAETA RLFEEVSKRDEYINYAOREYAI QEATRELTDQKEKVSLSLTEGM DYSDAFSTKLKAIEMVQGSVE 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 KPMILESIIVEGENESGLKPLYI EGVFMQAEVNVNRNRLYPKRIL ETAVSRYSRIKEQVATROALGELN HPPRANVDPMQAAIILEDMMWK GNDVYGRARIIEGDHGPDKLA ANIRAGWIPGVSSRGLGSLKDS GKGYNIVQEGFRLTVGVDAVW GPSAPDAWVQPKQISENTSAQ VANSADDAAFMALAEKLKAL	216	Proteína de andamio de núcleo de procabeza y proteasa [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861875.1 3.1	4e-95 (175/212)	Proteína de andamio de núcleo de procabeza y proteasa	Popidasa_U9	pfam03 420	2.86e -88

Figura 12A

orf	Posi- ción de Inicio	Posi- ción de deten- ción	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 VSEPDIAIALGSLNESLQINEFIV KHVDSKGTITRTKDRKTRERNA FQTTLGSKAKRRQIARKAVKSK RANPSAQTRGLRKRKALKRR 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	MENYISAIERSDLVAAKKAFGAI MAERTSGLIEERKKFIAASVMIE GEEPDDEDEDEDEKSDKO 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	MAFHILDLFAPWEKROEAEYKQ QINNDLESITAPKFDGAREVE SNENEIQYNSFNQIMFGSNEP GMKTTADLINTYRSLMNYEVD NAVEEVSDAVVYEDGHPVVS DLSDTDFSOAKDRILEEFNTVL TCLNFERKGADHFRWYVDSR IFFHKIVNTKMKDKGIQELRLD PRNLQIFIREIVTADDAGTKVKG YKEYFYDTGKESYYADGRLYS AGTKIKIPDAIVYAHSLVDCS GONIIGYLHRAVKPANQLKLED ALVYRITRAPDRRVFYDITGNM PSRKAAAHMQHIMTMKNRV YDASTGKIKNQHNMSMTEDY WLQRDQKAVTEVDTLPGMSG MSDMDDVRYFRTALYALRVP LSRMPDANNQGGVQFDAGTAI TRDELDFAKFIRRLQHKFEIIML DPLRTNLILKKVLSKDEWEDEIN NIKVFHKDSYFTELKDAEVMER RINMLTMAEPFGIKYISHKTAMK DFLOMSDEEIEQEAQKQIELESK 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	MFCTYLTYTGKPKPRRYGSGTS VSRIDENYHGSVKSKYKOLW KSEQHDNPHLFKTRILNTYETR EEASKAELELQIKYDVVKSSSYI NMALAQPNQGGFMSTKGRKMS EESKEKQRHQLGIKRPDHSIK LSGRKRDPDHSKAMSGERNPMF GKEHPNKGKKNQPRMTCPCVC	195	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 12B

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GVESTRSAMRYHKACLLSI								
8	6203	5712	789	MELTDITRAFESGDFARNLFE VEIPYLGKRNFSFKCAAMPAG IVEKVPVGYMNRKINVAGDRTY DDWTVTYINDDKHEVRKAIW QAQAHQAQNDISGMTPADYKK VATVRQFSRDGKTTTNEHTITGL WPTNVGEVQMDWDSNNEIET ETTFADWWWE	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	PHA025 51	5,59e -72
9	8304	6331	790	MPLVSPGIELKETSQSTVVLN ATGRAAIVGKFWGPAYQVTQI TNEVELVDMFGPNQADYF MSAMNFLQYGNLRTVRVNR EAAKNASPLVDNIEWTITTAGS NYEVDGKITVYADQTVDDTGS VTEVSDGKIKSVFIPTSKIIAYA KSINQYDILGSSWTTTITSQSS GVSAVITLKKIESTVLLTEHET AHEEMTKTEFQALAQYKMPGI VAAYPGELGNQLEIEIVSKAFD KGEQLTIYPSGGQRASTAKAVF GYGPQTDQYAIIVRRDGAVVE SAVLSRQDKDIYGNIFMDD YFSKSSRYVFATAQGWPEGF SGVIRLGGVSVANESVTAGDLI QGWDLFGDREALRVNLLIAGAC AGETDEIASTVQKHVSSIADER QDCLALISPRSTVNIPLTRAVD NLIDWRQGDGTYSANMNINTT YAAIDGNYKYQYDKYNDVNRW VPLAADIAGLCARTDDIAQPMW SPAGYRRGQILNCIKLAEPROA HRDRMYQAGINPVYGGGTGEG FILFGDKTATTPTPDRINVR LFNMLKNIGDSSKWQLFELND NFTRSSFRMETSQYLAGIKALG GVYDFRVVCDTINNTNTPAVIDRN	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	PHA025 39	0,0

Figura 12C

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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								

Figura 12D

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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	MEQTQPFNVLSDAHPNDGKL TVIRHPSEMETKIENGVRFFKS QWDDKWYPEKFEDYLLKHGIV KIRLOGEDPAHFQTFKDKNKR TRYMGLPNLKRANIKMQLTREI VAEWKKCRDDIVYFAETCAIT HIDYGTIKVQLRDYQDMLEIM AAKRMTCNLSROLGKTTVAI FLAHFVCFNKKDAGVILAHKGS MSAEVLDRTKQAIELLPDFLOP GIVEWNKGSIELONGSSIGAYA SSPDVAVRGNSFAMIDECAFIIP NFIDAWLAIQPVVISGRRSKIITT TPSGLNHFYDIWTAAVEGKSGF TPYTAIWNVSVERLYNDEDMFD DGWQWSLQTSASSLEQFKOE HCAEFHGTSGLISGMKLANMD WIEVTPDSHGIFYKFEAEADHK YIATLDSAEGRGDYHALNIIDV TTSEWEQGVVLSHNTISHLILPD IVIKYLMYNEAPIYIELNSTGVS VAKSLYMDLEYENVICDSIVDLG MKQTKRSKAVGCSALKDLIEKD KLIHHRATVQEFRTFSEKGVSV WAAEDGYHDDLMSLVIFAWLT TQQKFADFVKDEMRLASEVF KRELEDMNDYAPVVFDAVN 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	PHA025 33	0,0	
11	10663	10154	792	MSELOLDMAKLLDIEGPIGIEGQ EIPVYEKLELVEVKSNNPNDKRP DLEDYSVVRKNMHFQQQML MDAAKIFLETAKNADSPRHMEV FATLMGQMTTNNKEILKLHKEM KDIITSEQVGTGKGANPQQGMN IQNATVFGSTADMMDEFGDA YEAQFAREKIVNGTIDTV	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	PHA025 85	2,22e -59	

Figura 12E

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
12	11484	10660	793	MFGHWYNSSLRRYIVLLGDLFS HVOIARWREDTGLKYIKVPITYA SKEKFLSQLGKWTAIOSTENKA KIETVLRPMNLHLVDMQYNAMY KTSQNLNRKTSYKTPSKITSQYN PTPIKMFELGIYTRNODDMYQII EQVPYFQPHFNTITITELYDKOT SFNRDVRVLOSFSODEAVDGD NITRRRLWSLMFEVNGWLYP PVAEIDGIEIRTIYLDFFANSKELT PEGNFESVDSEVTPROVQHEN WDGSSKQTYSHDIPVPVPEAP GPRGEK	274	Proteína gp15 estabilizadora de la vainita de la cola y de finalización [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_002922250 8.1	4e-113 (194/273)	Proteína estabilizadora de la vainita 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 ETEILNPVYVNFYHNRSQTLAD ALSAEAIQMRGIEFYFLPREYNN PDLLFGEDPSSKFTKAWKFAAY LDSFEGYSGDNTFFSKFGMMV NDEVNLTINPFLFKHOTNNSEP KAGDLIVFPMDSNLFENWVQOP YDPFYQLGQNVQRKITAQKIY SGEQLQPELQORNEGINIPEFE LDLEPIKNIDALADISDIQYAESD EINKEASEYVHPYVYVNGRGL 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	MSYNTYNPKTLKDALRRRLGAP VINVEVTEQIYDCIQRALELYG EYHFNGLNKGYQVFIKDEAD NARFLNGVFDLGRNRFVFTQI VRTNVGSLTSMGDNATYPWFT DFLMGMAGINGGMSGCKNSY GPNAFGADLGYFTQLMTYWSM MQDLLAPLPDYWYNSDNEMLK VMGNFMKGDIIVCECWTKSFM NTDAMVGNATAGYGFAGPOTAD HWGLGDRYONPDLRNNQOYA GEGNTNREGAYNNRWKDYA TALTCKLWGEILFKHOGQLAG GVTVDGQTLKVEAOEIERLRE 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	

Figura 12F

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
15	15071	13305	796	MTKLVDLSPFVDGIPDDFOORI NWIKNTEPLNGASTRYGNDGE LNRASVQIKNVVQVHNDLNNV GTAVENIQVDVDQIKKSLEITGS SDAIEQVYINKKIEKHGQILKL EEDTEKLRDLDLFLEEDVGVD SSKDDYYRTVRDNIVWKREIG AYPGQDINGQPKQDSPSGMK YRIINNASAIVKHDERIQALEDAY NDSVGSLSLTIEVNDLRKEVGPK SGATSASIYARLVNNADAISAAN NEIFAINQAIDFTNPVKIGARTTR LENDYRIVDATLNFQOTGLVPR VNNIDARLGSSDKPDTIEGKISS LSTDQGYISDVVGRDTSGLQG QVAVINQQVGIVPSEQPIPPGSI LARMTNVEGMQNSQQSAIQDI QVELGNNNEGKGSVFTLOTQ MNGDFSSENPNVQRDGVYATV ELQDKFVTATVDVEQAGAYLRK QGEWFKPSSIGEFSEKEDFTVD LSSDALVNPNSLVAAPFNAGIRI VDDIVDDDGVCVETDVTVEA SDSKGKVKVILVNNIEVFSYGL GVKAVTGEQLIKTKKLEFSSGD AIKIVYRAASEESQVLVKIKSLDI TIHPAV	588	Fibrina [Fago KPP95 de Klebsiella]	ABH10666.1	3e-124 (221/225)	Fibrina	wac, fibrina	PHA026 07	3,25e -111

Figura 12G

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
16	16426	15080	797	MAQNNYNYHSDLAKYTIIDPTN TQWPVAKDVQSALELIGSWAR TDTGLPVASPTVAGVIRTATQA EVDAGTIGNAAVTPATLKSTVT RPEATTVLGLTRYATNTEAAA LTAGNRTITAAALGHVFKTVKA QENVDTGTVRLTTAAQAQAGTD ETTAVTPKRVWEMIGKFSVSP SYTSATESNLGLVRVATQAQVA AGAVHDGYAVTPKTFMASKAS DSVFGVKEAKDSVDASATSN LAVTPKSLQALKSTKDKYGLTR LSGSPTTDASLAAAATDAVFKT RRINGKTLNDITITNDINCYT RQESDGRYMPAGTRVGNVTW VEGQSWISRGATFTCNAPWEA SSRLALNVNVKFERNNDGYDN RIFRFVNVNGSQWGGELTNI NTKGGRNHGSWRFEAYASSNF FFNIPPNAVQIRPTEDSRIIFY DCMLTFTCNRP	448	Fibras gp12 de cola corta [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358004 3.1	2e-52 (123/310)	Fibras de cola larga, subunidad proximal	Fibras de cola larga, subunidad proximal	PHA025 84	3,81e -17
17	17097	16426	798	MTIETKTREGAKVNSRLAIFSE YRVDPNIAVGNTPAIGSLTFE QMDLGWYYPNTEAAINDLSL QSAEIGTICNDTGISPQPAQKIT RATFSGVVALEPKEDGSVGD VIIHILGLPIRIANGDDFAAVATR WYDKVKELEAVGVVQQVTQS PATPYVDIHLDYQNHNFETYK KYGLTVEFTITSPAKAGYGQWD AIGNESKTFGANTTFHYFRM G	223	Pasador gp11 de cola de finalización de cuña de la placa base [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285411 5.1	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	PHA025 8	4,15e -49

Figura 12H

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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 GGLKINNFFDLYSELGDGVSVP FAAGAWKTFKASPTGTTLNAKF GOAFAINTOAARVNVQLPKGTA NDYNKVIKLRDVAWSTWRLSPIT VIPAQGDTLKGSASPFIENFNQ DLELVYCAPGRWEYIENKTVDK LTNGNLSTVAKKSIATAGQTDK LNIFDGYNEEDSLNRYRRGNIL YYGETSVMKANADYGSPGT AGQLVELNGKIRLKVPCVEGE VITFETLDGIGVYRSSYNKLAJ QIRDSAQTTSTQIPGSIIVNLTA LRRITLDDMGVLPVGVGNPNLS EISLNGKELLEAGTAGLPLFYCE GAEGGYAEDCINNGGQWVNS NODYRLEFDSGTGNVEAIIIFGEA FEDKDLLTVRFNNIGTTMDI DDIMAEQDQVYMNAEQLVTLKN RIEYTYDEPNQKNMRPVADDI MIKVNIAAFFDVYPIGTIYENA HNHANPADYMGFGWKLYSQ GRVTAGWNNDSDPYFSRNN NNLNENGQPSLTAGGTGDLT FTLGKEHIPELMSRDKVLISDPE HGSVIGGQCQLDPAQGPYS KYREDTAVNNGVVPNDITKIQ 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	MYTDKGGKIIDVGEIGNASTGDI LYDGGVKINDNFDAIYNFADQ RLFAAGGGALNQIHAITSYQK IKFGDANSAGTVPMGSCIDADC SEGAVQIRLSKKGAGEAVFVN SNGSASKARSIKTTNGEGVAD AFKDGSRLEIINTPRCIELWCV EVKANGAAVWDYSSISMFST YSPLEATYNTLSSPINIRLGYND DYSTVKLLLSFSANPGGQTIKR QSSEVMLMIDPTTSSAPNGRV FDTEYAVLRSGESSENEKMYSI SYSINACKDLICTASTSYGNARL AVKVIATQTVGVSVQ	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	

Figura 12I

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e Identidad (238/330)	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
20	20924	19899	801	MSNSTRASSSTRSTIYRAITSKF RTEKMYTFYKSGIGDQNTLY VSFGKSTPWSNDESEPGFAPP YPADNGDGVVDVWTNMGAV KIESMLDCVVPDRDWDTRY PNPRTFLIGDIVVANSAPYRTD AGFGWMVYRCIDVPKDGMCSI GNLTSKEECIKLGGKWTPTIS GSAPRGRGDANGTVDLGGYL WEYL YEIPADVSINRCTNEYIV PWPEEIEESPARWGFQNNLTW QONDFNLIRMKONTIRKAYL DAVYFPEFSLPGNTGFRQLSIIT NPLEVPMFNPSPNVKAEKGWY SASGLERQSGEMMYMENRQPII RSMDOETEELNLIFF	341	Subunidad gp8 de la cuña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159528 3.1	9e-146 (238/330)	Subunidad de la cuña de la placa base	Subunidad de la cuña de la placa base	pha025 80	1,08e -164
21	24015	20917	802	MTIAPFVTSIRIHKLSANQVNR WDDVGANFYFVELAETRNR GELIADNLSWSSLYGTADNDW FEQNRIEPLTYKMRVQTTSG FEPSEWVETEEFQTFEENAYTF EHMQEESLVKEFIKQKFSNNM SYVNFNTSAMMASLMTESFOF SPEYSHLSAIENFVVGESGYHEI QGPIEAVCVDKNRTMLGEIDGIL YLFERFQHMVKVSNKDGQNW QYVQLFNDRVGNPVSRYWYQS STTSYVLGYDKIFYGRKSSDVR WSSNEVKFSDNEVTFKLGQDQ LKLGFEEVLFQTYASLPADVTK YAEAFTCNDDHLVYVAKDTVRR VKLKDAPIDTDLSPTFGEKVFE KEASHITGNPKSVCFKMDSVG GKIFALITGEVKTGLDPTDPRN VDSATKGVVYVQEDTNTWKR VFGNTDEEKRIEHLWTSMTD GKEIFFSSANFKTTEYTQDIELE TKYPELISTAVKNVPIQYHSDK HYHMMSFRADEFSRWETFPVG PMRFYAEPWFVWMAREGNRC WISTADHAVIYNDILYOKRVDA AAQGTTERVLSEVWDKGDATF YCPPVVSFNGFLQYASGIMFHEP	103 2	Iniciador gp7 de la cuña de la placa base [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373429 5.1	0,0 (667/102 9)	Iniciador de la cuña de la placa base	Iniciador de la cuña de la placa base	PHA025 79	0,0

Figura 12J

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				DGKLIGYYAFDYRVRDQVTLN WKPTDVMFKAFQONQTRREEDW TPEHTPGLRDPDLRPYLTKMM PDSYLLQDSNFEQCKYYLQFL SDGNTHYNSLVNLYKNKYPR EENAWEYLWSEVYKRNLYLSDK ARDAVRRFFEARKNDFYATKGI EDSYKFLKLLYNEDVEIDIESK NTTEYDIIVESTNISDDLVRITTY TASGRSNVTYIEREYRDGRLLW RITHNLSGRFIEGQEIKSERTDF EGIIVQGVGKDMLSNNIDYINR SRSYVVMKIKSQLPTSRFRDDV LRFVHPVGFGFIGITLLTMFINS GLNMKHVETIINKLYKYWDAG LPSVYPDRVAIASDDTIERDPIT NEPRYSSRAQAGEPFPPLPANY NOENNNISIAQGNPGORRKPLS PTFDQSAVTFANYRDLVNQRLK DDAGNPRDPENPTQVKIDE									

Figura 12K

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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 GATFDEIKNLINWLSGQKEFQ DQDFAGSRUNVLLDLAYNTLYI QQFSNTALYESFIGTANLRSSV VQAAQONGYLPSSKSAATASIM LEVTHMNPSTLRVVRGTFK LAYSKDKANPYNFVVTENVA IRDNDQKYWPVIVNLAQGRIRTO LSYDPKKPIVRDQSIDRKQVKL WVDGAETNWTDRSMVHASS ISTIYIMRETVDGNTTEFFGEG VAEASVAGGVLESNFIGGLKPT KGAQVIEVIRTDGEAANGATE FSYADTLQYVIVNRIENWSDSP DYVGADGGGEPEDIERIRELAQ IKRESQMRGVSKTDYESFVSSR FGSVQAVQCFTDQDKPGYAFI AIKPKSGLQLTAVQREDIQDYLK PFCLAPITPSVNSPDYLFIRHNI KASYALNKLQESQWLSQKIID SINRYVDEVEFMFNKFSKSL LTYIDTDHSHIIGSSVDIQMREI VNYFTLPSAGIKYNTITPTLR SGDLVFTVTPTAEPYSNIVGT DPKNGKGNMVGPFKPGDIKE NTHIQPYTENDFRTTIGERTR WYKIGEDVYYGDNWYWSLGAIG ADPQFEDQSIELYSTPTQDIVF 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	MAGLSFNKCLTAGHSAYPPTTEV NATQSKVFTGGIAVLVDGDSITP HTKTVDPHDTHGGVWQPRTSK VFVTGKKAVQMDPISCGDTVA 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	MADILPINTTLREVIEGEVVEQY FTAQLSTNETLKSINIDYQPVSD ISVSETHYKGNYSVFTFGNDV LKRYREGDELKSASAWEDLPNP KTADLYLWKAPRTLEKFTFTYV EIIYTVTESSGGSSGSSAPIIT EKKKOKIYSQTVKGNWSRWGD 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

Figura 12I

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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	MIEMNSLKWFTGVVEDRQDP LKQGRVVRVYGLHPFEKVQG AITGLPTEDLPWMSVIQPTNSA GISGVGSSITGMVEGTSVFLW LDEKTAGLVIGTYSARHTKP NYTEGSDPTGQYPRQVGSST NPLVQGETGYSAIPNIQDRNL DIGINPDDADLSDIPEDNPATI TDMNDRDEGLRLKYVWDTEGY PTVIGIGHLIMAQKVRDMSVINKT LSNQVGRVTGPNPGIITMDEAV ALFKKDRDKMLSDIKTNSRVGP VYAKVNSKQMALENMSFQMG VGGLAKFGKMLDAMLIGDWKT AYTEARNSVWFNQTKGRASRV SMILTGNMESYGVPAKPEGK NLSAAYVEPKSGGPNEDPWT EDSRILFKEPSSYNGQYVWH TMETESGHQIEFDDTPGYERYR IVHPTGSYEEVAPDGRRTKTV ADLYDMTQGGNLIIGDKKVN VGGNETYNNYNNRQQIDGDN TLVYRGNETKTIEGNGTIFVKN IKIIVVEGNADIQVNGDATTKVDG NHDVTYGGNLTWQVAGTVNW NVGGAWTETMASMSIAQGQY 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	MLFSFFPIDYSAKTVKGAKAK AIPADIFRNYRKYFDTVAENYL LQTYISGAPRPEELAYILYNS OLYWILLMCNNVYDPRDWIKT QDACYQFAQQKYADVGGDQIL YHVDAYGNRYNNLEQYPENSG WYDYGDFNHQYQYTGALAG VDIYEDSIENEKLRQINIINPSDI EAFLSDIIREMEKAPDSEYESG RYKSQTTIGEV	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	MAYSGKFMQNHLHYKGDGRK ITYRSTWEQYMMRWLDNHPDV VQWNSSEVPIPYFSNADGKKR RYFMDFWAKFSNGQQFFFEVK PKKETRPVPKPTKLTTSAKKRYI DEITYWSVNVNDKWKAAQATAS	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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
				KMGIEFRLITEDSLKLGWKG								
28	29634	30461	809	MAIFEFITEAAESPKAKSRSENQ WVALGVEYSAAKKGMTSKSF AESKGINPATFSKAMARHASRI KTAIKVAEIEKKPANKMTQERA LMVNSFRSSIKDKIRNEGAAY NNKSAKWEAETIKKIRGHST KPKQGLYAYMYDAKHKDTLP FWDKFLVLVLGLGKQGTTLT YGLNLHYIPPKARQQFLEELLK QYANTPVSINKTRLKINWSQVK GFAGADMIKAYIPGNIGALIEI KPADWANVVMPLPQQFMSKGG RYSATSWKKS	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	MSTGLFNQNTNTTFLEVPDGG LTOAFKANLQTAVPQIHIPATD TVGSPQGMHRAKLPGSTFEFD AVPVRFLVDENLDSWQMYKW MLSCQNYIDRKSGWNNNGE GFPGLVLMHVLNDKHDIVLT RYIGGWYSDLSIEIYSLTEESD PAMVCVATLQYKIEVEKDGIIIT GRPSVNDTRESQYQOKVMGM 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	LKLLFLIGKRSKGDITADYIMD NYNATKHOLAGPIKDALADAML TEWYRDTSRFPRTSRMIEGID YDREQDLNLSTKDVIRMANAIE YVHDLPLPGVWYDNKRKILDG DTMEVIRKVVINKPVEPWSIRRL MQTLGTDNCDKLDRLMYWVKR FTLVMAATFGDYDYFVFPDTRQ DHELDVARAMGATVHVVRPEQ EGSKDTHVTETGLPIREGDIVI TNDGSLEELYSKINTILGIONDY	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MKSFDFSTGLYVAAKSEKTLID AIEDLQRELKVPNPVPRKHHTT ICYSRVHVPYVCASGSFEVATS GKLEWDTQDGRITLVKLDSE YLKFRHQYARALGATHDFPDYS PHITLSYNVGPAPHFGEVQVPV VLDREYQEPKLNWSEDLK	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	MKSYQEFLEMETEALLESTLPDY MVKSFNVKNGYVVKFPIASVKP GADMSNDAGISVKVNVQFINYN SAKKSYPDAMTFSGGEKVVKNI KLDYDESAESVKKRFGDKLVKS INVHPTFKRDFTELYK	127	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
34	32935	33114	815	MKRCELRNVAISAICLTAVGTSI FGAIFMGAKIEMVVLVAFLMG 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	MKKIKQWFKVTKYDLGREEVTKY DYVTLGVLGALLAALHSSLLAI AVLLILAHYSWKRK	59	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
36	33280	33465	817	MYALLTWSNYYPAPGSDQIRG VYSTVEECYEALOGTYQDYFEI LNSRFETVAKGSTAYKID	61	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
37	33482	33832	818	MNIRAAFTFYQENYKLLSHEY YDAQVPPIPSDLVTPKHVKTDSD LDNEIQPDVLSVYCGGSLSA SVGILLGFTPKGYRVVPFHTSPI PEHRVLLSHMDSPHRVFLVSK SSPIV	116	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
38	33915	33998	819	GGGAGUUAJAGACCGUAGGGG UAGCGGGACACAGACUGUAAU CUGUUGCUCAAAAGGCUCGA GUGGUUCGACUCCAUUACUC CCCA	84					IRNA1-Tyr		
39	34009	34082	820	GGGAUACUAGCUCAGUUGGU UAGACACCGGACUUAUAAU CCGGGUGUACGAAGUUCGAA UCUUCGGUGUCCCA	74					IRNA2-Lys		

Fig. 120

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
40	34091	34172	821	GGGUCGUUGGCGAGAGGG UAGCGACGGACUUAUUC CGUGCAGAAUAGACUAGGC AGGUUCGAUACCGACCGC CCG	82				ARNI3-Asn			
41	34429	34502	822	AGUCGUGUAGCGAGUUGU UAGACACUCCCGUUCACG GGAGAGUCCGGGUUCGAC ACCGCAGCACUG	74				ARNI4-Asp			
42	34586	34984	823	LTDFEWSWVKATGKYHLRGR ASDNYCMCRKGDVGPYSLDNI YCATNAQNAKDAGANGRIISTG FTGHNHSDETKIKISENHAHKLN ADEISLRIDLNSIDFTQRGALV 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 UAGAAUGUUGGCUCAUUC CCGACACGCGCAGGUUCGAG UCCUGCCUCCGCCU	74				ARNI5-Met			
44	35221	35292	825	UGAAUCAUAGCCCAAGUUGGU AAGGCAGUAGGUUUUGAUCC UACGAUCCUUGGUUCGAGUC CAGGUUGGUUCAG	72				ARNI6-Gln			
45	35367	35540	826	MMDGVNIDVVVQIPEPEVIL DVTDSNSVGHPPNNEGMVEKYT ARKTLWLSLSELCL	57	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
46	35391	35463	827	GUGGUCGUAGUUCAGUUGGU AGAACCCGAGGUUGUAGUCC UCGAUGUCACGGAUUCGAU UCCGUGGCCACC	73				ARNI7-His			
47	35564	35645	828	GGAGAGUAGCGCUAGUGGUA GCAAACCGGACUUGAAUCC GGGCCACCGGAAACGGUGAG GGUUCACUCCUUUACUCUC CG	82				ARNI8-Ser			
48	35715	35787	829	GGGAGUAUAGCUCUUAUUGGU AGAGCUCUCGACCCGAUUAUC GAGCGGUGACUGGUUCGAGU CCAGUUUACUCCCA	73				ARNI9-Ile			

Fig. 12P

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
49	35797	35868	830	AGGUUCUUAUAUAGGCU AUUAUGUGGCUCCAAACC CAGUGAUGAGGUGUUGAUUC CUUCAGGGCCUG	72				ARNt10-Trp			
50	35877	35948	831	GCAUCCAUUGAUAGCGGAU AUUAUGUGGCUCCAAACC AGAAGAUUGGAGUUGAUUC UCCUGGAUGCU	72				ARNt11-Gly			
51	35957	36030	832	UCCCGUAUAGCUCAGCCUGG UAGAGCGCUCAUUGGGAU GGAGAGGUGCAUUGUUCGAG UCAUUCUAGGAGA	74				ARNt12-Pro			
52	36209	36361	833	MKYGFKTSHFGRKAYRTENIDR RRAYYESLHKAGRSRROEGQ KOAKEIE	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 YEYFSESDIQEIVAYHSGCKVS KLKQVIFPTNASNVEELITDFKRI YQAKYDERF	121	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
54	36707	36940	835	MMKDSKGRDQVQGVDFYGER TYNKGGRSMRCGRITDIASGL AKVDNDYVAMRSKSFVKVSPM FATMWENGTFEI	77	Proteína hipotética Ea21- 4_gp102 [Fago phiEa21-4 de <i>Erwinia</i>]	YP_00245612 5.1	7e-04 (25/72)		No se han detectado dominios putativos conservados		
55	36995	37219	836	MKRIALIVDQEAAMFAATGKFP VSKFVARSEKIVGLVETVAGDVI VSIKTSEISPVVKVAVENTDFWEV ADFMCE	74	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
56	37298	37371	837	GGCCCGUAGCUCUUAUUGGU AGAGCGUUCUCCUUAUAGG GAUUGGUUGCAUUGUUCGAGU CUUUGCCAGGCUCA	74				ARNt13-Met			
57	37394	37594	838	MMRLVKVVEESEYMGDSRMI EEFVTEADSESEIVKRYRHF DNMSDSYGTMYSIYRLDVIVHIN	66	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12Q

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MHIRFGQVPIKGLAMATTWEN DADRYSTQMYVLEKEEINQVI HYLEWFSNGRRGEYVTFEFSKK NHEAILEKLHTEQKYVTFEFSKK FFGVDPAYDCTDEEDAYLDN HYSCNEVMYAIQAWLGNPIEY DYDFMRVFEKVEIFDIKEIRIPD APVAFHVGYTKQKESPLKVDW 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	MDIGSSSYPSICALSNFAPHKF YDGVCEASMEGFLQSLKFSSP EMOAHVCTLVGKSAKFKGKK RWWPTQTLVWKGVPPIHRASEA YONLLTGAYDALSKNEGRKAL AATRNATLTHSMGKNKISITILT ERFCNQLYRLNAINNQ	149	Proteína hipotética KP- KP15p076 [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00357995 2.1	4e-57 (114/146)	Proteínas del fago 30_3	plam08 010	4,60e -65		
60	38757	38840	841	GGCUGAUGUUGGAAUUGGU AGACAAAGGAGACUUAUAAUC UCCCGGGAUUAACCCGUAC GAGUUCGAGUCUCGUUCGAC GCA	84				ARNt14-Leu				
61	38846	38918	842	GCCCUUAUGUGUUAUGGAU AGCACGAGUUGUUCTAAGG UCGGUAGUCGGGUUCGAGU CCUGGUGGGGUA	73				ARNt15-Arg				
62	38923	38995	843	GCCGAUUAGCUCAGUUGGU AGAGCCUUCACUUGUUAUG AAGAUGCCGCGGUUCGACU CCUGCAUUCGGCA	73				ARNt16-Thr				
63	39268	39852	844	MKFKDLTEELFEAAPGRMTK SKWRDALVLPGRGERHDFSKF AASVEKIYIGISDPKDYAKVAA AFESLGGKVTTPARGASPAQA PAAPAPVAKPKNIPLGLKISGD HGDIGSGELFKADKALPLVRD NGPLYKAVQFYFDNLWKYRES QGAKPSARETQHIGEVKTLAK LNHHLVELSRQTELSTSYNV	194	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
64	40040	40330	845	MSKFNFIQIERGYNNYGTDPDRY RAWIKGEHEHAFVFNVAETREL KDLIKHVRKDWPAVEEYVRY HEEAPTETVQIKFAKTASALTNR 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
65	40378	40971	846	MSILKKLVFIRSKFGTFVAQNT SVEDQYTMANRIIDEITKLRTT HVKSVNEEKRLKLADKQOAG ASKEREIRRLMAEGMNVETHAK LGILLYRTAKALRDKAAEYKEM RAQIEETVVKLDDQRLDLAVKL EYIRETRNASALGITSADVIEIA ELAKVDVQDIMMKVETFSGTQP GIETTTADVQVEYLESK	197	Proteína hipotética EME08_gp126 [Fago INE08 del Enterobacteria]	YP_00373427 6.1	7e-68 (128/197)		No se han detectado dominios putativos conservados		
66	41042	41602	847	MATPOIKELIAAGFTETDILGK FAYPDTTRPENWIKTRYNGYNTT VLPRAVLKDYSKLNLISNISI SDGVKLVDFALRYGIYSFNDS SNLKSARTNAGEYSTSGSTTYT IVIEIHNKNSYRLGINLVKYVTS QDDYSNLYNYCVNELPSKVM MFDNNMVGKQLIDEFIKYCRE RVQIK	186	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
67	41599	41958	848	MSNLYLPSEPPVYNYVKFDQI DYALVPGIGATVGAMCTFAADI MHLTDITPAVLFGILLAWWGTS LIMGLIECSRWWKWSRNNYKRK AEWKEQCKNLTLEWNRKKSFE FIKEVRRK	119	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
68	41955	42251	849	MNEYKPDGFWNODGLAPGFGI VTWLLYCAFVIVGGTFFGILNVS EFMIMLLFLGVFAFSLMWMLIA LINCCTFLAYRMKYKKWKEKED FNTWIRSCRK	98	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
69	42248	42574	850	MIKTCYRGMKSDPEPGYFFLL IWFSLSAFVGFGTWGFYFFSP VFGDALYYIGWMSGVGTWFAIL ARWLQFVSQRQGVFDKPKVK KEKSKDDSRSETLSWIKEMK	108	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
70	42574	42810	851	MAVAVHVKFPENGOTRLLCYSD NESLSGIEISLKEELLGNGPICD FSVEGSDNCNDDLESMTVTAM EDILEESWNECQ	78	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12S

ort	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
71	42801	43253	852	MPMKELSGILFFTDKRLLMG RMTNTYVQGRSRWDIPKGVH EPGETPKEAAIRECKEETGFTE FDQDLLYDLGRHDYASNKDIHL FGYMLPVPSPFMFRNCRCCTAYH KDENGINFPEIDAFALIKPSQWK YVMGSPLYKIMTQMYSQAQ	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	MEEAELGIPHIYKHELRFIDG KWSIFHPDKMSRILMKSRVVF SDSEYIKSAYIAEQLYPGFSEL PEDDKRDYVWWKDKWTPEYK CSLELFIACRAK	102	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
73	43599	44093	854	MDIFGMLRIDEGYDSKIYKDE GYWTIGIGHLLTKDPSKSLAIN LDKLVGRSTGGQITQAEAEVIFA KDVEKAIGKIVANATLSPVYNIL DDVRRALINIMVFMGVSGVA GFPASMKLLAKKWDAAAKELA NSRWYRQTTPNRRARRVIETMRT GTWAAVQGGK	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	MKTYQEFLESRLATVGVNTE SVGSNLLKFKGQKMTATLED GTEIMDVVGYNYVDGKLYNK SHAKFDSDFVSSVEDESSRK AVASGDARSLMAHGHMRKSK ONKPGEDNFALVGYQSGKTSN GYQRTVTMYMRNGKIAFVNDR GAIRYAKSK	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 KKAHSFHDLSDDRKLVSLYI DKERILALPGANEGKQAKPLNA VEKIDNFASKFGMSMDLQ AAIEAAKVIKGGK	100	Proteína lipil 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	MKYLTPILYTLMHAFKDAADRR LNNPNYSFYEPSCLMREYGTLR LDGGRQTGKTAALCOFATDWL LEDGSVILS TRYTQSSELMEGI LREYNSSHLNKLPAIEAKSVIP MTIREFLSNDSSYKFRGRKLGR ALIIIEPMKVDPMMKFYDMYQ EARWSMPNDTLPLFFVGMQ	177	Proteína Vs 8 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292245 8.1	3e-40 (91/180)	Terminasa_6	Terminasa_6	pfam03 237	1,09e -03

Fig. 12T

orf	Posi- ción de Inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MMTQTEIVDMITVMENTGFADM KQLITMTAGNLLKRYKFLS GPFKGAEFISNAPNTKWMRY PNRIEFISGKLGVISSSLITYD QRIQKTMQWLKLL	103	Proteína Vs.7 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292245 7.1	2e-10 (29/64)		No se han detectado dominios putativos conservados			
78	46095	46439	859	MAEIVRCPPHLVESCFEWSFN SSEQDFYEAHQNGTWNETTKQ WEEATTYIGTRGYGVNEPIEVE YDKETDEEVYHEDKITYLEAA AKFHSDEWNKMSVITAYMRGW NKEN	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	MKAYQILEGELKGTIYIEDGDDA RVIVSKVLKEDTITDAETFGYK AREVEIYQPTVKEGGQHLNV NVLRRETLLDAVEHPEKYPQLTI RVSGYAVRFNSLTPEQQRDVIA RTFTEAL	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	PRK111 27	1,37e -40	
80	46810	47091	861	MAIEDIKGYKPHTDEKIGKVNAI KDAEIRLGLIFKALEEHEVEKYM NLDVSTMSDKFEDLAHERITQIR NAIQHLKEASMMWACRSVFQPE EKY	93	Proteína Vs.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159523 7.1	1e-35 (72/91)		No se han detectado dominios putativos conservados			
81	47155	47613	862	MSTNPEVFIIRTKLRKFEFAF RSLNLSVRARAKAEGKEPFTK YSDHLLDRAIQREIDEYVFSVL SKIPNHLKEINEFLAMPWLPIDP KDIDENIEYKPMRLITDGNLWL GFTMDIPRPGKGPSIKCRMAFV NDKRLKGKISTKVIHIN	152	ARN endonucleasa RegB específica de sitio [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159523 6.1	2e-43 (90/148)	ARN endonucleasa RegB específica de sitio	REGB_T4	pfam10 715	1,91e -20	
82	47621	48166	863	MKKALIGLMALCSTAFGSEPTF SNVQLDNLHYAYNFGGEYQKS GKEKSPHNRDYNGLGYMAAI SWKESSAGANLKAGKGHSYG VFQNYLPTVKARAKLEGKNLSD SEIRKMLKSQNSAEWAYIELS YWLNIHNGNMRKALASYNAGW NVKRGNSYASDVLEKANFLKKH KMLHTKVE	181	Proteína Vs.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	YP_861805.1	5e-59 (115/180)		REGB_T4	pfam10 715	1,00e -18	
83	48166	48486	864	MVKYAALLGLVLAFSANAENSM TDSLRIAKFTCNTNSECVDIAL ELDSAFSDGVKDSRSPAQWTT LINRKAKSMKDLVCNAPNENICL MYRDQIMARYMSGI SSK	106	Modificador Vs ARNi- valli sintetasa [Fago Phi1 de Enterobacteria]	YP_00146943 6.1	4e-13 (34/80)	Modificador ARNi-valli sintetasa	No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 12U

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
84	48483	48875	865	MKKAAILCCAFSVNAWEKLP GYPETVLAAGTKIESNGPFKN EIAFVSSRKLLMSFYNDK DQVIVPLVEYNARGCGMSD GVSVDGVMHPKEQGVLPILN C NNAIFLRVYNLNEYATYKIP	130	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
85	48884	49351	866	MITGIKGNIVLFMKHECDIAH GCNCFITMGAGVAGQLAKAY PILDIDEDRYDNNLAKLGTH TRAIHKKGTAYCYNLYTQYAP G PNVDYGAIFNAFHELNSTRIV Y NRPLYIPKIGAGIAGDWELEK I LINLATPDIDIMVVEYEAKS	155	Proteína Tk.4 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292245 1.1	3e-41 (89/157)		Ik.4	PHA025 95	6,30e -49
86	49375	49542	867	MITEEQTKLWQIDDDYAGAEQ VVAISAYGNGLPEEYDELRK S NAISDFMETL	55	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
87	49542	50141	868	MAQLYFNYSAMNAGKSANLLT AAHNYKERGMGTILKPAIDTR DSATEVTSRIGLRHEANTVDESI DILEFFKWAQTRDIHCYFVDE AQFLTAEHVQLCKIVLDYDPV MAYGLRTDFRGELFEGSKALLS VADKLVELKGVCCHCRKATMV ARIDENGNAITDGEVVELGSD KYVSLCRKHWCCELGVYNEAK NV	199	Timidina quinasa Tk [Fago R869 de Enterobacteria]	YP_861801.1	3e-81 (137/192)	Timidina quinasa	Timidina quinasa	PRK042 96	3,20e -80
88	50122	50316	869	MKPRTYNTILMLVLSMLFIWMG VAAISQSDRRRELQNRDLSGCK VLAQGKDFIANTNGCYKYE	64	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
89	50600	50983	870	MSRTIRRGWVHVYKSSKVNDDQ NNNEFAYIKSYNEYVKTQDKKE NQKYVELRISENERPLEAKK LIAKSKRDGFVKTLRWTRYAM PVPRLFHKAIEIKRALKYDEEYN WDEAGARTIEQIGICEWLWD	127	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
90	51030	51242	871	MQHLSEKQLRNLTVQELDELRL REIGHGISHLQEEIROHSSKADY TRKRTLEKYLKEVKAVALQHKRN TGQK	70	Proteína r1.1 hipotética conservada [Fago R869 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
91	51254	51541	872	MAFNHICLALVLCGSGISFPAASH DDISDYSYVEGALQVYAKFKE PSKQSEQFYAFVQSKWKSES 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	MKFNDFVKDGKLTPODEFIGLL MVSQAYFFSAHFDTKSYARHK AYEVFFNEIPDLIDAFGEQWLG FSGKSYTPALPSQKELPKDTIE MLDFILAKADGIYKSVPAALQSV LDDITGLCYTKTYLLSLQ	128	Proteína MobD 6 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049716.1	2e-43 (79/128)	Regulador de inhibición de lisis putativa	rl-1 proteína hipotética	PHA026 04	6,38e -44
93	52019	52507	874	MIKLTTLELQPGKIFYHVCVNRT ETKPGIEITRYVASGTVDVELGL SGVYSRKSPPFFQICEYENYAG QTESYSTERSAHDGMGFKPGEK RSVHNLNRGFWTRREEAEQFIKE LOENKFSPPDDQAYADRLTPS EDFRRQEQEFMDSYLDCDYDY YDFDDGEE	162	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
94	52599	52865	875	MINGWSPDDGFFATREATIADG IEWARLQKQLQEQRSEEFV DCDEEIPVARLLVKGCCORVE CQGWDTVMTSAYNRRGSKD 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	MESILDSTNLDNPNYSVHVHV NSYFTTKLSRVVLKQGNIIHLD TKQIDSLIQFLIEAKDGE	63	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
96	53049	53282	877	MASKLVWDGKPRKGDVIEDE SPHVIDLYLTVFHTYEHNTIEIE RDGDCVAIDKSDAIELVKYLTA MIPTMKQDNL	77	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
97	53282	53782	878	MININKNSWHFKMNLWFKSGNI WKMPKTLGCFWTTVLHILFSS AIAIFIGSVAMWFGWPLIAQTGIL AWIGVSLSAFWLNVAVPVGAV FIATFVLAFVAIVFGIFGLEKFK EYRKNKQFTKILARVKAGLP SEPLVFIQYLKARKKVCMPIDY 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	VKNDQVYVINGRKAIVFRAKTER GIISTYPIAEFTFEDGEQIKYV PLSQTYRFIGGEIDLDIYEGGV WKIKS	74	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12W

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MEIEIVTTKKLSMSLLKQMKM ASSSEIKFAMFDRVHRVLGYVN AFKWNKMDIQVAINTGNDWAL VPMYDTHVIKTARREPHPDGQ EYHFHDVWYYHTMQIGNVHR NSKKSTDKEHVEACAKASNDLI KFAKGNHYL	140	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
100	54397	55407	881	MKTIVKSYFGSHLYGTSPESD VDFKEIFVPHPRDILMCOAMNH TNCNTNNSATKNTKDDVDHEL SLKYFFKLAADGETVALDMLHT PELVVASDILPEVWKFQIDNRA RFYTTDMKAYLGYVRKQAGKY GVKGSRLADLHKVLDVIRDVPE WKYDDRPQKQGINERWKVQDI AEKPLGEFLEWTTTFVDHKS QKFYNVLGRKFQTTTIKEMKYS LEKDAEYGERARAEANEGV DWKALSHALRAGLQLQEYMTG DLQFPLTHAKMVKMKAGELPF KEVQELLESVDEVEILAEK 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 CRETGRRENKFSARPTKQIH QFMSWAGETLRFSLYWAEI	62	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
102	55597	55836	883	MILLWSVVPIVVAIYFVIGWSV CKHLIKNGTIEKVGEYWFYLIFW FPAFIVGAIMFFRWAGKLPKRI AENAINKHA	79	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
103	55955	56170	884	MKTLEIVNNIDKAFKAAEAGV EFEPMMVGEAFSKLAIRGETD NLIDFVDDFYLGSKVRPPYINEIL FK	71	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12X

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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	MSTIIKGIYFGKEISGYELLG EWFPSLSAEDSRQGDGKVFV ELNGKRGVWVFKDDITIDGVA AKIEVESVDEMERIKKRFNV MGLMTNGLIHGNIIRSLISGAAGI GKTYSLDKALQHAHDTNADYK SVNGKISGIGLYCRLWESREAN SVLLDDVDVFSMDIILNLLKAA LDSGEKRVKCVSTASSFLEDK GIPNEFEFEGTVVFTNVIDIRE LERGSKLAPHLQALVSRVYLD LGVHTNEEIMVRVQDVIMTTSM LQNRGLRNSEVIEVLEFMKDNV NRLRNVSRLTALYIGDFVATDR 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	MATLISNDVKRVLFKGMVYVD TPKGDTSWWTINEWYIDENG 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	MSLAAIKDIECVLNDIKYPPGH IFAGKPKGKAEACEICEKLYK FNFGDKKNVLAESHSSYHELRY MVNVFRAPPFIELRKEYANKVF DTFLANVQDAVKHLDHMKQH QDLNAYYKWPWRKSYQELKNRIE LRYEVVK	141	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
107	57833	58171	888	MKNWVMTSEAYAAVYSPDDR RSELFYGYGYSYCVAAEAVKQ SWWGSDDGTNRKPTLETITFD ENGESWTFPKSAISVQEETPE AKRKLEKIKESALAKLPDER 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	MSKEFSTRMVDADFGPCNGY REFIHPVEYENQFKEVVRNILLNA FKTQGTNPDLGIYLEEAIRDV QKSVSAKLHWAEEENIAWSNKK RSDLNWPADREQVINYAKG	106	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
109	58492	58782	890	MFNTIVSIHAYYEGQLNAARTK YKRGMEESVECLKDIQTFAOKT QNLILMDRKQVSLAEELKASKMI IEDNRKHQLKLLKRRQHQPW FNSDFRSF	96	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12Y

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MKAPTWNELQEMFNTTEAFGTI SEMVENLVDSPEEDNLLCLAQF IIETIYENQK	54	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
111	59024	59290	892	MTYVVDVLMNHGWKMRGHQV KNCHMFSDNLDLHAMEAIG MKRSWFQDKRPVHYDLRDVR RKOAVAGAVEVSRDRDAVLW 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	MKTLTEISALVEENRVARQHR AKVEKRAEELNAGWAKTRFGR EYFDKVVAPTGWGDDRPAPF DGYLWENELGEVEAYHAGSYL PYVELDSLDPKPEYTGHDGWW KIRLTQEEYKELREYGYPLEVRI PYKEWKLDQGTNVVMAEVRH KSILEAIQEHSEKVEFDNIFNELN KNKGDAPEGRVTVSGTTSVK VVEDYGVQCKMMVLENGAT VYGSLPKSPFYEYRGVQQTAT FELAKDDKTHAFYKRPKSVIML DE	262	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
113	60207	61181	894	MNKNELKMFVEAEFNKDKTL TKREKHVKVLSALHDLNPRAYD VAIAGNVARRVLSMASHEANY AGFVVENIRRSRWLGAMSAEK QLKKFAIGNAKYQORYSFAAG AFKTEERHDSAAQIFCSEFNA NLRRILNRSICLLKGDDRVKYQA SSTSSRNPKGVSFIRAEELDNV TVRIHINSHLSSGKYPARALLAQ VRTALDHMDVVKKSCCKQQGE NSSVLEVLHDPFKIFPKLSTTP VIDEDVAHMYLNVKPLPLTPV NHIEIAKNSITAEMESVKRFIDTK EALAKHELTMADLVKSLNEYK ERYESLEYARSLL	324	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
114	61178	61438	895	VKNQLKEDMVVDNDNLEIEFEY PPVPEFKIDWDACLEMDVDRRE AAAKQVVPCEKCGSIQVLVD WTTDLKMKCRCTCKHRFERKLIK	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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 DKNFDNIADIMILDAYESGIDPM QLKEYLRATMDFTVLNMLRT DTEFNEMIAARRNEGKFNLTDE VLACAAHEAWKVKIK	104	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
116	61746	62081	897	MKTGTGALWKEFYNDFAFWEGY YHDDTLILFDDVEVEEYEDPSP DAVKIESGYVYKTDSDSTFSH DLSLETFFKRWKKQTTRTMVY TVDKDDFAKVFETISNIPGVKKV K	111	Proteína hipotética phiSboM- AG3_gp129 [Fago phiSboM-AG3 de Shigella]	YP_00335861 6.1	7e-09 (41/115)		No se han detectado dominios putativos conservados		
117	62078	62590	898	MIDIKLDTYVRQLFPEGTAARA QLQQSVINIVKEMVLKDSQNK LKOAVQSEVNIAAVTIPDVRAEV KKQVQQMFHTRGWNDMSAKE EMSQMMRNAAQSCAKNAIDDM VRQTIDDAVKQAEGRKMSIER ANLRQIEIIVNAMKNFADQINA AIAAKLAEHPVTANG	170	Proteína hipotética KP- KP15p225 [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358010 1.1	1e-05 (43/173)		No se han detectado dominios putativos conservados		
118	62583	62756	899	MDKIDFSKLNIPRMGIPDDIAKQ LASVOPMPDNCIKIIFDALDGK TLVITTKAENG	57	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
119	62746	63036	900	MARKRYMEEAEERVMMLMYVY YNETGQIVDSKLGAMTRGR GFAQAAIDKEIISRLGIKYSSKM YLHPGWNVQVQAVFKEIEDV HSFWLRQQHP	96	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
120	62999	63268	901	MFTVFGYDSNIHKVCFCDNAKR LLDVKKQDEYAFINWPEKGVFD EWISDLLRLRGRESQVGLTMP QIFAPDGTGTHIGGFDELKFKFN A	89	Tiorredoxina NrdC [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159521 1.1	2e-34 (68/85)	Tiorredoxina	GRX_GRXb -1_3similar	cd03418	1,52e -08
121	63261	63449	902	MHDYRGTLREGDVALYYGYG GLETGEIKQIKNHRKVEVITYS NGVKVMSKWYGECEMVKL	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	MSYDIGDLKAPCTVTISAEFFIR LQAEILLWEIECALPSGLESWI DDEDLQKLRG	56	Proteína hipotética RB32ORF081c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285441 8.1	6e-15 (42/56)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12AA

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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 NYDFEYPPNAPDDDAEEIFLV EDDEWTQDHKYQSRQWYYP ARGVHFMVSESRSGSYHTDWY YNPPEVDIVTRHEKVTTEVE WRIEYSDVNDSPAPCKAAGA	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	MQSSGKIPWYTARWETVEPE EDAIPPEEDYNTSEPTINELLDE DKVNGTYW	52	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
125	64150	64602	906	MELIGKQFEVIENDELTEQFP QFVPGKFOVINAVNEDDLETC GITAVIDLITNKIITNDPTFGES WFWCFYSEDTHMHIKEIGQGE DVPNISEIKLDHFHKGIVPTKAL YAFAGQENCDSEEDYDLMOKAA DYVALETRLGQYV	150	Inhibidor Pin de proteasa [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861778.1	1e-10 (50/144)	Inhibidor de proteasa	Inhibidor_124	pfam10 465	4,84e -11
126	64595	64903	907	MSKSCVTITITVKILDFCDIHRIA REILRSHGYKIGDIKFSNGYYD DDIGGMAMPKMSIHKETNSYIE FNADDYEGYAFCTSFCKESNH NIYSSSLI	102	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
127	64940	65413	908	MLLTGKLYKEEKLQYQAQNGL CPCCKRPLDEDIQKHLHDHA LEGDNAGKVRGLLNLCLNAAE GQMKHKFNRSGLKGQDIDYLE WLENLLVYLRQNRKDSNIHPQY VADMAKRFRLGKPEMIAEMEL HGFTYEESDGKSQLSKYKQ 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
128	65410	67248	909	MNIELEIQGLINKTKNDLLNENA NKDSRVFTQRLDMAGIVSKHI ANQVFPFSVMEAHKEGVHFDH MDYSPALFTNCCCLVDLKGML QNGFKLGNAGIETPKSIGVATAI MAQITAOVASHQYGGTTFANV DLVLPYVEKTFKAVHVRDARKY QVALVKDYAISKTEKDFDAFQ AYEYEVNTLFSSNGQTPFVTITF GMGTSWEEKLIQRAILDNRIRG LGRDGIPIPKLVFMVEEGINL RKEDPNYDIKQLALECAAKRMY PIIISARNRRAITGSETPVSPMG CRSFLGAWRDSGKPVLDGRN NLGVVTLNLPRIALDANYKSSD DSNKLFLKLLDERLDICALLTRI KSLEGVTASVAPILYQEGAFGV RMKPDDEILELFKNGRSSISLGY IGIHEFDMLETFKSGSKLVLYKYN TKLNKWTETGYAFSLYSTPAE SLCYRFCKIDQAKFGDVKGVTD KGWYNTNSFHVSVENLSPEFI DREAPYHSIAKGGHISYVELPD MKRNLEGLVWVDYAEKLDYF GVNMPVDKCLSCGSTHEMTPT ENGFTCSICGETDPKKNMTIRR TCGYLGNPSPSERGFNLGKNKEIM HRVKHVRTEAS	612	NTP reductasa NrdD anaeróbica, subunidad grande [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83088.1	0.0 (478/604)	Subunidad grande de NTP reductasa anaeróbica	Trifosfato ribonucleosí- do reductasa anaeróbica	PRK092 63	0.0
129	67220	67453	910	MLEKPMKQVDWNQSLSEWGLI WKINKEVLHPLGIAITRDPSGL SAGAIOITDEPWKYDAEVEARN 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	MNFDRIYPSDFVNGPGCRVWLF VTGCLHKCEGCYNKSTWNARN GQLFTMTNTVKEIASHLSYIQ GLTLTGDPDPLYPQNREEISNLV SWVKARFPEKDIWMWVGYKFE DIKDLDLQHDVIDGKYKSLP 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 ribonucleosí- do reductasa anaeróbica	PRK111 21	8.77e -46
131	67870	68004	912	MVLPGHMIEIYMLTYKIMFTLN HMALEFGPEFLAMTAFILTI	44	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12CC

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Función predicha	Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad		Nombre	Acc No	Valor de E	
132	68013	68225	913	MKFINAIRKFSINVALTAGA FVAIPFVLIADWINPTKDEKL SNEEFQKRVNTLTAKLQVNMK	70	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
133	68222	68524	914	MIETGIPEEVRWPCGKAVRD LLDKLQLPYEFYVINEVDGQP VYDRPLIESLAKRIGCYPGLAIR YPVIFMDNVKQYDIPTFTNLIA AGHDPDIID	100	Glutarredoxina NrdH [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373422 0.1	7e-26 (62/99)	Glutarredoxina	pfam00 462	6,62e -03		
134	68710	68898	915	MNWLNWQEALEAMSGCKVK HVHFTDDEYFLMKNKVICDENG YDMTRWYKGESWQNEHWYIA	62	Proteína hipotética AGC_0014 [Fago EP57 de Enterobacteria]	YP_00183693 4.1	3e-04 (26/59)		No se han detectado dominios putativos conservados			
135	68895	69137	916	MKTFAVGDIVRTRWDGLQFEV VYVYSGSDGVLLHRIINLIKWHL ERFVKYHEFNSYHCTVAPVASK EYDMLLEELKSLKD	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	MSQAIKALNAFAYYKVSAMLE EGRCVTPSLDQWEVELHGT KEEGQKIGKARIELVAYLLSE FGIAFGVEPIVGVGEISEAIR KMKNQKRGKGRDVKVAKAAK	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	MKLNQNGCPSRVRCILELRN IVVIDEYTTIVGVQYLDLRRFD RTHMKYGFPGKCKFPMSADH QSVNDEYKWAEGTLKELEE YLDL	91	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
138	69799	70080	919	MRKVILYTEIFSRWVFDVSRIS NASKEDVRNAQRLAYDEAGKS PAFYKIEYITDSALHNVSEVL KKFCVDRINKGTSMYELLARE LKW	93	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
139	70074	70298	920	MYEEQIAEIGLLGWVFSKTDG RNLIETPEGEFIEEDFAFIWE RSGENEYTSVDAFSKFEDAIDS VKAWLK	74	No se encontró una similitud significativa.				Formil- melanofuran- tetratrahidrometa- nopterin formil- transferasa	PRK021 14	1,51e -03	
140	70286	70564	921	MAKVNQIMIVVEGIGGFTIDSYM GVWFDNEEGMYWETHASMLN ETHYESLYSSFMEMMHEVDES DWFELSLVEEKRMFQLECYR	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MKIQLTLTHENIGVFCLENSQI TFAGDGTYYWYAESDDIAGYGM ERVFEDFEAIVDPLDFTYND YRIMMKLIACAEILK	81	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
142	70873	71421	923	MSNYVNNKELYKSICSWKEK RESEAAAGGPRVVKQNDTIGLAI MLIAEGLSKRFNFGYTQSWK QEMISDGIEAAIKGLINFDETKY DNPHAYITQACFNAPVQRIKKE RKEMAKKYSYFVHNVDYSDRD DMVALADETFIQDIYDKMTQYE STAYKAPGSAKKSEPTSDGPNL EFLYEAE	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	MRLKINLDGFLVDVQDLDAIPYL LKMVYLREVLDDIHDIPKPNHDA DFRSDSAIEHSYWNWTDTEFTF 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	MNNITQEERDELQQLMEAAE EQAIARANKIVRKRRREIERLKA HAGDAVLDDNNFPAYKIAEKL TILKOPFTDEIILTCWNTSRKSV 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	MLVQVKFKRVKRDAGFTLNTAT GTMVAVKVNQYRVLGSTEGC 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 EEAKRICEAAGYVYVKKI	81	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12EE

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
147	72461	73657	928	MKINILMARGLEGCGYTKFSLE HREWLVKHGHEVNIYAKDKAF TRNRAHSYKDVTPVSLADDYD KTLSELLNACDILINSVPAVNAPE AIDNYKKLIENIKPEVRVVYQ HDHRAISLRNAGLEETVKRA DVLFSHSSNGDFNTVLMEEYFP SGGLSFFDDSDSAPPVYNFQP AMNIKAIRDYKWKOFSAIDFHI RWIGRTTWWKGYFLMDFHES HLRPAGKTTILEGLERSPAFINIK ERYEIDYCRHYHQVKTGPGLNP QVLDRYVNSEMLERMSQSGFG YQLSRLPDKFLERSLEYTHLEL GACGTPVFFHKATGDALKFRVD GKPLTSHDSGILWLNDEKNKNEV FERMKHLSSDQKLYDKERNKA FEFLVEHODSEHCFCKEQFELMT K	398	Alfa-glucosil transferasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803002.1	6e-164 (273/401)	Alfa-glucosil transferasa	AGT_alfa- glucosil transferasa	pfam11 440	1,80e -143
148	73728	74750	929	MKIIHSGDWHLGVRADDPWVQ DVQRHGKQHDYAKKHGKTIIL QYGDIFDVRKAITHKTMFAREI AESLEKEGINLITVGNHDMHYK NTLTPNASTEVLGKYKHITVIEK PVTMDFDGTLIDLCPWMCEEN TSEIMKHKESSAEYCIGHWELN GFYFYKGMKSHGLEPDLKYY KQWWSGHFHTISSAANVYIGT PWTLTAGDENPDRGFVWQDTE LSTDFVPNEITWHRKLIYPTG QVDFEEFRNLAVRIITAVDEDL PKFESELEKVVHRLRTVSKVDN SVESSEDEEVEVKSLDLMEY IQALEDLSDADIKALKVMSKQLY IEAQNQ	340	Subunidad gp47 de endonucleasa de recombinación [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803000.1	6e-144 (237/337)	Subunidad de endonucleasa de recombina- ción	Subunidad de endonucleasa	PHA025 46	2,02e -136

Fig. 12FF

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño fijo (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	Valor de E
149	74747	76429	930	VKTFKLNRYKYNIMSVGOAAI DIQLDKCQKTLITGKNGGGKST MLEAITFALFGKPFRIKKGQLI NSFNKDSVVELWMEYDGHSHF YKRGOKPNVFEILRDGNKLD AASSKDFQSYFESLIGMSYTSF KQIVLGTAGYTFPMGLSTANR RKLVEDLLEVSLLADMDKLNKT QIREINQIQVNDVQREALTNEI KTHHEYAEKOKKLSGDNVRL QAMYDEQVNEARGYKAELETL QRELLLVIGDDPAESIEQVQG KTFKIRSKIESYSKVLGLYDKGG HCPTCLQDLHSNDTLITKINHVV EECNTILGELKTRQSELDLAR EYNTVRRARDIKTOMGSLKQ MTITAVEKARRIKAIDKASQEFI DNSDKIKLLQEELDKIILVKTNLV MEKYRRGILTEMLKDSGIKGAIL KKYIPMFNKQINSYLKIMEADYS FTLNEEFSETIKSRGEEFSYAS FSQGEKARIDIALFTWRDIAEK VSGVKINCLFLDEVYDSATDAE GVKAITAILNKIMVDANVFIISHRD HDPQAYGQHLQMKKVGRTV ME	560	Subunidad gp46 de endonucleasa de recombinación [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285439 0.1	0.0 (382/563)	Subunidad de endonucleasa de recombinación	Subunidad de endonucleasa	PHA025 62	0.0	
150	76426	76620	931	MNEFTTGOHLLAFPELKRYVLV NILFSDERHLVTEEMLRDAFTGN EYNRVMSNRNPGWMVEDYYD	64	Proteína gp45.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285401 1.1	3e-17 (41/64)		No se han detectado dominios putativos conservados			
151	76631	77008	932	MINFVDVKDIQVKNVRADSNPN NQNRIRKSWLALTEETKQAIK DKIKDSEARFAFYKSIDDEVAEK WIELMRKHYNESIKAGAKIVTDR HGGERLENDYCVDADEQLVAA GOIVAEELTATFAA	125	ARN polimerasa de unión [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802994.1	5e-35 (71/123)	ARN polimerasa de unión	Fago_RpbA	pfam10 789	1.19e -28	

Fig. 12GG

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
152	77044	77745	933	MKFSKETLNLKFNSTINGIML KPGNFIMTRAVNGTYYAEATIS DTIDTDVAIYDLNSFLSLVGD DADIIMCEDGNLAIKDARSTIFW PAADPSTIVFTKPIPPVANVII DFKGEDLQQLMRVSRGMQIDTI AITNVDGKVLRGYNKVEDAALT RPKYSILTLGDYEGEGNFNFIIN MSNMKITIGDYKLMILWAKMNG SKQTAAKFEGASASYVAME 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	MKLTYNEADFMEQKYRPGTI SECVLPAEDKEIFSALVAKGIP HLIHSTSPGTGKTTVAKALCN DINAEMMFVNGSDCKIDFVRGP LTAFASSASIAAGKQKIVIDEFDR AGLAESORHLRSFMEAYSTNC TIITANNLDGIKPLQSRORVIN GKPSPSDVKPMQIEMLKRCCLAI CENEGVVEDKKVVAALVKKNF PEFRKTINMLDHYSSKGVIDAGI LSIVLNDRGSIEDVIEAIKTKNIKE LRALAPYAADTYTFVFDKLSSE LYTMVTPSIRMYEIIIGNNQY HGIAASIELHLVYMLIQLVEMQ WK	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	MSLFEDDDQYNEHQIAWLKGD WTKVQELSDSYKEKAENQFFTH GSINEKQEHNLNISTMDYSKFMV ENALSQHPDCMPSVYVMNLVG QGLSDQAHYNYMMASVPRGR RYGKWAKLTENIQDALILOVIMT YYKVNADARMYRETLEAKNKL KPALKMKGLVTDDELVTITKNV KEOKNLKKTALW	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 RMGIANNKDKVLQYQCHILQKQ GRYYIVHFKEMLKLDGRPVITDL EDEIRDSIAQLADWGLLSINR GQTLAQMQNFRVITFKQKHE 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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	MTDQEFYDKLNIRITAPWFSLPIDEQIQYQVKETLEKYPGRKVMFCFTYDKNRVPRIQKQVIEV	66	No se encontró una similitud significativa.	NP_049862.1			No se han detectado dominios putativos conservados			
157	79980	82688	938	MKEFYISVESLGNIDVERYIDSTGEEMRRVPYSPVMFSCMEEKYKDIYGYCKKNTFTPMKDA RDWRRMEDMGMEAMGMD FKLAYISDTYGSEIYNNKKFIRIANCDIEVTASQFPDPMKAEYEIDAITHYDSVDDKFYVFDLLHSLYGSVSEWDKKLAARLDSEGGDEVPOHILDRVYMPFNSEKEMMLEYNLWEQKCPAFTGWNIEGF DIPYIMNRVKQILGERAMKRFSP LNKVSSKIITNMYGDKEIYSIMGVTILDYMDLYKKFSTNQPTYKLDFIAYYETKGLKAYDGPINKLRETNHQRYISYNIDVESVQIDA VRGFIDLAISMSYYAKMPYQGVMSPIKTWDAILFNSLKEQDKVIPQSRSHVKQSGYPGAYVKEPVPAAYRYIMSFDTLSLPSIIRQVNISPETIVGQFKLHPLGEYINKTAPRPSDEYSCSPNGWMYRKQVDGVIPVEIAKFYQKKEWKNKMMGAKRNQELIKKVLNDKFGTIDKFAEVNVYEDFSDMKAEELLTYEECLDKLMFECKHAEILGNTNQLNRKILNSLYGALGNIFYRYDLRNASATLFGQMAIQWIERKVN EYLNKVCGTGHSFVWAGDTSIYVCVKVIEKVGLEFRKETNDLVEFLNQFGKKKMEPWIDQSYREMCEYMNKHELMFMFDREASCPPLGSGNGIGGFWKAKRYALNVYDMEGTRYAEPHLKIMGMETQSSSTPTAVQNALEESIRRM LQEGEESLQQYKQFSESEYRELDYKVAIEVKTANNIGKYDDGAGYPDKGTPYHYKALAYNRATAGFEGITPIMEGEKVMVPLREGNPYGEKCMWPSGTLPQEI RQEVLWLDHSLVLFQKSEVKPLT	902	ADN polimerasa gp43 [Fago T4 de Enterobacteria]		ADN polimerasa		0,0 (675/900)	ADN polimerasa	PHA025 28	0,0

Fig. 12II

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GMSEAAAGLDYEEKSSLLDMFD F								
158	82758	83201	939	MKSLAVIVALTLTGCOMPQGD IVPASSVGQVRAIGGTGYRA SNQVSAESLAVERRLAKEKAMP NRQLSAMELDMIEQNKHELEEI KRLRKTQKERTCTAQAANVD QIRLTDFAANGGLSYNEHKORM EQLKSLQNHYNKCMNS	147	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12JJ

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
159	83212	83418	940	MEAVFGLILFFIFLPTFVACSR KHKSRGGIFITNLVFGWSIGWLI ALWSASNAQNTIIQQVK	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 EFVDKTGKVTIEV/GASFIADEN LIFGAVNDGYIARELEWYKSQS LFVKDIFGETPAIWKAIAKHGEI NSNYGWAVWSTQNYSOFANC AKELINPDSSRRGIMITYRPM QYDFERDGMDFMCTNNVQYL IRDNRVHAVVNMRSNDVWFGY RNDYAWQLVYLEQLTKLLNAS GKNYSVGDIWVNGSLHVYSRH 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. 303	pfam00 303	1.55e -21
161	84158	84994	942	MIQFVIPSYPKAGAVTALTMFPE GYVPHLVVRESEKEAYETWHG HAAKIVTVDDVDGAGTRRLIT EMYAGQRIWMLDDTTIHLTEI RERDDRRVPLGVGEAMSEV DDMKVYVETAMDCGYHGHGA RLPIKITSSWGHYRENSFGFT NTFYDLTKLTAEDIGYGIIDNED AYAFKLINMGHPLHLFKYLK SGKVQSPGGCSTQRDTARQN RALEQLHAAFPNQARWKSQDG ERRGLFGDDEPLKSIRMICNTR VKSQAHEFGKVEPYL	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	VRKALQGLPMNIYDKSDVAGN IFKAEFRFCVCKSDSEFVHEGT TGSDGMHCWVWHGMCVCKIH YEIDMETVVTNTKKKWNFC	83	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12KK

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (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 SKFFNEKDVVRITKIPMLNIAISG ALDGMQSLTIFAGPSKHFKS NMSLTMYSAYLNKYPDAVCLFY DSEFGITPAYLKSMGVDPDRVI HTPVQSVQQLKIDMVNQLAIE RGEKVIVFIDISIGNMASKKETED ALNEKSVADMTRAKSLKSLFRI VTPYFSIKNIPCVAVNHTIETIEM FSKVTMTGGTGPMSADTVFII GKRQIKDGSLEGGYQFVLNAEK SRTVKEKSKFFIDVKFDGGIDPY SGLLDMALDIGFVVKPKNGWYA REFLDVETGEMIREEKSWRAK DTSSTEFWGLPKHEPFDAIK ARYQLGAIDSNAAVDEAVAEI NSKVS TKVDGVKLPESGSVSA 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	MKTEFLESELEKFEQESPEE GDFERQERVFKSHIIEQAMK TVIQEVIKNGQSHLYVYHKLNI SPSGEVTIEFSTPSEAHKDELY PHVEACVKKQIQSALTKKKSL 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	VVETILANLIYNQAFITKVPYM DKEYFEQGPQAQTVFNIKKHVN EYTAIPSKTALCVALDNNSSITET EHGAKKLIDKLSADAPEDLNWL VKETEKYVQEKAMYNATSRIEI QTNAQLEPNKRDRLPDIGAIP DIMREALSVSFDYIGHDWMD YEARWLSYQNKARKVPFKLSIL NKITGGGAETGTLNVLMAGVNV GKSLGLCSLAADYLQMGHNV YISMEMAEVCAKRIDANLLDV SLDDIDDGCVSYAEYKGMKEK WRSSSTLGRLLIKQYPTGGANA NTRFALLNELKLNKFKPTVIID YLGICASCRIQYNTENSYTLVKA IAEELRALAVESETLVWTAQV GRSAWDASOMDMSDIAESAGL PATADFMLAVIETPELAQMKQ LIKQIKSRYGDKNNINKFSMGVH	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KANQRWVEIEQQNDPTKPNPS NTVREGAGAGQNRVAESNRQER VSRSKLDALAEELKF								
166	88300	88533	947	MIFVSVIRDSGRSFVWTASD SVHRGVIAYNKADLSSDYDGEV KAYNDEGIWVNSAIIPLTKNLT DEVLEKLFKR	77	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
167	88594	88887	948	MKKVILALIFAVSSCSAVPALAN YDKDLCEWSMTADEKQVAEQI RADVGHIIDINTDPSKMKVEVQAEI 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 TGIKADSGFGSPSVYTTYKIRI DGGNNK	72	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
169	89115	89282	950	MKTFKEFVKLNEEMVAGDAGG NPQNIASGTTSGAVVNGKPETL PKKKRDKSKPET	55	Proteína gp61.1 hipotética [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159515 6.1	6e-13 (38/48)		Gp23	pfam07 068	3,47e -05

Fig. 12MM

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
170	89322	90344	951	MSWVDNEFAIRASHLPKFRHV TTSSTFKLNCRCPCGDSOKDI NKARWIFDAGQGLRCHCFNC EYNKWLQYLDKNEPDL YREY LLEKKEQVDFDKPTVPSEKI NAKLPVIEKLNFCERLDRLPKEH PIVYVTARCPSTSWKRLWFT NOWPSLVNSVNP GTYKNETNE PRLVIPFNKKEIEISFGGRALR KNAPOKYTIKAHEHATKIYGLD TIDESKLVFVMEGPIDSLFIDNAI AITGSLDLAQVPCHDNRAWIM DHEPRHPDTIKRMKRLVDAGEK VFWDKSPWKSNDINDIMKE GATASEITDYINQISQGLMAKL RLDKYAKI	340	Subunidad gp61 de ADN primasa [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159515 5.1	2e-143 (243/344)	Subunidad de ADN primasa	DNA primasa	PHA025 40	9.49e -155
171	90554	90363	952	MSEVKRECKDKGGFGRYLYVG IATAALAAWNYVWPLASTHGL VLPMPLEKVVSMITGGLL	63	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
172	90621	91142	953	MPHFNECSQLIAGADKAEARYA GIVRKVGGPLQVMDMQKSL QVRLANDKPGTNMHPDELAQA GDIVQWLRNOKDYIDDEFRELL TSLGMSNGEKAASAVWKPW KSDHYKMQETIYKDLSDKDOLE IKFEMIDILHFVLMFMALGLDS EEIFKLYLKNAENFARQDSGY	173	dCTPasa gp56 [Fago JS98 de Enterobacteria]	YP_00159515 4.1	1e-73 (136/173)	dCTPasa pirofosfatasa	dCTP pirofosfatasa	PHA026 02	1.24e -79
173	91142	91279	954	MAKRISKRRKIKRKQKERALVL ALREITREIDKILKALTAAL	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
174	91310	91546	955	MAYVNIKTDFHTTADGEVKGTE VSVAFKVYSDSHRIANAQYQIF PSEKAAYSTVDDAATWATTN 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	MICYTKPWYQSSLLKSHFDCW YRGVRAAALLKAAAPALIKAND KWFEDNNMTEGALCGKRKNL	63	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
176	91794	92318	957	VANAKIYNKIKYKVSQRAVQS RSDANGVLRDQDRIFTVALYS TFDKDFKDLVNKFEAFGWCP'S EDYGIKTAHVDFDVTVPGSPVA ILRALHLKGYTNVCHETSLEYE NDISRGKKIIDSTDLSLIEFTKL WLYMGADFIKLTSPPLLOKAAD	174	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12NN

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados				
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				GYNSSCLYRNNEWFM									
177	92318	92506	958	MDLFEMEEPQEEVQVHPVIS KDIKDEYRIIIOKYGIKAPEALLD ELASWSDPPWSPWAK	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	MAISLNPISIVKLSKVIPIEKPIRS IDVLNFARESKGLPLYDLSWYE ALANRFDCKEQSILWQCMNNKI GEFFHKLDISVRRHQIDNSDIL YRGLSCRESKAFYDALIKGEKF GFGKVASFTTDETIAREFAGKW HYSTFVIEVNCHQSFDYHTN MKSLITAPDSEFMRPNDVIDNI AQRASADIEMIDKEQERMLPM GTKFKVGVGHNVKESGLLMDY 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	MMKFTAETAKIYTRITLTLSAQ RRNKFENLTPEYLFNIMQOOTH AYSGEKFGTVKGNHPDSMTLE RWINDLGYVMGNVPIVKOKYN TLRGNTIEGLERKANEIARIV RSSDSVKPTSDKEASRLKIRE YEKTITSIKTNLHNRENHLSQFV QKEKNGTATSADLELINALRTRI SGGKSELAKVERKLSAILASVP NRPSDAEIRVQSIRLVSSLRRL EECSMLDKLKKGLPLTASFF QLLRGKM	252	Factor Srd anti- sigma putativo [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861707.1	3e-34 (96/246)	Factor Srd anti-sigma	ARNi-seril sintetasa	PRK054 31	1.55e -04	
180	94103	94417	961	MQHYGYVAYKDKGDFHPVT TDMYDGERCVFTNEESANKA RIRTMISVLTDKLAKGNFTGKSK TKGMLWVKITTELVEYPLSDVE REKLKAKIKNI HAVVRKVA	104	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 1200

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tema no (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E e
181	94414	95745	962	MITFDQLKESOKAIFNKVIMVK QGAKGQHTINGPAGTKTTLT KFIIDALISQGISGIALAAPTHGA KKVLSKLSGMOASTHSLKINP TTYEENWLFQKKVPDMASIRV LICDEASMYDRKLFKILMATIPA WCIVIAIGDKAQRVPEPGSNRP ALSPFTHKDFLQLHLTEVMRS NAPIEVAITEIRNGWIRDCWD GHGVRGFTKGTALKDFMLNYF NLVKTPEDLFENRMLAFTNKS DKLNEIRRIYETERPFVWGEIV VMQEPITKELTFEGKKFSEILFN NGQFVRLDAIETTSFLGARQVP GEYLVRHWVLDIETYGDDDEYA REKICV/SSEEMNKQFFLAKT ADTYKNWKGKAPWSEFWD AKRKFHKVKALPASTFHKAQGI SIDRSFYTPCIHMADASLAQQL LYVGTTRGRYDVFYV	443	ADN helicasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285435 2.1	0.0 (323/442)	ADN helicasa	DUF889 helicasa PIF1	plam05 970	5.03e -08
182	95752	96006	963	MFELKLEDTQIMVGLQESKFE APDNVVKRAINKIDIVLNELRDIA DNANAITWFTGYDPKVVYLSEYI GCQLREIKFMLEAONG	84	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		4.61e -15
183	95999	96688	964	MAKDFIDFETFGNVSSSSVIDL ALITFDSDPVEVLESFDELVKRGH RIKFDLSKQKHRLFGKSTLEW WIKQSAEARNLASTPDDL SVI AGIKEAQYLDINGHWPWDSFG WCRGGSDFPIFVDCLRDVQR AQGISEEIDTFKEEPCKFWNQ RDIRTAESLLTTRGLTTTLPKQ TLNGFIHDSIHDCAKOILMLKY AQRYALGLSEAPSPEDTDLPLSL PKGRG	229	Exonucleasa A [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_802954.1	8e-89 (154/225)	Exonucleasa A	dexA, exonucleasa	PHA025 70	4.05e -86
184	96688	96855	965	MEEFEDENFEWFNREILPKI SPTMVLVAKALMAKGWDAGYM EGVDVGCETSHR	55	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12PP

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Función predicha	Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad		Nombre	Acc No	Valor de E	
185	96916	97359	966	MMKNLVGVENVKVGKGGKIGKE GVVIGIFNRSNKMSYLLQLEN EDKAVYSLOKFWALESRDLLD SMFNESYLKRWVHNSLDNVIT QSVSTNSATNLSLHKNVLTVD EWEEDGKTLVNVVFGQNYAVL PKADVEPTESQROGLV	147	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
186	97424	97639	967	MKTENTVKTAEAFEDILFNPDLI VVQKEKTFGKEEHWTWLYVFA NHGDIVPVRTFARVITVDGPEY MEIV	71	Modificador cel de ARNt supresores [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292235 6.1	3e-07 (32/64)	Modificador cel de ARNt supresores	No se han detectado dominios putativos conservados			
187	97639	98004	968	MNFKEGVQYKVFVNDAAEEFFS SRYEVNEDFYEL YENGGSFTV TKVDRGNRRVSGIMWANGTEC DEVGGEDLVDFSEKFTFVVG TSANVPTDLVMMNLSIHNRGOAI AAIAALOSAYOC	121	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
188	97998	98333	969	MLNLAPFEASKLSYPINRSIG NVMLQLSSETGEMCDWINRPW ROKEEFEGECADVINCVDAL WLHFRNRKNDTHVSDDEISM MVTALNEQIMVKTOKWKDAV 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	MPMYDYKCEVCGKKIEMRKIS HRDVTNCFNPKCEGQMKRVV SAPAVHYDGLKSGDY	58	No se encontró una similitud significativa.				CxxC_CxxC _SSSS	TIGR02 605	5.16e -07	
190	98582	98830	971	MKKILITALAFMMIGCTDADNAT RVLENAGFTEVDITGYKFFSCS EDDFQHTGKAVGPTGKTVKG 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	MKYILLTIALVISIGVLVSLADST ESSNEVQKSSIGVNGVQGVK ISDNLVNPSTGAAEVCF	65	No se encontró una similitud significativa.							

Fig. 12QQ

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño fno (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	10098 9	973	MIKNEKILSDREHIKRSQMYIG SSACEAHRDLFGKFSQVYVP GIKLIIDEINSDVDEAIRTNFKHA NKISVDIKGNIIVTDNGRGLPQ APVVTPEGETIPGPVAAWTRPR AGNFGDDAERKTGGMNGVG SALTNIIFSVSFTGATCDGKNEI VRCNSGENISWEEHPAKOKE FIKDKTGTWVSFIPDFSHFESTG LTDVDSIHDRLMTLAVVYPI EFKMGKRVQGFKAQAYMYD ENAVVQSDTCAIGRSDDGF RQLSYNNIHTKNGGTHVDLVL DELSNELIPALKRKYKLEVNKAR IKECLTYMIFRDMNMRFSQT KERLTPWGEIRSHIDIDYKLLA NAIMKSEDIHPIEAMLARKLA AEKAAETKAAKKAQAKAVAKHI KANKYKQADDTLLFTEGDSAI GYLLTTDRRELHGGYPLRGKF MNTWGMSSAADAMKNKEVFDIC AITGLTIGEPANTNYRNIAIMTD ADVDGGSIFPSLLAFFSNWPE LFEQGRIRFVKTPIVILTKGEQ RWFYSLEYEDHKDDFKGWKL RYIKGLSLEEDERYVQIDPV YDVVSLPENWKFELIMGND APRKTWME	612	Subunidad gp50plus39 de ADN topoisomerasa [Fago RBS1 de Enterobacteria]	YP_00285395 8.1	0.0 (44/1612)	Subunidad de ADN topoisomerasa II	PHA025 69	0.0	
193	10103 0	10118 2	974	MQRWITLVSGDYGMYFAEKK PLPGTWVTWVENSQSKHEV YGRVSRVH	50	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
194	10122 3	10147 1	975	MKSTIILRTEALKYSDPSNEY QELLIKRLNLSIADRLSNQSVPI NHSLFAMKVIRFLRPDIKIDMV KVIKSSGAVKC	82	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
195	10146 5	10167 4	976	MLKKSYPNPKELFDDAIYREYRI IORFFDQAAEEFKDRFKQISDKI FTTNTATAEELLEVAEIIKRNH	69	Proteína hipotética conservada [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83010.1	7e-16 (45/65)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12RR

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
196	10168 5	10386 2	977	MKIKDDEVIIGSSDAEDSTFTIK ASGKAFDILSNKLYKKYKVRWV RELSTNCDDAHKLNGENRPF YIKAPTRLDFRVIRDYGPGLNH NDMMTYKTFFESTKNNNDFI GALGLSKSPLSYSTFNWVS HNGKATGYTVMKNRGEPTIRP MFVDDMKDEETGLEITYPVKV EDIDTWHEYIAYILRTFGAVPPK VDSLREIEYFPVDKTDWFSVN SSYESYGLYAVYGVYVPISGV DVKADWLLNRYGKVVYHPLG ELDITPSREELSLEETIANIQKR VNALEEVITADIKAFEAYESDR EFLREFNKLSSKERSILOSRGITI GNRDIQVWAKYNLDKIRSYV DNEVSYYVSCDEPARRKVSS SWHRHQVNISDVGVDRTKAF VLIDDKAGKRIATVRALCKSLV PIWAHTVIKONEDELHVIDELK IMDTDEVVFRVSELEAORKAL PDYDTGPKEKRPKSPNWSLHWI DKDGYWEEDROTLLSSEITELE GYAIGRNRDEIHTFPONWWW NMSITDMPSLAECGKKFYAIR PSAMKAAAKADGLLSFDRFIIDQ YIKCIDKYDYDQYMPNSNATGNR ICGNIAYDKLNFSSKFTASGM KNPFLTKLNIAKVCRTSKIKDE NDENNDLALCNKYNKLSSDAE TIFYKKIEQFKDDYPVIAVLDT WRTDSKLVDDIVKIMELLDGAS TONSENKGE	725	Protector rIIA de la lisis temprana inducida por profago [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373415 1.1	5e-99 (250754)	Protector rIIA de la lisis temprana inducida por profago	Proteína de familia HSP90	PRK140 83	1,11e -03

Fig. 12SS

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
197	10386 3	10477 4	978	MAVTCLEIQKDAIVKFNKGLY TKKELAEYGVSRDTRRVFKE REARAAAAVPAKVEAPVEREF KWAASSKFSITGRRTYNADS QHPGFKSALQKLVGDGDIAGID HINLEQGIKKFVQGNVRIEDGTL FYKDIELKSLTERIVRAMEDGE DFKRYLPFLENLMLNPSRRVAV RLFDLNLANDIDITDDGHFIGWK VRSNYFDCASNTFDNSPGKT VTMPRNQVDEDDORTCSTGLH VCSKSYIGHFGSGSDRIVSVKV HPRDVSIPVDYNDAKMRTCG YVLEDTVDRWGSELR	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	10481 7	10511 3	979	MINPFNVSHKVNLRGTHHAA TVFCHHVVKHEGDVHYAWLHC DELVELGDDFVVEPDTCNHDD RVYFGELHIRGIYGIDEQSPAEI EPTDIYPRFE	98	Proteína hipotética RB69ORF272c [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861962.1 7.1	1e-20 (52/96)		No se han detectado dominios putativos conservados		
199	10504 6	10563 3	980	MALMNKALQRLNQLRTFLDLN KLGRGAKVKIDTARYSLDIDPS QDRIDVLKRCRIAIPAEYVWADF LDGYVNDQVVDHNNNDPYEW AWDLAHPHYQGVRVEVKTIF VHDRANHKPWINTTGGDGPF PDGSGINLGPMEKHVADCIIF VAEEVSQNVIRYTPMFAGGIEQ LMEVVKPSRVGAGGYMHKF	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	10569 8	10593 7	981	MSYLEKSLRAKRGNAKAEAL LKEYRILESMNWHYAIACDNG DSTYGGLYPNGAAAARDEHKD KVKALEEKIRNLCI	79	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
201	10612 6	10631 7	982	MIRSSDFRRFNLMTVWLSFVA VALGVAIFGFGYFAQAVDIQT DGLKSLVETVWEGOK	64	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
202	10646 2	10691 7	983	MRNIMTFADLDNAGAEIGSIRN GDWAAGAPSRREITEREGFYFL MFNDGKAGYIGASARFFVAKQ RSKAGFESVLSHIRSGSQLGR TLRSNCVTYGVFWIPANKMKPL TTGYGKQLALAFTRQHSAA QTYSELNRLINDNFIITLQKY	151	Proteína de disrupción nuclear [Fago AR1 de Enterobacteria]	BAI83281.1	1e-42 (87/148)	Proteína de disrupción nuclear	Fago_T4_Ndd pfam06 591	7.83e -46	

Fig. 12TT

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad (24/47)	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
203	10708 7	10723 0	984	MIKGIAGGIWAALCVSTLTGET SVISQALAQGTLSIIILIAAFSND	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	10722 3	10736 3	985	MIKKILIGAAALVAALLLILYYGMIY GMIYVLFISDVIVQIGSLIW	46	Proteína hipotética RB32ORF257c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803199.1	5e-04 (29/47)		No se han detectado dominios putativos conservados		
205	10736 9	10875 7	986	MDIFDTLLKQAGSIDDLAKASNL RHRLDSIIDEAKKEYAYITVEN RAIPNLIDGFKPVQRFVIRALD LARGNKEFKHLASVAGGVADL GYHHGETSADAGALMANTW NNYPILDGQGNFGSRLVQSA AASRYICRISDNFRKIYKDTAIA PVHKDKEHVPPAYYLPVPTVLL NGVRGATGYSTSLPHSFESVL ECTKAALRGEMMEPEVQPKF NGKIVGTEDGSVELHGVYKETS RNSYISEIPYKFERASYVEKVL DPLEDAGYITDDDCSKTGF KVFRMDYALSEDEQORHAKIM KDFKLEKMSQYIVVIDENGLN DKFTSGELIRHFVEVRKFTAK RIEKKIETKQAFNLQAQAKQFI KEVAGNIVQGTTRKQLTKEIE QNELFHDHSEKLYSMNIYHITD DEAKLIAQEAQRLAQEYKYWE KITPEAEYLKOLEEL	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	PHAQ25 92	0.0
206	10898 5	10924 8	987	MITSLSKDIKNILYISTQADGTRL SHYKGNVWLDDEFVNREYPM RQVQASNYEDGEEYQWLCVY DDFWWJLKLNGDKLIFNV	87	No se encontró una similitud significativa.						
207	10937 3	11001 7	988	MSKVTVIHKASEDALNEKTAAILV QVAKKQFTTSSLEIRELEETMNA SSVNSHIGVLIKKGLIEKSGDGLI ITGEAQDIISKAAYIAEENKPEL LKKRNTIRKARPLTEDNNEHKDL MMKLLGEMEDILPLKELTVYRS NYIAVLEKRTFGIRSLVNNKGT FRIFGYKISEEHQKHFTDLGMS	214	Promotor medio activador [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803196.1	3e-76 (145/214)	Promotor medio activador	MotA_activ 114	plam09 114	3,76e -32

Fig. 12UU

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				CRVAATGNTYLDIARTAEIETII RSIKEL								
208	11001 7	11018 7	989	MELWEIYEDDVNIRGSIFIKALD KYHAELFEQLQQTYINESRYL IKLAMFLVE	56	No se encontró una similitud significativa.						
209	11018 7	11052 8	990	MNKFVILNELQRCVEKVLNA NIPTDCWDVWFRGHFVYDKK FTKCYAYNADGKHIMDVONYQ KALAKFVPLAEAVNSMEWLEKI QGEFVIRQIGIREKKSLSWQIKG 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	11052 5	11095 0	991	MSKFSEQMKNFVDASRHGALI NEPEEVSIPICFKVADWWDGR LLQRRVCAANRFELKSGGTIV PGTRHYSDVMANVLDIMFRDKL VSDHVGDNQGFVDQWGEYF TREEALIATHAGQVNTVPRKSG PANELFSEDLY	141	Proteína hipotética EMED08_gp240 [Fago INE08 de Enterobacteria]	YP_00373439 _1.1	1e-36 (73/113)		No se han detectado dominios putativos conservados		
211	11095 0	11125 2	992	MISTLKNITLLKIQRKSLORSLE MMDDNWGTYTNEAGFKMADS KFMKTLMDKEYICPFSPFNGG AKPFLAEMYKIMTEEMIKDIDYI KELECKEDKV	100	Proteína hipotética RB32ORF250c [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803192.1	6e-15 (38/80)		No se han detectado dominios putativos conservados		
212	11124 9	11146 1	993	VRAISAKADYFNSLNRSEKAQIK RFILLEGVYHAGDLKAHQECGI AKRFDITRNLNEVIAHVQPSSE 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	11143 6	11156 1	994	MYNPVAKNDFNKGGAHKDKKR AAKESKRKQKHKGKDNHSE	41	Proteína hipotética RB43ORF288c [Fago RB43 de Enterobacteria]	YP_239264.1	7e-05 (24/35)		No se han detectado dominios putativos conservados		
214	11170 1	11182 3	995	MVHDWNGGIFTVAIANVEPEE VLEQFCVCVDAYDIGDYL	40	No se encontró una similitud significativa.						

Fig. 12VV

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
215	11182 0	11214 6	996	MNTETLRREDEAKYHKRVELL SAIKVEYTLQVRLKVLNSWAND LEVKHLEQAVMTFTQEASKPF SLSDPHYGIITIKAKDRGDIIS GVEYIESILGNRGEVLA	108	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
216	11214 3	11240 9	997	MSHNLSEVIESQRYLEALMNKI ALGLSLDLSFQEAAMDVCHWMN RRVRPGKEWYLTAKVVDGRY GLWMSSGAETITTKEDLNSRW ELA	88	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
217	11247 7	11274 9	998	MTKFEIQEIVTVASILTKEFAEH IMEKRDEFIAFLNEIGIKNEQGR QLNQSNFRKMVSELTDDEKRIL VEEYNEGFESIYRTMAHMSNK	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	pfam09 010	1,02e -19
218	11340 6	11275 0	999	MASKQSIPFFDMFLGLLELLFKD GATGRVLFSSRVFVILLALLAFA GYKSDSLTAYVDSTYDKYDKL VOKDRDTRFDNTALEQLQIVHI SSGADFSAVFTFRPKNLNYFVD LIAEGTLPSTVDKSNLGGYPID KTSAEYSTHLSGRYFWTDKEFV FLPTKRKPEISYMFSCPYFNL DNVYAGTVEMVWYNSKPALSN ERLTSICQAVRALGRAK	218	Mediador de lisís de holina t [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861946.1	4e-75 (132/217)	holina	Holina T de fago	pfam11 031	8,03e -75
219	11397 4	11343 5	1000	MAVTGRVWVGSSAKAETGEPW MAQAGAKLRLGTFFVMSNMIG RSVFNFLTVQYRWNNIYYR GSWQVGGWNWSPKPTTKNTV QGNFEGKEVTLFVSVSGQGGV NYWNGDPQGTTLGIRNGDAIL RVMMSDGTTTFDFTPGKMDGDV RNYQIASNDEANKLKNWFSDR TDQYWQGLITRR	179	Catalizador gp38 de montaje de fibra de cola larga disal [Fago RB16 de Enterobacteria]	YP_00385856 0.1	8e-23 (73/183)	Catalizador de montaje de fibra de cola larga disal	GP38	pfam05 268	8,30e -12

Fig. 12WW

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
220	11858 8	11401 1	1001	MADQNLKIQIKFKRTSTENKAPG ADVARGEIVLTHGRILAYTK DEADNVQLAGKGVPLFDTAG NLNVDDITLKNVITSPNKAIN FEATDLGSAVRHIVGKCATND GWYIGAGGTSSGILEIGTDDG AETIQFVQRGSGNVEARLVL DGSNGTLLPGDLRLTNKTVKI NGSTLVLEMVGVGSDAYIKN QRGVGLQLTNDNLTFRNSQ VYAMNGRPGKSGTLLTNVE NNQAWQYVISAATAGTPRWV KVATIKHPGDASSQLDLMITGGI DSGHRHYVDFITLGRNLTS WSTSLNDNWVWRIGSPNKG NVPEYVVKNDAAATDSEAFDF YAKVPYNGLYVTVLNTAEYN GDSGKVIYETGDDTGATTPS GSILVSMKQVDFSISKPDFSDTT GTLVNRGGTGATNVGDARNN LGLRTAAVRDVGESSGNVMEV GAFGIGNGKSLVDITSDVDLM TRLKALGGTTFRANVASGYTGA PYSHGAGGFSRTGDTMSALNI DYATGNVRVFAINDSGLASGRV NSNVLGTANKPSKADVGLGN LTNDTVKKAGDTMTGDLTVP NLHASGTGTASVYNAGSNA HWFRGTGNERGVWATPNTA DLQINIRAKTTGDVSAGDFSF RSDGRLDVPVAVKVGGAAMLT KDNITTSKSMFEGNLLNNYLSI KNDITTDGSKQVSKTGTMTG NLTIANLKVENPNSMVDLGS ENSDKYSRLTLARKVGSAAVA MLKITPEGYVQFYQDAVATPA PSKYIRVKPDGLDVEGLVFNQ TYRGTEADNITDKTNLNNMVI KGSDLGTRQLYKCVSSGGGSN ISNKPTSDGNFVLEVLRLKISD SDWTKQTFITKNGNVEGTYY RYCONGTWSAWKEVAVGVQPI NLGGTGTATSAIAAARNLNVGE GOSVKFGLVNVGSGVTSDPTI	152 5	Proteína de la cola en forma de L [Fago K15 de Klebsiella]	YP_003580111 0.1	6e-137 (386/113 8)	Proteína de la cola en forma de L	No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12XX

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
221	11926 0	11859 8	1002	TFKNQAVVREAAQGGSTGALIMS ASATAASAKYIAFRPFQDSSG SEIRKANGSEPLLEWSYGPGL RSNDSGAFVIYAKTGQALHLRP NGDSDNOATVIDOKGKMTVGG EFEAQNSKITGNLVSEDNRM VLKNSDIGLVKKNMGMPGKMAI GKNSFTVMVSANTNNQINPAD TFSDIFK/DASGNQTVYNAQI NRQLTV/SNTNLNSDLVKGNS RFGVINADGNINVASGKFVIAG QAPTDNSHLTNKKYVDDKVAS AISNAGDTYPLAGGTVTGLIV TGNQLKITSLWTTGDAAVNGV LTVDGKARFNQEFVSSTSVNV QNTGNSHVFFRKADGTEKGLL WADEPGNVSIRAGGASGPVWN FWASGCOFPGAISNYNGISST TNPAGQPNGTYNNTAGLVSR FSNGAYASLYFQEVYGNFHOAI INVNGFRDDSFYFRAGGDFIC TRNGSFDNVEIRSDRRAKSDIK VIENALEKVETLSGNTYELHNTS GGTTRSRAGLIAQEVQVLPNAV TQDIEACGGLRLNYSVIALLV ESVKELSAEVKGLKAEIELKSK MADLKAGSTVGGNPIWHAGTF PLVPAGNSLTYRGKKVYTEIDK POAADNDFVSKANGGSYSRTV TFETGLRVQTTGSGGMELVNG GVDGATLNGVNAKIKTWGLG FESNSGNGITIAFDLRSGNIT KGGITSNNQVSVAAAPTANSH LTRKDYDELINTVSNVANAIV KKAGDTMTGVLNAGVIVNKK ATSGEYAPRLDQVISRGVTIDF GT	220	Conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358010 _9.1	1e-59 (120/223)	Conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga	Fago T4_gp36, fibra de cola de fago T4	pfam03 903	9.26e -51	

Fig. 12YY

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
222	12045 4	11931 8	1003	MADPLMAAFGEFVETRLSEA NSVKYWLKAYATHSNAPNKP ELNINGAFDMTSSLRRGINVQ VNGDRFNKTFDVTDDNNAN NKAFVEYANGLTSLGLYIMTHER FQSSPLIDRWFKNKWSASWPG SDFSKSFNSAYVGVLAGAAG RLIESFYGNDGKVEDSRAKV DTVYDNGVDVGYTCPPYSIE DTNEYSDSTGYEYKRYPVONE SISKIADYGLSPGDSVFLVCDM YASKSLLDAGSTTRASLRWFKG TSLLSSNVSLVPPKNGADRWLR FERFTAVPTDADGFTIVVSRYP KTSVVGDSKIKNLVFTVSHGE QLNSVIOEFGVNGIRMNKGVEG GTTMELPNKSKVDPGVPVQ SFRETS	378	Conector gp35 de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358010 _ 8.1	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
223	12429 9	12045 4	1004	MSDLKQHFRAATNGLDAGGNK VINVALADRNKTDGVSVEYVI QENTIKYDPTRGYLTDFAVY GRRMIANKOIKPKPAGEFNQAN WTSLSRVDPNWYTVRKGEFEIQ SGGFNVDSNAAGNATLLPLA PDEGDTIVRDIGGRPGYNGILI KAAQDTGASIVFGESRLREVRLT RPYSOIMLTFSNGAWRASLTDF GDTAKMVPNGIVPTQVQSGD NVVRRYTSNSEIFITLPLFANSN DIINFDTLDGTSPIHMTVTRFD PTISIGTPGQTEIQVRTSGSGL VYDAKWIREFENDLRLTRVRII SDVTLMPNEHISVFQADNSTVK TINILPTDVAVGDTVKIAMNYM RKQGTVVIKASDGDITASNLNL QFKRSEYPPDAWVQSSSIF NGTTSYVPVLELAVIEDKASGK SYWVITESDPTVERVDKDNIT RARLGVIALATQAQANAEISPE KELAITPETLNGRRSTETQTGIA RIATSGEVNQATTASYLDNVIT PKKLNERSATETRRGLAEIASN AKMDAGTDDFTIVTPKKLLYRT TSDSRLGVQLVKTGGAPNITTA DRSSAGTGIFDHSYKNAVTPK TLREYKATVNOGIVMLASDSE VRNGTPASSNPTVTPESLHK KVATDGAIGLIQIATQTEVNAGG VTNKAVTPKTLNDRATNDRTG IARFATPGAQGEFEAGTSSTVM VNPKLLEDKFANTSRQIVNTSS GLTITGNLWQHYTINIEASTSQ RGTTTLATAAEVRTGDAKIVT AATLHAKTATEGAIGLAQYATQ AOVDAGTLDRIVPPAYLKQTIQ VTESWQATDSVRGTVRLSTGD GTWKGNDTNGSTLPPDNGYASK GVAVSPYELNLTCLKHLPRLGK AYDTGMLGGQTPDKYARRDIA QTISGAWTFSQDTVFNNNISVQ NILYANGGEVKISPTADTGNH VRFQNRDGTGERGIYAEITQTAS	128 1	Subunidad gp34 proximal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella]	YP_00358010 7.1	0.0 8596/130 9)	Subunidad proximal de fibra de cola larga	Fibra de cola larga, subunidad proximal	PHA025 84	0.0

Fig. 12AAA

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				AGNLKVRVKNGTGTTAASQTY TFGGNGTLDVPNEVSTKLRSS GNTVGGTVMKDVTLLTIETQN AIIGARSHSAFIDTRDADTQIFAR DNTNSYPILTTKNYARLADGRY VKKAGDTMTGNLNINSSAIVITG SESWYPTNDTVLROGSWTAE IKDATLKLGLRGYMPVPIRTPDP ANPSTLVVTGYEEKTAAGGVL QVGVTNNNTYQLWTPYPTTE TADKREFTVWMRIYNPNLNKF DWMRVFTSATPTTAADIGAPS SVSTQVKTLVLEWIKLGPVKI WPDPRNQTLKFEWVG								
224	12437 5	12530 1	1005	MSDLNCLFAEEDQVKEGVILIDL SIAMATILHTYKEGDKLTPMV RHLILSTLKFNAFKWKKDGYTKI VICVDNAVNGYWRDVAYYK KNRAKAREESNWDWEGYFEG LRTVIDEFQYMPYVIDIDKAE ADDSIAVLTKFSLGHPVMVS SDGDTQLHKYPNVKQWSPM QKLVKSKTGSPPALDCMVKIK GDKDNVASIKVRSDFWYTHV DGERTPSTKMTFVEECLDAGE NIKOLLTEEQYKRFLNRLIDF DYIREDIVANILDCYNNYQLPGR GKIYSYFVKSGLSKLMKEINF	308	RNasAH ribonucleasa [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049859.1	2e-114 (202/306)	RNasAH ribonucleasa	mh, RNasAH	PHA025 67	4,40e -127

Fig. 12BBB

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
225	12531 2	12558 4	1006	MAKKEKEQVVFDEAVHGOALR DMIKEASGNLKAESYLELNKDI KDRAKELGVGKLFNQLALF HKGTRDRFETEKDEVEAYDSI 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 DKQANGFAIESMVTGLMGYLE ATTQWLEENSIPGNGFSRYIPP AIEKIMSEALEENMLRPSFSQT HKTNSLDFLL	99	Proteína gp33 accesoria de trans- cripción del promotor tardío [Fago RB69 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	MIRLRMPQNNRYNYNGKSVYL LYMLKQHFAGRYDYVKNVWV MRVSDKAYQKRRDKYFEKLA EKYTLKELTLIFMSNLVANQDA WIGDISDADALIFYREYIGLKQI KTFSEDVKNIYFAYKVNVDKL HDIFEYNEKVGTSYVFKLLQSN VISFETIMLDSFLDIINTHTAT DNLVWSNYSTKLKAYKKLLNVD GAEAKKLFISIKSCKEISI	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	
228	12659 1	12750 8	1009	MFKRKMPAQLOQQLAGLKGGG SFSNEDKNEWKLKTDNAGNGQ AVIRFLPGKDENSILPFVKLINHG FKHAGWYIENCTSTHGDFDS CPVCAHLSKNDNSYNPAEYKL LKRKTSFWSNLIKIDKINAMVEV GKVFKEFGQKIMDKINAMVEV DMDGETPVDVTCVYEGANFV MKVKYGGFQNYDECKFLGQS EIANINDEETQKFLTENMADLSE IVAPSQKSFVEVNEAKFKQIMG TAALGGAAGAAQAQADKIGDDL DSFDKOLDSFESKPTSSRSADD 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 ADNinc	Proteína de unión de ADN de cadena única	PHA025 50	5,68e -109	
229	12763 4	12789 1	1010	MGLKNDIVAEPIYINKSGFCTDLI FEDGSRFYDTHGIDFLVIKE GPGGGWPNIDLRGSKAVRAW LEANEWEDIDLMMETWKE	85	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			

Fig. 12CCC

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
230	12793 3	12815 4	1011	MAQVTNEIYDYEHFETIEKYGLI EVSNSAPWGGNEITVEGDTP TLWLWLEQEFYFGMDDECRD TLTFSS	73	No se encontró una similitud significativa.	NP_861934.1	3e-08 (45/130)		No se han detectado dominios putativos conservados		
231	12815 8	12852 3	1012	MKLNTYRIPLSLAAEWDLSST GNRRMLMIEEHGSGFPTKM LDEDSHTEVFKDGTADAE GFGDAIFEISDYEFKFEYVEI GSAIQP3PTRLDLVTPENAE MDLIKVFKK	121	Proteína Fd.2 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]				Proteína del bacteriófago FRD2	pfam03 197	3,59e -11
232	12858 0	12885 8	1013	MKLQRQSKLGSEYRGKWNFCI CDKNPELEERVEVLQMEAP FTMGGETVYWNQVDCNCPY EDGYGSGFWIPVEDVEFKKAF KLAKAK	92	Proteína Fd.1 hipotética conservada [Fago RB16 de Enterobacteria]	YP_00385846 3.1	4e-25 (53/89)		No se han detectado dominios putativos conservados		
233	12893 7	12925 7	1014	MSKFSVTGYPRVNIHQCFDEIP GVTHIELVDFPHSRQNVSGKI DSAYGEFLNDQVYVSAISGEQ AGSLYILKREVFEEISEAIKEGFK TLOSMIKASEYKSCGF	106	Proteína hipotética RB51ORF 237 [Fago RB51 de Enterobacteria]	YP_00285419 0.1	6e-06 (39/114)		No se han detectado dominios putativos conservados		
234	12934 0	12950 4	1015	MENFAYDDYDLDIWWDGREW VTICAMSIDSAIKRLQELQKQ WEDGN/ERVEFY	54	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
235	12951 2	13011 1	1016	MIQVYAFPTKTVDGKNENAF GLGDGLPWKHISODMKNFANR TRDTLICGAKTFMSFPEPLGR KTIVQDMSRALATAKNGFFAD AYVSELEFGLGGDIMAHTSY NSTITFNRLNYSIGGAGIQA YPYADRVQTIIRKSHRVNSDVT LPAEFVTAPTWPESGFTKENH WYHIDEVTNISEVYERKL	199	Dihidrofolato reductasa Fd [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373437 2.1	4e-44 (91/197)	dihidrofolato reductasa	DHFR_1, dihidrofolato reductasa	pfam00 186	2,29e -14
236	13009 5	13041 2	1017	MSANYDITQLSEDKYQKRWKR FPFKHGHLVFSYNGLSYNG STTVYNRNGNPIERDYKKMF IGMSHGNTVNDVVSIIGRFE KRGDQLFFFTPLQEKFNA	105	Proteína hipotética RB32ORF 229c [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285456 7.1	1e-06 (36/116)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12DDD

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	Valor de E
237	13040 5	13126 5	1018	MREYQELIKOIFENGYEITDDRT GTGTAIFGTOHRFDLQEGFPA VTTKRLAWKACIAELIWMFCGS TNVHELRIQHDSLLEGTWVD DNYENQAKDMGSGSELGPVY GKQWROFMGVDDQLIIDRIKQ LPYDRRQIVTAWNPDVLDKMAL PPCHLLYQFNVRQGHLDLOWY QRSVDVFLGLPENIASYAALVHII AKMTNLKPGHLVFTGGNTHIYL NHIEOCKEILREPKELCLEIEIA FPDTYETWQTSSQIRWLEQFA RPHHFEELGYKSHPTIKGKMAI	286	Timidiato sintasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803170.1	3e-134 (217/286)	Timidiato sintasa	thyA, timidiato sintasa	PRK018 27	3,21e -96	
238	13126 2	13146 8	1019	MNIRFVRKGHQSKTVLGEMQD AFSSDPEVNDTIVFDGTEQRV LSVKSIEWSIGKTLQICWFEVD IT	68	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados			
239	13146 5	13177 0	1020	MKICRVNKHYSDFDVIQIRGT MWGNVYVKDCDNRPDAAAFK DDFIKRNGEIKREHLETLRGM RLGCTCKPLPCHGDIALVVKL FKDTFELEDCK	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	13176 1	13400 7	1021	MQVIKSSGVSQEFDMQIKIKVLE WACGETKVDPELYEIKSHLR DGMSTADIQKTIVKVAANSID EPDYQYVASNAAMFEIRKRYG QFEPFADHISRCVNANKYDK EILSKWSAEIITLDSYIKHERD FTMTYAGTMQIEKLYVKDRHT GELYETPOQAFMLIGMCLHQDD GENRLANVIRFYDAVSTKKSLP TPIMSGVRTPTTRQFSSCVIEG GDSLNSINEAAASITKYISKRAI GINAGMIRAECSKIGFGEVKHT GVIPFWKHFTAVKSCSQGGV RGGAAATLYYPIWHLEVENLLVL KNKGYDENRIRHLDYGVQINN LMIERLKNDYITLFSPOVCLGAL YTEYFRDAQAFRLTYEELEKNP DIRKKRIKARFELFLTERAGT ARIYPYMDNVGEGYGPFIROVA TVKQSNILCLEIALPTSDVGOED GEIALCTLAAPVLDNFWQDQDE	748	NDF reductasa NrdA aeróbica, subunidad grande [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292257 1.1	0,0 (572/751)	Subunidad grande de NDF reductasa aeróbica	nrdA, subunidad alfa de ribonucleósido difosfatasa	PHA025 72	0,0	

Fig. 12EEE

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				EVNIEAEVMVRALDNLIDYQDY PVDKALKAKORRALGVGITNYA AWLASNFASYADANDITHEMM ERIOYALUKASVKLASEKGPCAL YKETRYGRGELPIDWYKRIDQ LAAPNYVCDWELLREDLKRYGI RNSTLSALMPCESSQVSNSI NGIEPPRGVSVSKESKESFNQ VVPNVEHNASLYDYAWQLAKQ GNKPYLNQVLMQKFVDSISA NTYYDPANFPKGVEMSVMMMD DLYFWYFGGKTLYYHNTRDG SGNDDMIQDSADCAACKL								
241	13400 7	13464 8	1022	MNYQVNYNSLISRAPRESLLG YKETHHIPRCIGGDDKENLVE LTGREHFAHLLCKIYEAPGLK KAFGLMCLTGKNRSYKVSSQL YELGKRRLSEAAATGRKASIEIR EKSKSLKGRFTTEHLANMRK PKTEETKNIAAAKVGVLNPMY GKISPTRDVPHTKETRDVISLRT KOGTEYPPCPHCGKKNKGNA	213	Endonucleasa buscadora putativa [Fago L27 de Enterobacteria]	ABA03236.1	4e-113 (193/213)	Endonucleasa buscadora	HNHc, HNH nucleasa	cd00085	2.82e -04
										Cono de ATP	pfam03 477	3.83e -12

Fig. 12FFF

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LRWHYDKCKFKDPK								
242	13464 5	13578 7	1023	MSTVFNKEPYDINNEPMFLGS GLGIARYDVQRHKVFEELIEKSL SFFWRPEEVNMMDRGQFEKL PEHORNIETDNLYQSLDSIQ GRAPAYLSALISDPSLDTWNQ TWTFSETHSRSYTHIMRNLYV YYDDVIKTRAWENAKNRCFN DPAKIFDEIVLDEAMKRAESIGV QDNEIEAKRQLMKSLYLCLHV INALEAIRFYVSFACTFNHKNM EIMEGNKIMKFIARDEQLHLKG TOYLRLQLOTGTDGEEWVEIAK ECEQEAIEFMENVNROEKDWAI HLFRNGGLPGLNVKILHDFIDYL TVSRMRSCGLPCPITDAPTRHP IPWIREYLNSDAVQSAQVEVEIS SYLVACIDNDVTDVVLIGKRYL	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	PRK091 01	3,79e -147
243	13581 5	13623 1	1024	MNDIANEFSEFIKYVQLELEPDFS IKPVLVANKLVVYAVVDDDELV YIGKTKNLKRINYRTAIRKQD QTSDSAKSAKIFEALMAGKKE FYARQCFFNLINNELGEMSIST MDLEEFMFIKFNPPWNTQHK VKKG	138	Endonucleasa II DenA [Fago JS88 de Enterobacteria]	YP_00159535 1.1	1e-58 (108/137)	Endonucleasa II	denA, endonucleasa III	PHA025 98	3,38e -49

Fig. 12GGG

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
244	13622 5	13737 6	1025	MILEYKLNLMNCESSEVAKFFY KDFTGMDGKFRVFSYHYASY SEWLKPDALCEKRGIMFEMDGO TPIRASRPMEKFFNLNENPLTM GIDISDVEYIMDKADGSLVSSVY DDGYLYLKSSTLSYDQARQAS ALLNSEYSSLHQVILELADGY TVNMEFVSPNNRWLAYQEPO LFVLNRNNTTGEYIKYDDLYA NAKIRPYLINAYGISDPTTWEG VRELEGEVGYAVLNTGORFKV KTEWYSALHTKDSITSNERLF ASVVSANSDDLRLSLFAGDEYTI KKISAFEQAYLDYLGKSLCQ SFYDEYRGRARKDYAIAAQKAT VNQRHLFGVIMMYEGTVDDV KLLKDLERVFLKYWAGYVPKEY EKEIEISEE	383	ARN ligasa A [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861926.1	8e-109 (188/376)	ARN ligasa A	mIA, ARN ligasa A	PHA025 89	6.98e -147
245	13743 9	13794 8	1026	MDMQAITLDMVVKYGTHTSDGI FVWNGTKKVGFVTDLRTHMAR KEAARKKOKEYTNRVNEQRAE ALPEAVDEMIDFLDNHLAKYGA EVFNITQPNVHANGCKCYIV DPIYGHRLGIMHRELNYSEMA EYVEACFKCSPSESDRHILISG LSRDDNEVILKLSCK	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	13793 6	13828 9	1027	MILKINTTWLIGVLALSAGGLKY LSWRVENLKADLKVVQDESDR OAKEIENIGVSIKNIQTTKYGYQ ENRAARDTSNAKMNKSKRGN VVAAPGLVEKQINASFNFKFAE DIQEATR	117	Proteína PseT.3 de membrana predicha hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861924.1	1e-12 (47/119)		Proteína hipotética	PHA021 41	3,41e -03
247	13828 6	13857 3	1028	MKRSLAMCIISLLAGCSSAPD VPVLHPEWPDPIQKWECHWEV KVIDGAWVGMPFEESQEIYRI WMNDLRYTKDANGMICYYRSE LKEPRCVK	95	Proteína PseT.2 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria]	YP_00292256 5.1	4e-24 (53/95)		OM_YfIO	TIGR03 302	6,31e -03

Fig. 12HHH

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
248	13859 5	13908 0	1029	MEPSHFYSYFVKDASHLLSIKNTQLRNILAVGSCQLTPLAKKATVIPENISNGDYTVRVSVPGALKERLFELNDQTRISFDVWFKLFMVEFMYPDFLKFVQRKEALKEAISELEDASIEFGKALQFVESGGVEQDAVNGFLKKYGRRLSLAHRNLSKMYM	161	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
249	13908 0	13929 2	1030	VNQEYETLKGIAENELACIVFGRAAENYDKNDILSMNKPLRAIKEKYRANWGEKSKALHDFIDLKDV	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	13929 2	14018 5	1031	MKKLVLTQAGPGSGKTTWANEYVAANPGWYVLSRDDLRREGIFGLDKRIDYKYSKLREKSVSVCQFSMAKTLLMETTKGVIAADTNLNPTTIKKWQELAYEIDGVKWEIKRFDVPWTELVRNLVRGANA VPIEVLRSFYSKMHPYDLYIPDES LPAKAVIFDLGTLADNNHRSPYDLAKGCKDHPKEMVIEFLKMLRNKGKYLTVSGREGTKEDPTVYORITKKWLLDHWGETGEHFQ RKQGDSRKDDVWKEEIFWDRIA DRYNVKLAVDDRAQVEMWVR 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
251	14019 7	14048 1	1032	MFPKYSEVVKVSFTQVVAHHLTDEFTPAAVAKMAEFLSAMNALIPNGEVKFSIDRLGGSEIKISC GEGEHDWFIVGIIANFETQQVE TYV	94	Proteína Cd.3 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria]	NP_861916.1	2e-06 (34/90)		No se han detectado dominios putativos conservados	PHA02530	2.64e-105
252	14047 1	14070 7	1033	MLSDAKFSHDEFISKVKIFAQEVANRVPGSKVTLRRSSFNYVDAYIITVNGKSNQHTQLALTGT	78	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12III

orf	Posi- ción de Inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GVQVEMTNILGHI								
253	14070 7	14105 1	1034	MTLREAVEALLIEHARGIKAEIS PNGIRLSAIVGSDQGVWSIPRE EYDAILYSNVNVKEGQPMYGV FSDSLERGNHPFPDGTGRTSR VESFASPTDELKLVKTNNTTYL VI	114	No se encontró una similitud significativa.	YP_803153.1	7e-83 (155/193)	dCMP desaminasa	cd, desoxicitidilato desaminasa	PHA025 88	1,13e -81
254	14105 2	14162 1	1035	MKASTVLQIAYLVQESKCCSW KVGAIEKNRIISTGYNGSPSG GVNCCDHAAEQGWIGIPIYKST GLRQDGFQVKVGLLKEHRAA HSAWSKVNEIHAELNAILFAAR NGSSIDGATMYVTLSPCDCAK AIAQSGIKLVYCYETTDKNEPG WDDILRSAGIEVENVPKRNLDK LNWYNKEFCGIE	189	dCMP desaminasa [Fago RB32 de Enterobacteria]	YP_803153.1	7e-83 (155/193)	dCMP desaminasa	cd, desoxicitidilato desaminasa	PHA025 88	1,13e -81
255	14162 1	14182 1	1036	MKLRIIVINKLNLSGDVVISYV ERRYWFKNKPLATFEEDQAV RLIKELSKRKSVIKTIKETS	66	gp5 [Fago N4 de Enterobacteria]	YP_950483.1	3e-06 (29/63)		No se han detectado dominios putativos conservados		
256	14181 8	14212 6	1037	MKLTTQNIHIRETLKAVLSMGE SOIVFEKADGTIRLCTRDKDI PSDLVESTTKSARAESTTSLPV YDTEKEGWRSFAFDKLISVNG MKVEHLLMIGK	102	Proteína gp31.1 hipotética conservada [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285454 5.1	2e-29 (65/102)		DUF2693	pfam10 902	2,25e -22
257	14218 4	14250 7	1038	MELPIKALGEYVLVSEPAQOG DEIVSPSGIILGKEEQGLPDMC EIVSIGDDVPKGFVEVGLTLP VGNIRNVPHPLVAAGVKPKKEI ROKFVTCHYKSLACVYK	107	Chaperona gp31 de ensamble de cabeza con GroEL [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373435 2.1	3e-40 (78/107)	Chaperona de ensamble de cabeza con GroEL	Cpn10	pfam00 166	2,77e -03
258	14262 3	14287 1	1039	MNKQLTKALELQNAWNSGHE NYGASIDIYAEALEVLKGFHNL PAAAEFRDTLEAMDELKYAKHL GSAARKAVRHFVVTLK	82	Fenotipo de lisis rápida de proteína rili accesoria de inhibición de lisis [Fago IME08 de Enterobacteria]	YP_00373435 1.1	6e-29 (63/82)	Proteína accesoria de inhibición de lisis	No se han detectado dominios putativos conservados		
259	14322 4	14341 5	1040	MEDDKMAKOAKAKTAVKEVVG TSKRAGYKRGSKNRINQTVKEI MRRARAVLRDDASRFGPKA	63	Proteína de 11.1 kDa no caracterizada en región intergénica Gp30-rili	P17310.1	1e-14 (41/44)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12JJJ

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
260	14353 7	14389 6	1041	MNFTNFRKYVQNNAWDVSTT LLWEHNGTVAQIDMYWEDNY VFFSENGPTLDIQFNGSEIKVG FHDEVKRDLSHSPSWNTNRQ LLVKYLRHLGRKTTTEQREAI WDIVSNEIKF	119	Proteína gp30.7 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049821.1	3e-26 (58/118)		Fago_T4_ Gp30_7	pfam08 919	2.72e -27
261	14393 6	14441 8	1042	MEKGFYKLLKTPSLSPGALIK GVFEQGNPIKTRTRFKYAENT GLVEFEIKPDGEYKRVSIDEVR FSRMCIITNQEFQHYFEETH KEPEKTDGSDNDWGVTSTN KGNDTYKGGLTKEEAVNLAKV QRLNATKDTKVMQPFAPVW HVNIRFF	160	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
262	14443 1	14470 9	1043	MVSAFYDSRKKKKVETIISDTRD GTPANKNGVVKAYIDKYCPPEFR MIDGVDSLSINIINAKIEFINETVP IGYSDGSGSNAKMPKEKFTKF	92	Proteína hipotética EME08_gp196 [Fago INE08 de Enterobacteria]	YP_00373434 7.1	7e-05 (24/66)		No se han detectado dominios putativos conservados		
263	14472 0	14489 0	1044	MVSVFKSKDGIFSGLKNHPM VDIMSANVKOHTVEYEIDAPDF FELPEWAVRLDA	56	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
264	14488 7	14508 7	1045	MKYHIFTNVTLANGIPGVVCDT APAKAYSVEPWYEVNWWDGN RSIHAESELYPITOLRAANDVY	66	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
265	14507 7	14528 6	1046	MSINPHFGHVMVARRITREMLKT AEYNNELIDIEPSDAPGLWFFNF TGAANSVAKFKQALRNFPECQ NQ	69	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
266	14527 1	14611 3	1047	MSKPVATDVGIVKWSQGLP YFAOKYNLPVEHILDMMTTEKFI KPAELDCEEDLAVKLLKYNN SDFIRYLAPYADALATVNLKEK YDFVAILALGNSVDANLNRRFN LNALFFDAFTEIMVGDYDESKD ALLEKAKVYGDIVCYVDDL P KHIAAASKVFEDTETRVFYMPR GEREGSVTAPGIMVEDWHQVIT CLESLSVKKPKQKSLRLWEEA IKDQIRKEQHPFNWPPRQVPG DWWKQPIIPSPSPHPVPPGND WWNNGRITCDNHQINC	280	Proteína gp30.2 [Bacteriófago OX2]	CAG29240.1	5e-62 (132/267)		30.2 proteína hipotética	PHA025 97	8.07e -59

Fig. 12KKK

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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	14615 5	14636 1	1048	MFVHTKVGKRWLSCDYGHVN QFYRWNPWREAKACPIWNECI NNGFYIDGLTYHRSVSELSKE LGE	68	Proteína gp30.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049814.1	2e-08 (34/75)		DUF3045	pfam11 243	3,18e -12
268	14636 1	14783 3	1049	MIFDIKAIEDAKGSKAKTOILDN KDNVDLKRALLAYSGRKFIFIK KVPEYTPVKYPNPVPSKTFSDGL DYLOILAARVLTGNMAIOGLV DILSKMNEGDAVLVRVLLKDM RCGASGSIANKVWKKLIPEMPQ MLASAYSEKALSYIKFPAPAFQIK ADGARCFAEIRGDDLDVYTLT RSGNEYLGDKLKRQIEMTKE AREHPNGVMIDGELVYHVEV KEENDLDFMFKEPELPESKA KEFQQTARTESNGLANKAIGTI SAEEAGMRQVWYVPLDW YSEGKVPGFAYDVFRALEMM SKGYDKILJENHWHNIHEARAI YKTYVDQGLEGILKNIGAYWED KRKNLVKFKEVITVLDKCVGS YEHRKQPGKMGGLMFVSECG RIRVNAGSGLKDKPEELHELDNR THLWKIRDSLPGTIWELECNW VTAEGRDDGTGVLFLPIIKQRR YDKEVANTFEAAFGVNFTEATG IK	490	ADN ligasa gp30 [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049813.1	1e-147 (287/503)	ADN ligasa	ADN ligasa	PHA025 87	8,32e -169
269	14783 0	14800 9	1050	MKVLVEIAKTDGGRGGISVHT EVLDFDNIDVFNKFNKEIEYES VNGLQWRTATIIN	59	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12LLL

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e Identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
270	14806 2	15018 8	1051	MELLNEVFDEENSKIYPVENVK PKLKVQVFLIKVPGNNLMIRL VHSGGQDAVKNKMGDKFIQ VYVFSSEKGNIGALKGGLGQD PIGAINIFETVNVKVKQKADAV MFRFNPKMQGQDKAIQILAR LITRTGGFNLMDMAYYKGGK YAYSIMVHKGGKLEIEIGPEISD ELTYKVESKVGIEIYSKETGES VTKAEALANSIGEKEDKSELA VMSKMYSRKDLIRAOYKGFVS YVDEDWPNKRERWYELTTNT PVLNAEGDVTDLQDKIAGLEK SIPFYDDIKHYRVRGGYGSNF GDAVERLFVGQMSRMHDDWK VFIPSGDKMKIAEQISDVADV IAOAKNPASMETMRKIVEVATR GDMPPADDFGALROYQNLVN YMSAYVIVGDSISKAEYNRE MQSRLSEERDAIHHCYCSGY SFVNNYLIGMESLGPIDKKIRP LDSAFEKGLRLEPGTLLYRGOR GKYEDKDNIESKMFYQNYVS TSLPIIFGAYSNAGDSLMPDAP SSDENKETTANAVSSVIGTDN LERVDRGEEVAYGDEFKGFVI HGADKYKVIPIGVLSFSDEAE VILPRGLAMKVKVWGTFFRN GVGVANKTFMVEIMTVPPEQ IDESVHLVDGILMEQKVEPL EESKFKGFLNEIYFSPDRSTDK VSYTRTMELLGAINLDGIPEKL 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	PHA025 66	1.89e -145
271	15025 2	15053 0	1052	MKHVFRFNGIEWSADVKDAEK FNEEVLMLEGFNEGFTVLIQD IFRKPTSPSFEAVLNGKAEGL PKVWVWTTKEMKLLRTEPGFIG CIA	92	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12MMM

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
272	15147 8	15055 2	1053	MFTLEEFKSOAADIQFRTNMF SVVFATVPSSKTQALLNDFGGE LYNNMGLDGNWLGLTPGEFNQ GITTVTCGRQVRKSGVNTF MIGAMTORVVQSLGFEFTVGT LLDFENAFPTAGLMVYSAKIP ENRLSYEMDKFHNAPNIKTGR DMEPLVLSFRMDPEASNYRAM QDWVNAVDPVTGLRGLPQDV ECDIQVNLHARNGLPHTVCLFS GAMPVACGAPFTYDGTENTAV FDVTFAYRSMQITGSVGKQAM 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	PHA026 05	4,28e -126
273	15253 0	15147 8	1054	MIFEELADGLENIKSGTRISQG KSKLTNAPTTPKVAQFPAERSAG NDSAQDMRVHDLRYRNGLLFTA YDFKGRITPDILRSFRRDVMLS SVFDSPMALANSSSSTTSTAP VANILLPRSKSDVDVSHKFN VGDSLVTGRSGTATGVLSNVA STAVFGSIESL TOGLMADNGEQ IYNTARSIMYAGPDNRKVTW DLTPRSADDLIQIRYEIFNYYSY GVTGNSSYAKEVKAIDEWYK GTLKSAAPDGAKVENTVFEQIT SFLSNVIVSNPTMTVTRNFGYS TSMGREDIFGFCQIQSIRFDK TPNGHFNGLAIAPNLPSTFTLEI TMREILTLNRGNVYIGIE	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	PHA026 13	2,88e -137

Fig. 12NNN

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares			Dominios conservados			
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
274	15427 3	15254 0	1055	MTKKSEMNSRRRVADSAPO KKAESQADACINTLEDIGRRLD DQASDLDISDVETKSENIKSV EDVSAGVELTAEASERTTDAVS KLNDTASLINDKLTKLADLLSKK HDVQDVQKGTGTGTSLETITEQ VPDAPVQOPLLELLERLIPPQD DRRPDADFPNTEEQEERKEP NKETEDKNKKFLGLKFGEIKSV KSGFGKTSLSLDKISSMLFSYTV SALAQIMAKTAAMVLGVIMLIDL KVHFNWTKLFEKNFVEFNKQ AKEWGPLLTAISEMSNEIVKSFV KGDWGGAKAIGSGLVDVIDKL GETIMLGMSKLLAGMLRALGFN DSADNEGAAALDRFQTVTGAE DEEDAMRAKYVDROEREYDE QPEWKRKLSAKFOKFTGQIDD DEYNKLLSGEKKQSAYADLPED ERLKIITARNNAEAEELKRTKAYV EKTDASDSTRDLSAKDAVQSTT TRYKELEKLSPEVAKOLKVELD QLQKLDSKISEPAPTAEAPAT EQPEVKQSASIIKAAADSREAAAR TRESNTQSQPIQVNTAVNKNST YYVRTPTQTSTAAPGMQGMAMK 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	15479 7	15427 0	1056	MNLNVLPPIKKVINEKTSIPKLG LKHNNMKQVKGPDENMNL DSICPGLTAAESDIWLHLAFN NRIKETVWKDDFTYDLNKKVYICQ RLTORIDGKEFKFRAPPRYSKL GSVDLSLSEFLESVDGKPMDFN MKLPFAVTKWADDLVNTIAIDG PEGPIKGMNLNMEIFE	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	pfam11 110	3,47e -53

Fig. 12000

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
276	15591 1	15476 9	1057	MTAQRRLGYPNISIKLYSGYDAW LANRFVELAATFILTMRDRLRG TNEGLQFYDSKNMHTRMINGD ELVQISVANSNTSRQTIRYGIK HFTVGVDKGDSTILQLGLHD IMNLKFSRAFFESSAYETIKEMIG AMYVDQPLIAPINGINAYVRV PWTSTLKDYLRYRVNVGISTDN DQIFAWEDITGINIMDYEMIS ONPNVFMFGAQTIGQFAAGL KYPLAWDFEFLVKSRYNRNP MKNATFYAHSFVKDQVTRING EGQNSVFINRSGGYSQDMIFRNG YEEALRISTMAQYDGYAQTKCY GNFELTPGMKINFVDLKDQFRT DFYVDEVIHEISNNTSITNLNMF 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	15666 6	15590 8	1058	MANIVRCELPDGVQRKPFVE DYRDLILVRNDMNTKSEEEQK QLAELMDYFHDHPAERYPIYF LKVFLSSIGKTKIPVRMKCPKCG KYKQYLFNLNQPPLVNPKEVA GLTLKFKKPIEIDDITGKMILDNII SVKSSSGEYAWNELSDSNKLT VIDAIDVETLEKILSQMKPFNFEL KTSCDDITTLKYDNDVDFKLL HPDEIFTFYQINHRILVSQGYDL NSIMKMLPIERGITLSLIEKDLKS MNITYKFEETRINKNIQCRFTL EEYANLUAKKNGTIDECKALLR ECTNATELNKOESELLIVLWAH SIGEVNHEVTWNCTCGRKIPVP LNYTHAQIDPPEDLWYDLKGFK IKFKYPSLFDSDIPMMISKIDY IVVGNEDQYFNDLNDAEIDDLYS AITTEDVNIKNMILLKPOVLAV PITCECGISHIHVIKGLKEFKIM S	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	15671 8	15734 7	1059	EEYANLUAKKNGTIDECKALLR ECTNATELNKOESELLIVLWAH SIGEVNHEVTWNCTCGRKIPVP LNYTHAQIDPPEDLWYDLKGFK IKFKYPSLFDSDIPMMISKIDY IVVGNEDQYFNDLNDAEIDDLYS AITTEDVNIKNMILLKPOVLAV PITCECGISHIHVIKGLKEFKIM 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 14	plam12 322	5,28e -51

Fig. 12PPP

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
279	15734 4	15775 4	1060	MSNIDKLYSDLDPEMLAWDT DVSKTYGARSVKNSLLGIITRK GSRFPDPAFGCDITNELFENMT PLTGDITKRNIYSAVRNYEPRIN RLSVNPLPLYDDNAIVTVQFSIV DDPDTLIRIQMRNSANSSSR 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	PHA004 15	3.87e -46
280	15779 6	15821 2	1061	MRLEELQDELNDLIIDQTKLOY EAANNFVLYGKWVRKHSTCRK EMLRLDALKKQNLKARLDYYTG RGEVGGVCMQDYVEKSEMKT LSADKELGVDTKLOYWGILF CSDAMDAIKSRGFSIKHIDLKQ FEAGA	138	Proteína UvsY de recombinación, reparación y unión a ADNmc [Fago T4 de Enterobacteria]	NP_049799.2	6e-51 (99/137)		UvsY	pfam11 056	4.75e -42
281	15824 3	15841 0	1062	MSNTVCVCKGPIDEALVQTD KGPVHFGACYNIAELPVTEDT 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	PHA026 10	3.92e -10
282	15871 2	15847 0	1063	MIKFEDYEATIREATIDNFMISKI NACQTLDDGLKELEKYDYDKRSKE TTLADSDIIVRDALAGRROALE ADSEDDDEDF	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	PHA026 09	7.25e -18

Fig. 120QQ

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
283	16021 1	15870 9	1064	VHDIQVFKDFSHVHIECDISF YELRDYFSFADGYRFPKRYR GHWGDRIRLLDYNRLPFLVG QIRKFADQFGYKVFDPFAFEQ ETLSREDFDNWLSTKEIYSGLT KIEPHWYQKDAVYEGLVNRRRI LNLPISAGSLQALLARYVEN YEGKVIIVPTTALVDQIDDFC DYRLFPRNAMLGIRGGTARDS NALVYSTWQTAVKQPKWFS QFGMMNDECHLATGKSITII AGLTNCFKYGLSGSLKDGKA NIMQYVGMFGEIFRPVSTKLM EDGQVELKINTIFLRYPDAAN ALGKTYQEEIKFTNVKRRNR WIANLATKLAARDENAFVMFKH VAHGKELFEMIKAAAGHEHVYV SGEVNITRNALKAMAEKNGKI IVASYGVFSTGISVKNLHHVLA HPVKSIVLQITIGRVLKHKDK SLATVWDIIDLGVKPKSANAK KKYTHLNYCLKHALERIQRVAD EKFNYMKTVNL	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	PHA025 58	0.0
284	16026 9	16106 3	1065	MLDKDYKEIQALDKKEAKDKLD EYAQTFGKIKKTRSFENMIVAD LEKELAKLANEPMEDNDGLSI ADLIQADDEIEGKAVFKDEASD EAKLLFDAPVNVGIKHIDIDPGF YKETPKVNDPGEVKTPTSINDK GFYAEAPIGDSVIHIDDEGOVTN IPYSITDPEEFSKAMDKVVKIKT DEIIELPENFSPNMQLLGKNPG YITLPWWIYQWIKONPDWKSRRP TSFEHPSAHQTLFSLIYIKRNG 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
285	16107 3	16248 2	1066	MAYSVSIAPLAASAVIGATTNFT ATTSGAAAGETETFWTVNGV KOSSVTAMNYVTAGPAGSKT VKVATVTPAEGEVETAEAEIT LTVKNTMPAITLLSPTSVSKEL GOSQVYADVGTGAPSGASIAVY WKRGSVISGQGTGKTLTTEST ETSYLNCCEVTSAPDYNNGTA TKGIAVFTKTMGVSVTLSP TSVKEIGSQSVTVTANWGAPE GASIAVYWKRGTVVIEGQTAKTI TITESAEANYTLNCEATVSAPDY NPVTVSGASVTITKTMGVS VTLTPESITVEOGSDASKADVI GSPGASGTYSWTKDQSPVEG STSLVDITSDIGSQVIGSVVEV SAEDYNSVTITTTGNVTIKRV APTNGELPYIHPFRETAYIW CGWMMDEIORMTVEGKDWK LDDPDSYYLHRYTLAKMLDDY PEVDVCESRNGYVHRTALEAG IIVP	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	16256 1	16278 8	1067	MKAIOA-LMHESGKDFQEIARA LDITPAEAAKLWVSVEKAHERF KQKEKVYTKRRLTNVGIKSRHK KLVKHMRTL	75	Subunidad de ADN primasa-helicasa [Fago KPP95 de Klebsiella]	ABH10667.1	8e-35	Subunidad de ADN primasa- helicasa	DUF2774	pfam11 242	6.15e -16
287	16278 5	16311 1	1068	MMSKVDPVIVVERFEEMLSKKFT PAANGVNWMLFASKFVSKMMA VQSSYYKSGARKITDLINERY GKIDWMLMDKOIPLVLEVGSKS QFEIMLTSGYMYRFVPSGY	108	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
288	16322 6	16348 3	1069	MNLADMANTAINVATELSAA KEEVLTDIEKTALAGKRELIMYP SSLVKK-HITNVLNLYLHDEGFVT NYTSACRNGDITDFMKITF	85	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Fig. 12SSS

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
289	16349 4	16450 1	1070	MFAKYSSLENHYNNKFIKIRG AGFDMHTVEVWVAREKIHGTNF SVITPTENPAKRTGPILEGESF FGHEIMKRYKDSFVKMQMILN TMDLSVQIFGEFAGGQKGV DYGDKDFYVFDILSDSGNEKVY WDDYWFESFATGLGLKLAPLLG RGSFAELSQYVNDFFKSVNYYN ELVDITDLEHANKHVFGQASS ETGVAEGSYVLKPNPKFFNNGT RVAIKCKNSKFSEKAKSDKPIKA KVELTDIDKRVLEIFSEYVTWN RVSNVLSHIGTVTAKDFGRVMG LTMKDINEAAREGHDMFLFADN PSAVKKELTTLIONTIRSKWHEV LE	335	ARN ligasa [Fago RB14 de Enterobacteria]	YP_00285451 0.1	1e-104 (195/336)	ARN ligasa	ARN_lig_RN L2	TIGR02 307	1.30e -77
290	16450 1	16504 9	1071	MRLALIGSREAPRRVLSLTIIG ORLSEGHFSYSGGAPGSDEA WLAKYDRNSCRIIPYSGFCGH VPDTGWWWSLSEAKIKSIK AREVTSYWDECSKIVQTLFARN SMOVLGLECTEPVDKVLVWAP 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	16635 9	16507 9	1072	MAKINELLRESTTTSSNLIGRPN LVALTRATTKLYLDLVATORTK QPVAAALYGIKLYNPNGDLTFNT GATYAGQIGAPERESIEELTMA NKDSFNKDDMFYQNVVFKVL KDSFPTDTAETDEFGIVSEAVA ANIRMLSDAAVTEKFEFGPDSO PITEASKIDKQWQIVKSRKLT DLTVLAQDLEANGFADPELID DLLATEMAEDINKDLOSLTVSS RFKAVAGVSDKGVLDTKQDSA PEQGRTLYRFCEMNSAVQRNT SYSGTYAVASTRCAAVLAASG WLTOKNDGSPENAYGMLNNG LPLYCDTNSPVDYVIVGVKAEF GGKETVGSLSFYAPYTEGLDLD PEHVGAFKVVDPASLPQSVAL LVRYALSVNPTYVGLDEDEARV	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	PHA025 48	1.38e -178

Fig. 12TTT

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.:	Secuencia de aminoácidos	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre[organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				INAAADMDKIMAGRSKMSVLLGV KLPKLIAD								
292	16667 7	16644 1	1073	MDAGIYAPYVALTPLRGSDPK NFQPVVIGFKTRYGGINPFADS AAQQPKGRITSGMPISVNSVGK NAYFRRVVVKGI	78	Precursor gp23 de la subunidad de cabeza mayor [Fago RBS1 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

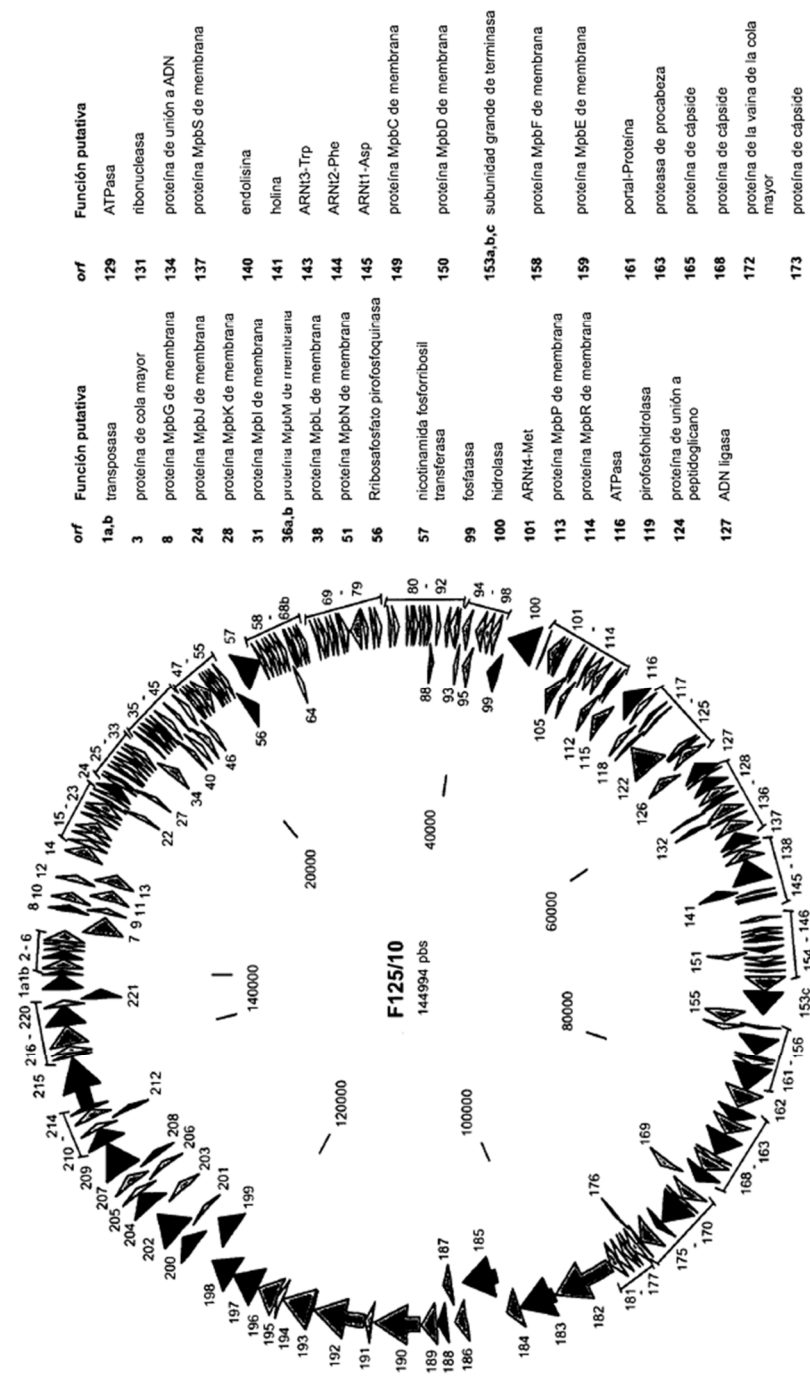


Fig. 13A

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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	FVQIFSLIPILRYKLEEQ GIGLIEETESYTSKTSFIDN EKPIKHNVYKGRVKGRL FKTEGRILNADVNGAFQI MKKVFPDVEIPRDNQFVY NPFLINC	102	Elemento IS Dka2, orfB [Archaeal Virus 2 hipertermofilico]	YP_003773391.1	5e-18 (109/405)	Transposasa	orfB, IS605, transposasa probable	pfam01 385	2.87e- 36
2	475	1107	1076	MAKKNVNDVLOQESVTY ADKYLQVKNRDGYTRT HEGQYAYKVSEGEELFL YPVOTDGGTLNVMKKS PIAYTDGDNHIFVNTVV DPYNSHIFRTEDIKGLDKG KOLQAEAFVEDRFKFG VYNVAVANSKEDVLSVD PTDNDADDEVKDSLEHAHE DVIADFPASPARKDVKGV DSGEGQDTSFSPAPKNV QVTPKEDGADVSAE	210	Proteína hipotética Kgorf95 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024523.1	6e-177 (209/210)		PHA02283, proteína hipotética	PHA02 283	4.55e- 71
3	1121	1642	1077	MVNLAKNLNLYKGNELLN SVEKTEGKSTITENLDAN TDYPKGTGKVSFSNDSGE SEKVDVPPQFKTKAIVISV TLDVDSLDLTVGDTHOLS TTITPSEASKNVVSFESDK SGVASVTSEGLIEAVSAGT ANVTVTEDGSHTDIVAV TVKEPIPEAPADVTEPGE NSADITA	173	Proteína de cola mayor putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024524.1	1e-88 (168/169)	Proteína de cola mayor	Fig. 2, dominio (grupo 2) similar a Ig bacteriana	pfam02 368	2,14e- 04
4	1657	1884	1078	MEKTLKVVNSGVEVGSQ VANNDGATTVSITGLEAG KTYAKGAFKVAFANDSG ESKVDVPEFTTKTPEEP	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 KLMEKEQYIVVKFDSVS VHNLNVQGMNVIQDYL HIYGYRVKEYQENASK DDERDVKGYLEYERAGE	86	ORF174 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240968.1	5e- 42(86/86)		No se han detectado dominios putativos conservados		
6	2243	2998	1080	MGIIVNSNHQSDTLVEYD SFFDIEKVDITEEGLLSIQ DEPTVLAGFIYDDITFNKV INNSDDDDYIKNNDIYV SDIGLLPDTFITVDSDDKY YSLLOQVVELSKDPFVKW VEDDAKGLTKYYNFQDF EDVFDLNSFYKKEVDMV REKCYNNGNVYLLYEVL PDYKLPLAYSLLSNKEHGI VIQSQTRSNNDLTFYVK GMDAKAIAISMFNVEHDY DSNIFHTFVNSHINILGNQI TKFIREKOSSE	251	Proteína hipotética KgORF97 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024525.1	2e-140 (248/251)		PHA02284, proteína hipotética	PHA02 284	5,61e- 42
7	2991	4241	1081	MSNYKTEEVQAVIIGVLF KDEGKIVTSKFNKITKEFG LDRIGKDDLKEIVEDIRQD AYLNELKNKAIGKVTLG DLKDVADNQVFEKNYH EEVSTYVVAKEKELSHLR EQRKHNRHTA YPQIMFDE LKEHMVVKELQGETLVEH HGSKANINDTELIVLLSDF HIGSINSDMTNGKYDFEV LKARLNFHNTTVKEIEDR EISNVTVYVYVFGDLVEHIN	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				MRDVNQAFETETFLAEQI SKGTRLIDILNVLNNVS GELRFGIGGNHDMQGN KNQKIYNDNIAYVVLDSL LLFQEQLLNGVDIINRE DIYTIRDTFGGKSIINHGD GLKGGNHINKFILDHID LLITGVHVFHFSVKQEDFN RMHIVASSPMGYNNYAK ELHLSKTKFSQQLLFVNK ENKDIDIKTVFLD								
8	4255	4623	1082	MDTIFIGVAFITFATFNIV FRLFDLWTTCKKMSVQ QPLSNFEYHYHIVPYLV GVIVTILSIIFRDSLSAQS GFGIITSFYMLVYVIGL VGSFILTIQARKARQYQT QEDNNEVQ	122	Proteína MpbG de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89126.1	5e-62 (119/122)	Proteína MpbG de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
9	4610	4921	1083	MKFNDIYEQLIKNDTVQN IHESQDDKGNITIQFDKG NDKYLNVNDGFLKEMT NGMVDHPEGPYSVSLN KETPSMSVKQYLTVDVI VPTIRKMEKDFL	103	Proteína hipotética Kgorf 100 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024528.1	5e-53 (103/103)		No se han detectado dominios putativos conservados		
10	4985	5521	1084	MDFNFAFDNSSLAMRIS EGVYVYFNDTPYYFIEHVE EEMSEYVIVYDHDHREEK ENPQKKYRIEYPYQRTIPGG TPLSNLIKSMMPQKYPK KVTEDPIFVANVPLGTDI VTGKTGKGFFERDKDRTI YSQKEPTKVHVGQYTG	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.

Tabla II – 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	MSNDVVVFYEKDIKDLIR TKKHMFKDDEITSNDIR IFNEKVICQCKRTDCLVL DRNGTYMGIEIKTERDST ORLNNQLKYSLVCKYV YVMCHDKHVPKVEQILK RYKHHIVGIMSYISFGK PVVGKYKDATPSHRSPY HTMNLWKTNLMTILRLI RDPHTYRTGYSYNASGRY SGGEGNFSQTTQSKRMKK PAINQIHVVGVDNTYKL FTRGVVGYNNRWEVIEE DFENTMKNQVRVINEQRQ 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	MSKDKPNRRKEIQHPVN FAPMNLITGANNSEFAKK PSEPKDATSVIEYRILFIK FDNVTSTDVKLQKYYAL NLISEALDVKETYSLSKQ KGKKTESILHTDRVYVYH RGKKLIGKCSIREQRTFKG KHILIFIKTRHRVKAERKD 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	MLKGFSEHVDKPTTIKTL YKLTSGKVELLGVSYDS DYFPGVTVQSYIEDIGNE DEGLQFVNKINVESMKQ AVVGMNNQLGSSGLGYV RTEQLKKLEETGLMTDI	287	ORF036 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240976.1	1e-159 (283/287)		sepiapterina reductasa	TIGR01500	8,02e-03	

FIG. 14D

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

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
				LARGNLTSTKKVDIVSTF IEPEVTYQDITIAKDIKRL YKLEESPLNGYTHIVYLL TTEKLYDGQTLFGMLSKK DKLSKGDIDKLLAFRRN SLISKVFCVKLLSKDYF NLYNTHETGIFLEDIV TIACGQSYVKVNTKDIKS SYVKIEDKTHKLTENVIL KGDDTLTILF								
14	7940	8671	1088	MARKNLRKNSDIKVV PDKEKESILSKLYHNKLLR SKVDNALDEMSYDIIIE LCKEYDLELSKSAITRYKS KRKEAENGWDLEELIDK RKKTSVKDIKEKETPILEE EQLSPEQSKHHTQTYDD IQVLDMSKCAKGLFVE TLDPALMIRAMETKDKIT GNQLKGMFIGRELQK OTAQDTAMSEVLEFPEE KHEEVLQRLEELQNEFYK NLDLDEESRKLKALDRV 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 DNOGDILVRMSPGRHKFT EVSRLDKESFYKRIHW VLYNSVNSLITFDVYLD EEYSETTKVKYPKDTIVE YTREDQEKDVAMIKELT 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.

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares	Función predicha	Dominios conservados				
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad		Nombre	Acc No	Valor de E
				DENKLNKVKD								
16	9212	9655	1090	MFISLNQEEKELLTKESK YTPLETSRENTPKKEFV TSYNEGKPLDYIAKEAKV SMGLIVTLNYYKVGKR NKKSPVEERIAHLKDKNL VKEIKDYQYMNLDIYS 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	MRNKKSFQEQNLNMRNK EKWVSEEFTEEVAPSEEP EVEEEKLYTLNELKENLL DAQGLKDVVADFPASKD LYEPNKLICTIPKGYQST EVQPGYIGISTGLSESE DFSHLRGQMPRNLVETSH VLKPLVRINNTSIEYQOHE LLEDIKEDKNVYDVELED LRLATGEEISYLEIVDSKF FESRINEVLDFYHELTDS DLLEYNKLRELVGNDR 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	MYHDKAKNEVSTELSNL GKIKEKNVEFVGDTLK KVEDNKA YFMETLPTVLP GRTGDSIDMRYKYKTSRF 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 DELSEERILELSDLLNPIL	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deven- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad (79/80)	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				EGGTAYRAKKRIKSKFGK LEAKNFKRNYKFLKLSIA QIDQRR		Staphylococcus]		(79/80)			putativos conservados	
20	11230	11787	1094	MTEREKLKEIEANRDIQ LQLKEVDNYKDSIRSKGT RNYSTIKVLDSTVGHVSF LILJMRVLEFVYGNVAVY SLAPAVIIMFVLALGTW KYSKMNKINSYRGTIKMY WELSAEQKQAKVFKYP NDEVDIVSKHNLRIQTSE INILHLKYMRYNKAVEQH TKLSKELFKDKETVDKN 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	MVIPSIAQNKFKNELEY YKQGHISEKMLEAFDY IQELEQNNEYVTNLEEE 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 VYTVGFLFFYGASLVIIIL THATIDPVLATFLIGFL VIRTAHRIMARVINDAVA QAIDKENE	83	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
23	12233	12466	1097	MNKGFIIMDKTLPKFSVY EVIVKTVIMTPEGSSDLE SFYFSTRELAERFVEENTV ETKNGKRVSFAVKERKV NOPG	77	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
24	12548	13192	1098	MKVSEEVKQSYLENKAN TKMDKISWSELKASPIGIT	214	Proteína MpbJ de membrana biofísica	ACB89141.1	4e-88	Proteína MpbJ de membrana	No se han detectado dominios		

FIG. 14G

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
				LGDIIFYSVIINDIILTL TLGITDSDIESTLAQIVGV FIITTYGILSALIPILHKAV SPGWSYTEWNESTYIRLP GEENKYYSKWYLDLLG VKEFYKRDGSGEEVKEK NISWAFQAEVKRPEDVNH WKNQLLTNRPLTILEYKK LKKLDKESEIRKQEDLEE YKQYNSN		[Fago A5W de Staphylococcus]		(162/173)				putativos conservados
25	13207	13455	1099	MISSFDSILLVIYIIAFAVA MAIYLVFKGMTLLDKL MMLLSKTTLDVEACSMI MAVISTIVFGIIVLLIWLAV NNILL	82	No se encontró una similitud significativa.						No se han detectado dominios putativos conservados
26	13467	13643	1100	MDFNDFINSESDRVGNPK QKKKYENKLPSSIPEDRE KKLKEIRKKSLEYIDLRKR 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	MTKENVLYKDKYRDYT IVVRLAGNIIVTEVDKKH KTAFTPIFDNGVEGVLEV MRIGSVLSMTDLREFTK 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	MLLGILWFIWGFVSFVL MFGIECKDRWMPGVIGA GALLFLFWIMKSIHNAM 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

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

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MDLIHYKETNKRVLKET IQTIQHLNDEHGLVKMT ATKLSRENIEKRFNNYNIV IAEDDPDSYHYSEAVEE ADFDIPISYLDIHAGVEW DVDNPDVMDLDRNPDIEA 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	MLNEKLKNELETKVYMI NSIASLLSASTGKSSKVFF DEGTIKVSGETKAVEVID NLVPHPSGRLPIKTTERRIA LGRLLDLSLQFVISEIEVVK DQIIDEENEAYIDFVMEDE 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 NDDMSYMLTGTAILNIW AGFYGWFFLLQAGMLLF LLARKVKDDKESILYSS ASLICALGMIINLLSFS	90	Proteína MbpI 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	MSKETIRRFQFSNAIEIMAT TKIEWWNFPSFNTSKEFK IKTKNDTLVFEVREGSR NLGSFVFTNIDFDYDKLE GTSTQYMINYFAKLLTKD 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	MRELKPFNRKQVNVKG YLDVVKYSKRRRHKGNGQ HGCVKITVTIDVKGIPID HVNIEVGISFYKELKELOG KRIQFVGTIVYKVKHAR GRKGRIKGFYKEDYSVTL	116	ORF122 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240993.1	2e-59 (116/116)		No se han detectado dominios putativos conservados			

FIG. 141

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

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MIKRRKHLDSLOPEKG WRTVPNGYVEAHTGLI RNKVTKKLIGTQTRKNH PKWTAHEIVYLINPKKTS YSRGVIAHTFPEMISQSR GDLKNGHVCFKDGDRSN CHVDNMFVIGKGNVNKNI YKLDNSYLTRKDIEDVN NLVNERLFSQLELLIKNE PERITPSNHFIKRDNNVFSI TDLKNSLVEFELEIKNIK	200	ORF065 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240994.1	2e-113 (200/200)			No se han detectado dominios putativos conservados		
35	16537	16716	1109	MNEWALCYDVKVGKK KIPROKAHRDVSVELEDL 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 GIHDIVSVILVIALTIFLGKV YLKEYKKVKMDLKESSL YDDYDLSLRNSCRYTN	91	Proteína MpbM de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89152.1	1e-35 (81/87)	Proteína MpbM de membrana		No se han detectado dominios putativos conservados		
36b	17223	17291	1111	MRLNFEVYAVKDLIEQV KGGN	22			2e-12 (22/22)			No se han detectado dominios putativos conservados		
37	17293	17586	1112	MKQRDFEEDFVLTVEC EDCKHFEDWGHDEEPEC SECGSLLNNTSHEDTEC DMCRGYIDMWQDGYRY MGDNKEYIEKEESGLICE DCYEKLDI	97	gp ORF160 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89153.1	2e-48 (97/97)			No se han detectado dominios putativos conservados		

FIG. 14J

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MNKAVEQASNALGQGS AMVWVHQVLGAGLILLG LVLSLLVWLVKKFHVPE NHPTAFVYSIMLVSVAS FIWGGJHVINPEYYAILEL KGFIK	95	Proteína MspL de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89154.1	2e-45 (94/95)	Proteína MspL 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	MNSRQKILTLTVSNFLIL ALDTVALIRYKKGIKQE NYNTGQTRMIATTANSL GILYLEEQRKEVKDIK 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 VDNDVVVLKDNQINEDN LEQFSMSNNLVIGILGHS SLSVRIYERKIQEFDRVE EYLEELRQ	101	No se encontró una similitud significativa.						No se han detectado dominios putativos conservados	
42	18656	19057	1117	MIFILFGLLFLSLGLHYF IVLRKKKQIIEERESFGY NRTKEKLGDVTRLGYEED VYKLHNQSNKTHIEDKKS KVVDTIKKMYELELTSD VSKVEGLSPIDTEPMTNM KLSYKLDREGLYSLSKFI	133	No se encontró una similitud significativa.						No se han detectado dominios putativos conservados	
43	19068	19304	1118	MEFIDKNNVIKAYDIPNV YLGYYVLQACDKNGDIT AYDGYDQIHYYKEGRVLT	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 F12510 y asignación de funciones putativas.

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Ace No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Ace No	Valor de E
				PFDKPLRKINVLSGYYKLF KKEDII								
44	19301	19828	1119	MIYFVSDLHFGHDNIREFE APTRSHWNSVEEMNEGLI ELWNNTITNDIVYNGD FFFNMKPSKVEDILNRLN YKEMILAGNHDHKKLIK LYERNGITV KYADMIKKD GKRFLSHYPTLIGRKNM FNIHGHISQLMGTEYHIN VGVDYEGKIAYSFDDISR AGEYNGEIQR	175	Proteína de fago [Staphylococcus aureus suesp. Aureus TW20]	CB149957.1	2e-66 (124/165)		MPP_AQ15 75. Aquifex aeolicus AQ1575 y proteínas similares, dominio de metalofos- fatasa	cd0739 0	2.83e- 37
45	19809	20129	1120	MEKFKGKDLKTRIRKQT IKNLV/KTEKLNKHGKY RPIGHVYYPKTKFTLS KPEQKIFIEYMKELGFNV KHRRKKTLLIYKNAFTE YISMYHEAIEQIEGGT	106	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
46	20129	20359	1121	MEYLFIFIGMIWGFAP YLAFFVYYKHVRENHG FSDEESLEEA TVLGMGFM FIAPIPGILVVEIKILFF	76	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
47	20412	20618	1122	MKHFILIGHVILVIALGIVI LVIALGIVLPWILQLVLS AFGVKYSIWVCIGFILISA 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	MAKYESNNGENYIATPS QALREALAKLITEEKSAE YQTKGGQEYSQLQRHF 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				RPQIFPKDNKEEN								
49	20899	21216	1124	MKAESIAFFNDKVLQIE GYKVRFPQASSSYILDIT VDESVLFLDAQVSTLSGK HLLDTAITIERPETLSAKE LYTEISNKLQAVGDTQKT TIELSRFKKEK	105	ORF137 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241004.1	2e-51 (102/105)		No se han detectado dominios putativos conservados		
50	21217	21897	1125	VSNKTITNHLNLKGINIE TYSIARIKKQTSWGDKG DSEISISYKADKDPRTVR YITTEITIDYSSNNPKELL QLKDKIFSIVEEQVETDND FIESIKINSTKALEKLKPY INNEYYSMFKSSIEKEIPV ALSSEVLNRCCTGKTSLA YLALEKDLPLVVSNEPMR KMLKNKFPHLRVSSAEDY SNYDIKGEIVLIDEVDIDQ LYSADKVSVDALLVGIK 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	MPIIVILIGLILFSSGYKL VLGKYVDVLDLILFTIF GVGIALLLGGFIL	52	Proteína MpbN de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89160.1	3e-17 (51/52)	Proteína MpbN de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
52	22149	22373	1127	MNYEEVLRITIKENPKCV RFTGNILAVNEEFNADTD KGVLLQLDVSNINKEGYIR 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MIIDKLVGVKLEIGGHVV SFSVSKFKTINGERQLLDY HHIKRQKQYFRITTEEFY NEYKEIKDPKNEIDEMFES 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 VTVPDRDVQQLREDKLE 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 DILSLQLGLKEWSRREL YSDDVGSADVVICTDIV RDDFVKLSKNNNALFV FISSFYWIGYKGGEFFAV QDYVKGM	98	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
62	26968	27279	1137	MKKLLJLFTLASTLLAGC TPDNHEGKVLGTGEYREP TTYIKSGSVTPVIGEMK YYVDLETDKGEDRVYLN REVYHKFDKGDDFSNVG KKVYKNDLIYKGD	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	MKQFIHDKKDSYNSNTRN FDIQYKGIPLQIDRGYK QARARRFTINNTQNIWIP MTYLLKPNGTLKNNIDIW ILVKEKCSLKKAGLVKIK	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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	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
				ITGDLV								
64	27584	27823	1139	MYLERTIRGAGQTEDIL PYFSSKEIVNFKLME FLKEETNYWVKNGNYTI IIRAKILYIEEHQKLKEW ENDL	79	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
65	27813	27968	1140	MTYDYVVLKRGEPDQ GSMHCLDVYWERVHG YSNKGVELLPMGYEQE	51	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
66	27972	28166	1141	MINIEHDYTIRTVNRRKY TYYSKHESPTLYKNIIGK DCIEVTKYGGDKKVIAT KYVSIERW	64	gp ORF179 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89172.1	5e-23 (55/64)		No se han detectado dominios putativos conservados		
67	28184	28537	1142	MNARKARKNTKNYKDSN VVTKEHLYTYNKLNYL IANNSSQKTYVVMNLR DYPDEFSLSKLYLKEIKQ HYKDLVNVKTQVRKAQ WSEKSIIRYYNGLYIDSV LVPIHISW	117	Proteína hipotética KgORF115 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024543.1	3e-58 (110/117)		No se han detectado dominios putativos conservados		
68a	28556	28744	1143	MEFKKKLSNVEKQIRQN RNKEDKERKEHQDKLDT DMYKTYELDKIVEEHLRK LNTISLEEL	62	Proteína hipotética KgORF116 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024544.1	8e-24 (58/62)		No se han detectado dominios putativos conservados		
68b	28754	28942	1144	VCLGIRLVYYYSIGKDW NKQVYSLNELEYMKKKF KKLGFEITQITNEDIGFQPY IYLRLLWDA	62			7e-29 (61/62)				

FIG. 14Q

Tabla 14 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

orf	Posición de inicio	Posición de terminación	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	MNLTEDKLEDLLKKVRS GEIEPEYSQVNDHPNGK TTCGVTFKFDIDITPK	53	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
70	29883	30188	1146	MHLFTQDYDKTLMKVIL GDINTMRPNWKYSVNHP EKEEDVHQAYEGEDIFD DIEELSDSTQDIVIGVIED DCISESPYDFNGRLRLVTK HIKEHIEKFL	101	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
71	30200	30499	1147	MIDIVLGEGYNKEYLSKA LRLINDHAPRELSYDFNN VEADVNIHTMLYVKPEDR YVYKDISYDFPGDLICTVE DDAIVVHQGKQVSGISLR HIEELI	99	gp ORF182 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89175.1	5e-47 (91/98)		No se han detectado dominios putativos conservados		
72	30596	30889	1148	MIEIYLSENYDKDLLKAE LKWIKETASRELTVDVNR NPNLDVHVSFPRYTKDEV KEISLHPQFEDDVCVFHAE TWIHEYHKGKSGVDSME EYVKEM	97	gp ORF185 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89178.1	5e-39 (80/97)		No se han detectado dominios putativos conservados		
73	30892	31149	1149	MEKVYTYTVYHKGSMKTI KDKLDRSSLIVFLYDTWY KDISNVFPNHNKKEGNS SDDIDDKLIEAVNEEGILL 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	MVTLTYTHHKESDRVIAS GLDELEVINLVQRMVNTN LVTDISLDDYIRRPSPGDIID VLNLLVDIRRQGVDFENH	79	gp ORF187 [Fago ASW 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	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MIVVYTDVSKDYLDKDEFL PWLNERDRYLEDYKDELP EDIDSSYIVSVYCKDME GLLERKDIVIGSYNEPVA LLGVPEFFGNGYNYFYR GESISKHDLGEIVRLKAW QRMGCD	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	MKHNINNIEMFSKYIYE NKVYSKTKNELKKDKN NFYRMTDDINKARKVKID TLLOYNLKDYNSINLPN EKWKRIENINNIENYSVS NYGRKRHGNYMIEKLV KPHNHKQGYKIVKINYKH HSIHLVYVEYFGNDFNQD YHIHHIDGNKQNNHINL QCISPTEHNNLHHKDETIN NFKRGKSLTDNERKNYK LYTEKGFTQEELSNNYV 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 YRCAEPLYEYSLNHTRT HTALIVSIKGNVDTVQMF RKTPTNSMRGQSQPASML 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 detección	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	MTNKNLYEETHVQGG DITAFIPNDTNGNPRVYV HFMDLNKLADYDNINKL 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 KLSNGLITLKGYSSEFKC WYNLTSTIGNFKPKLSE LYNEYKLYCNVELKTK	90	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
80	34550	34708	1156	MLKFKWKNKTIKSTQKT DNILLIGGLVATITPKLV NWFLLQDNINIFLR	52	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
81	34875	35255	1157	MFKLQNKVEIIVPKEDNN GVEIADKRIKEYVNSITME AGGCTTEIKGQWYSEDE KRIMEDNNLNLEWYIIPD RAKFMVVELKGIVRLIE VYQGAEISIKVNGTLIVD QSDIEELHTLLNIMK	126	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
82	35747	35968	1158	MNRLEIVKDDTAMEYILM MDNSVMDGVMQTEYN EAVSFEKVVDYTLSEANK ECKFLGGKVLTLVHEAI EEYA	73	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
83	36049	36186	1159	MRYEIVTLVNQELFMVAT FNKQEAIAKYSEWCELY GQENVSMEN	45	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14T

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares	Función predicha	Dominios conservados				
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad		Nombre	Acc No	Valor de E
84	36215	36493	1160	MIILNNTYKKEMIQMKLL NQENQVISIATLESVKQA LIWEYDHIDYNIWNNE DTEAVVKISGILQSIKFA DTMEDLQEYIGDIGWKLI	92	gp ORF194 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89187.1	3e-24 (56/78)		No se han detectado dominios putativos conservados		
85	36584	36823	1161	MKKNVKAISTIEWLELTQ GHGEFDGDEEDMDFRK LDDEDIKWYFENWYFTEE KQEQLDEIGQEEFEAEYS DDIKEYNN	79	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
86	36898	37158	1162	MTKFKLIDKNSFYVNDNY NNETYLTQSIVLSGEAGR LLDDMIEDCEDEHDKDN YKLLDTNNIIDDIDYILECA NVYIYPYNKTEFKY	86	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
87	37176	37349	1163	MNTRANKALNEAVRL DKQIEDTQKTMQELNKQL EQQIKAKQELMTLVDM TGDDE	57	gp ORF002 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB88993.1	2e-19 (50/57)		No se han detectado dominios putativos conservados		
88	37349	37618	1164	MNIKEAHKVVRSAKSKLL QEHEHTNHIEDYIIIEELH RRTOGSGTIQMNNTASY SNGSYGSLLELREAYDLS 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 NLFLVHDCGVSOAKJEEQ NQKVYTLKAIVENMKAY EEIRVEPKSEEQFFKELEE ELEEEEKILKGI	83	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14U

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MNYRDEITDCISGGYNNVH ISVTEKRVHIISEMTSASYP KKEINLDELQAYVYMN 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	MELVTNIVAVLVGMAYIY FYVTKFSTGLSGILVLCM AIGLYFYLDYLVNRENT RLVSVFMFGAFLFSIEMIYN 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 EYLESIKIKEVEIYIYHLK TGKLVFKGEYIEVKELLR KMYKENLTLVDVDTMLSI GKGFIDVIKNIENAVFQI 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 NLRFDFVFKWENDADLM HLYMFTKYLEQLGKDKA EFLEIAYLPYSRMDRVEE GHNNMFSCLKYITEFINNL NYKSVVWVEPHSPVTEEL LTNSVAIDVTILKLLNQYIE MSEEPVTIVLPDKGAYDR YLFDFVERILMESNIESYSI VYGEKKRDFETGKIKGIKI IKDKNTLYDNCILDDLTS YGGTFVGCKKALDKLV SSVSLILTHAERAFEGAL LSSGFKDIIVTDSMFPKNN WEKAIKAKHRRARINGTELQ	302	Ribosafato pirofosfoquinasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024538.1	2e-172 (299/302)	Ribosafato pirofosfoqui- nasa	RibP_PPkin, ribosafato pirofosfo- quinasa	TIGR01 251	8,54e- 17

Figura 14N

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
57	24202	25671	1132	IKDIERYL MLNPTLMCDFYKLSHRE QYPEGTEIVYSTLVPRSNK YYEHSNIVVFGIQSLVK KYFIDMFNKEFFNRPRKEE VINEYKRTVKFTLGOENP DAKHLEQLHDLGYLPIDV RALKEGTVVHPNTPVMTI ENTHSDFFWLTNYLETIIS TQTWQAMTSATLAYDMR KMLDKYAMETVGNIEAV DFQGHDFSMRGMSSLETA QLSSAGHAISFKGSDTPV VDFLESYYNADVEKEMV VASIPATEHSVMCANGNY ETMDEYETYKRMLEIYP TGHSIVSDTWDFWGNMT KTLPLRKDIIMERDGVVI RPDSGDPVKICGDPDADT EYERKGAVEVLWDTFGG TETEGYKVLDEHVGLIY GDSINYERAQQICEGLKE KGFASINVVLGVGSFSYQ FNTRDTHGFAIKATYAKI KNEELIYKNPKTDSGKR SHKGRVAVYKDGSWEDN LTLHQWLKQNVNQLER VFEDGKLYRDQSLSEIREII KNN	489	Nicotinamida 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 SDFKVGHKYNTIKILWFEK	81	ORF178 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241013.1	5e-35 (70/81)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 140

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares	Función predicha	Dominios conservados	Valor de E		
Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Nombre	Acc No	Valor de E						
90	38522	38259	1166	MKLYQVEHDNCEPYEDN YSYREDKVYTNKENLIK IKAEGYEEKISGYLDGY TYYYKDNIEDVPLFREDM ITITHELEVINNTSEEE	87	gp ORF004 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB88995.1	5e-19 (5283)	PRK14902, ARNr 16s metiltransfe- rasa B	PRK14 902	6,40e- 03
91	38955	38524	1167	MENYKNFIIEEMNKAHIL VTKAEQIKGDRKLAETEL EEVYRKAFAFDEIVNELL YQLQNLESWDTLQKDC QTLKQILEENKEEKQME RFKVKRIITTEEVYIDAE TEEDAWYSVEYEDEGTD TAHFAEYGEWSYEREDN	143	ORF103 [Fago A5W de Staphylococcus]	YP_241047.1	1e-67 (129/142)	No se han detectado dominios putativos conservados		
92	39149	38958	1168	MIESISWTYLTITFLLWSA GTLVYNYLVYRRLTNKER KEMSEKHRRNREEIKQRI 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 QIYENYSDETDRVETIY NKAEAWDKLCCEMLKDK DMSDGHFEEMFKLFSRT GKSFTIDKEESQ	82	No se encontró una similitud significativa.			No se han detectado dominios putativos conservados		
94	39876	39394	1170	MNKTFFKFLGKNTLEYSK QGLGFLVALPMLIFSFL AFIPIPAVITYALHALNID NDFIQLVPVMWFIILYGI VRTDEHKKPFVKLKLKD YLLSILYLTITTAISVLESY LLFQLLPFTGDVRAVITLL SFIVEVAVNRGICKIAIKSY	160	ORF087 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241049.1	5e-81 (153/159)	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14V

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Protéínas 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	MNIKYIDLVLNCDVVRL ESKDVSRFHISGITEGIDY YGTYSKTSNISRTTRHCTYF GILIDKPMIIPQVGFAYPD NTNAYEMITAYSDITADII YENDANEYIYVDFNEYNID 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	MDKINLNKKHGDGTVVNI SNNIMLKIQCTDLRKECD DSEAPTTYTHFKAYIVYNI FIVVNDKQKKKKVYDY YNDHVGGRGVKDLLKVK DVIFQLSTQLNTNEIKISG ADERRYKIYKFIKDIRF EDNMYYSKSNWIINNFSL LQKFQWNTVVTKDGYN 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 NFYPIKFKHQGRITNNSE QAFMWKARKARYENDFQIA GEILNAKNPNHAKSLGRK VRNFEEQWNVKRYDIM VEVVKDKFMTTHLKQRI DIDVRKDFVEASPYDKIW GVGLKANDPKILEQSNW KGQNLGKVMEDVRVHC 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	TIGR02 464	2,28e- 60
98	41767	41369	1174	MKKKYFKGLKLNDFEKE VFGLKKNKKYKKMKKKL	132	Proteína hipotética KgORF5	YP_024436.1	8e-69		No se han detectado dominios		

Figura 14W

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

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				GRNEPKYWNVDMSFFIQL YADLNAFVSSNHVDME YHFTVDVDCGKERTQIDMI KHILSLIKYYHKEMDDFD MDKYDELEQVQSKILDNF KIVLPSLWN		[Fago K de Staphylococcus]		(130/132)		putativos conservados		
99	42471	41764	1175	MAIVVVPDIHGEYQKLLTI MDKINNERKPEETIVFLG DYVDRGKRSKDVVNYIF DLMNDNDNVVTLGNHD DEFYNIMENVDRLSYDIE WLSRYCIETLNSYGVSTV TLKYSSVEENLRNNYDFI KSELKKLKESDDYRKFKI LMVNCRKYYKEDKYIFSH SGGVSWKPVVEEQIDQLI WSRDFQPRKDGFTYVCG HTPTDSGEVEINGDILMC DVGAVFRNIDPFIKLEVK K	235	Proteína de fosfatasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024437.1	5e-134 (234/235)	Fosfatasa	Familia MPP_PPP, proteínas de fosfatasa de la superfamilia de metalofofosfa- tasa, dominio de metalofofosfa- tasa	cd0014 4	6,21e- 23
100	44413	42563	1176	MTKKLKYDYENNLKS SENIEDSIGQIVNIENLPDT TYEAGHFICWIDNGEESI KVDIPKFVTLTSSQDKLII VTYNEVEPMNIKAENIIGL QDVIDTQFNHKEEFMA EINKLIADNKPQPSSTTI SPLDKKKVFIFIGDSITEVN ARTTKNYHQFIADRTGLI NVNKGTSGTGYQDRKNV AYTTIDKPDLCVMLGTN DYGLVGGKTKPLGTAK HSYTTVAGSIYTYQQLS KVEPTVPVIVLTPTPRIEN	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	cd0183 4	2,31e- 08

Figura 14X

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				PFKEVENGQGYTLGQLVD VIKEIAKQFSPVLDLYRE SNIRVWNNVNTFFAW KEGMEDGLHPNAKGHEFI SYTIQSFLSKGTVGAIAS PPSIDTSVKDLGNGGVYSK LIRPTGMRWKKDTSFVM NMSTDDIDLANKILNVS YNGKSLNPEGYTSNSPY WYTLPAYEDGNKYNRISE VQNFLNAFITIDDNAQGL EFMRDYIKVIYVDKTKTN IVGEYTVQGYKDDTASTP PTGDTSGTTPVSNNGDGY TATFTPTAIYWKEQSFMI NIDKTKLDLTGKSVTKLE YNGKTLVNNTSLASNSPY WLTVPATEGTTNRTPE VKDFVSVLTLESTGTDGR KKYKNVEIKLTYK								
101	45043	44972	1177	GGACUCUUAGCUUAAAG GUAAAGCCAAACCGCUA UAAACGGUUUGACUGUA GGUUCGAGUCCUGCAGA GUCCA					ARNt 4-Met			
102	45871	45323	1178	MEKIYLEEEIEEMDYDL WEEDTVYTTSYEVLYGT DSLEDAEYIRDNYGTSNPI FINEYPYLTKELIEEQRY FRYNSYLELKRNGYFEIS EINELHVTEDFSINKDDKN FDSFESINMFSHNRNSIGIE FIMFSEYNDKEDIIEKEKN SFLMKLYLLKHSREADI	182	Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024439.1	4e-88 (162/169)		PHA02241, proteína hipotética	PHA02 241	1,20e- 23

Figura 14Y

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de detec- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MKNINFLVDYNINFSYSE DSLNVNMNSYLVDKHGT QDYEVNGNYEHITGVFSY 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	MRDKRIHSELYDIIGKHI QEEENITPYIEAIYVDM NIIVVEYTFYENGTRML 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	MNLEKSFLSTIEFGSTYQ GTSDEHSDKDYMSLVVQ PLSDTIFRNNEKASKHTEV SRYYAVERFISLVKSGFD NVLNLCAQLEQAKNTRF NKTVLDLFYDDIFLTYV RANFKPIAYSVIGNINIL KKGELTGKDLVKFYTFYN HLEYNDLLDDLDNLNV SYKDFAKVKYMPKEVLD NKRNSVSIKKKDLVNVK EPLIQEVKDKLYNESNIK HYKDAMELVKSLDKDT VAFLETVYNER	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 HFYKQDEVDTEDI	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 NSITPSOKNFIRENLELTN LEDTDIDFSSKKAKEIEK IIRIKNEEYDMAMDALA	82	gp ORF020 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89011.1	6e-40 (80/82)			No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 14Z

Tabla 11 – Características de los productos del gen figo F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de detec- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MFKAPOYIMEKVEKEN NILGEDSLDIYKGVKLT VKRHPETGHLNGYITLPS DNEKEYDSLERRAHRGIT YDDYDEGKRVLGFDCA 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	MEKVNHEFLAELAKNSP VLNSKPLQDGDYNIIFY 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	MANEKEIHRMVNYLIDNM SMWHINYARAVLIPSEVE KIKEHEKFDLLKKRGE WLVKGSDDTDNIDDLTYN QIMNNQKDEMIMQIEDIY TQCKTITIDNEHYSSDDLN EVLNKLQSEDIKISNYK SLYVGYTNVVGVEVYA SSYEETFKNDLEKDL	160	Proteína hipotética KgORF11 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024442.1	2e-85 (159/160)		PHA02243, proteína hipotética	PHA02 243	2,31e- 36	
111	49211	48669	1187	MDRIQKHNLTDQLRLGD KVEVYDAHKFKENEDGTI ELGDKITEGIVVDYKGDF TGNTSGLVTLDSSEKELII GEYNFKLIEGNLQAVYD SVSKNKVESLSESDYDMYR KLLGVKSGELAGIEDELE YLVQRQYNSKVDNYNGLL TLSKFKARELSLLTGKKK	180	Proteína hipotética KgORF12 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024443.1	1e-94 (177/180)			No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14AA

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Protinas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TIPHMKNRRLELGKADF								
112	49744	49211	1188	MVYDSISRTMAVSILNK WIAELITDVLDKCKFTE EEYGVVTSINKIQDVLI EKNYEVDGELYDIVCTE LINPIKNNTEEEKHNEKND LLEHLEDLAFRHIDILGY VSDGSYNLTVTHWLMQD EFTDVNIKVNDEDFYTV TIPESKYFWLPITKENLEM FLTQDPINKGEVK	177	Proteína hipotética KgORF 13 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024444.1	4e-97 (177/177)		No se han detectado dominios putativos conservados		
113	49911	49747	1189	MKNPIKLISIAVVITLTFSL TYVILKKEETNNKRGVAP FDFSLSDHHLNKEIK	54	Proteína MpbR de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89017.1	2e-22 (54/54)	Proteína MpbR de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
114	50192	49914	1190	MANNIWAUVLSIIHLLIILLI LWFLFRKKVNGNSKNV EIQKAEENNDNKEQEVEE AQYRELNEEEKENENSS KDYKYDKEKVKNKLKEL E	92	Proteína MpbR de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89018.1	2e-41 (92/92)	Proteína MpbR de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
115	51037	50192	1191	MGRRLIDNSELNVKIKYDG LPDFFSALKKNRVSGRDN SSDTGSYDFTGTHSFQEA YNLMVKGDRESYDMVV KLKMTDALFRMDKSVK RKPVAPEGYQHPVPAI KGLPNSMMSQORVKA EK KVIDVFYNSSISWREDPEN LAYRGAIMLSAIQTLETK GYSINLYLGKLSNSGYED	281	Proteína hipotética KgORF 14 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024445.1	8e-161 (280/281)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14BB

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KLTGFVNNIKHSYQRLNV FKSSFYLVNPSFLRRISFR VLEVEFDMVDLTNHHGYG SVVSKSSYGNKLTTEHILD NAVIFDSSVGDIDNNDSE NLRAVKKLFGGRL								
116	52167	51049	1192	MAKQDTIERLERLVEQQ METTADLAKKLGKNSN PYEQAINDAIVEKAGTESR EIIITDVKKQIEEYVEEQLS NLPVKIELQQEGKTIKDIS GIFHYRYQDILKLVNQNP VFLKGGAGSGKNHVLEQ VAEALDLDFYSNAITQEF KLTGFIDANGKFHETQFY KFTKGGGLFELDMDASI PEVLLIINSAIANKYDFPI GRVTAHEDFRVVSAGNT MGTDADHIVVGRQQLDG ATLDRFAQVEFDYDTKVE HQLSSNEDLVNFVQQLRH ENDEKGLPYVFSMRIIN GSKLDGVMEDEFVVEIIF KSVPKDEINQFISSLPEGN RYTEATRKLGLGMQQEPK QEPRKSDSTSKDSMDFDIT MDKLGLE	372	ATPasa putativa hipotética [Fago K de Staphylococcus]	YP_024446.1	9e-110 (194/194)	ATPasa.	PHA02244, proteína similar a ATPasa	PHA02 244	1.23e- 175
117	52645	52319	1193	VSKRTDNFIYCKYYFSE YPLSLGVEVLNHNETHSG TMGVKYYIANILYEQQ ELTVTIDLEEFNATSMH NMLEIMNNHTYNCMFMY DMDTHETKDIDDEKFLM	108	ORF134 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241072.1	6e-56 (106/108)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14CC

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	MNAKEFMKTAQVEDYL DKLKVTHIEDALSVSKEWS NDSNDLGYALSSGESIGL LENYNQVDAHLPEHYK GSKDVISFLEEHSYDGFV DSMIENIVKYITTRLGRKD AVDKEVQKIKTYVRLER 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 TGKPEGQMLKLEEGAGEL ASGIKSNHDVTRDSYGD IFVVLTVLCLQDIDIECI DMAYDEIKDRKKGKLVNGV 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	MEKFQEDYYNIDIRVKAY VRVGRYEEDITNNLHEL VEDNLNVTSDSDSLIKDT 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	MVKPVTILEPEDVKVLLD YLSFLEDDMRNVEGMRE 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 KVNGGCIYIGEDVFLKK KKNINILGSKELFRDIHN IFSFDTATEIHLFLALCGN KEVTNFTGNPYETIEKLVE GVIEENKGRSYKEYIASSR EERKEFFLYGSKRITQKS	683	Proteína hipotética KgORF18 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024449.1	0.0 (591/683)		No se han detectado dominios putativos conservados			

Figura 14DD

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados					
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E			
				KGYVEEKIKELNETRLR WYESRQLDEYKEVVDLSL NNDIMDILYQGGYGLIKS SITSLRNEDTEKGSSKYK EISDSLYSSTWYMHPSIE NSSSGLKVRHIRDKYNM GNRWVLENKSSFDVKTG EVKVFLLDLSLVNKEITLNL YKDDISKSEYKNELNLAV LLNVILKNYSTPNLSKNVI IKIIEETLRNDGFLSSWC LDEVDYVGRVNYGGNKY KPLKGENSTSNYLTILTDI VKNIDKINNLEEFELFERN SLLFHIPKPNKWKIHEAFN LTKQTYKKLLTLNNFEQS NYLRFSDTLNYYNHLH NEVNLHQLFDDTFLMVQ DVRNVTDALKVKPIVNEI LSISFANYKKMTHYLDVD AODRQRTGYALDSYYLD YLHDLILIREGYRTLESV NLTPFSLKLEHDIIVTDEKQ SIQQQLDDAELKSKYENK LEKIIDKTYKLDGRKVK FLPADTVSKLKNEGKMILS HCVGGYANRIKNSCLILL ARLEEDLNSWFTVEIRIT DNGYVLGQQQSIDAYKLP NELKEALEKDIKKINKEEF KEVA											
123	56273	56010	1199	MSIEKKEEVVAHNEVVF SLTQGLYVKEVDIYSDVIS YTKDIDEALAMPNTINFK NSRKYEKLIRNLDLKLPLN	87	gp ORF038 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89029.1	Se-39 (79/87)				No se han detectado dominios putativos conservados			

Figura 14EE

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.														
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados				
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E		
				KIQKVIVETHLEEL										
124	56465	56292	1200	LNDLIKEGNKYHKVRA GETLWTISKNYGVDIKKL QELNNIKSVTLTSLEYVLV CVE	57	gp ORF039 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89030.1	1e-21 (52/57)	Proteína de unión a peptidoglicano	LysM	pfam01 476	8,09e- 07		
125	57050	56472	1201	MDNLSHYLSILYAILVTV GYIPGLIALVKSDSVKGV SYFWYLVIVATVGISFYLL ITDATMFQVSVGVNLT GIVCLLVASYRKKDYFSIP FIIFSVLLFLLSDFLTALQ TIATITILAYVTQITTFYK TKSAEGTNRFLIIGLGL ASLILSMVLSHTYVHHIAT EFVNEVLILICYLQANYYS RR	192	gp ORF040 [Fago A5W de Staphylococcus]	ACB89031.1	5e-92 (177/192)		PHA02246, proteína lipotética	PHA02 246	2,51e- 33		
126	57636	57043	1202	MVNYTKDKVCYMGHGL LNQAMVEYRTKQHEQVE GIVGVTPYSPHQDKSIND KANAEQTGLAERILNDF KAMQESDIFVDILNEGL GTIAELGILLGMKHAQK IIDKYEDIDFRDLEPLTQY DILEAYINIVNKPVIYCS IROGHGKGYYDDPDRAEFS TNQFIYGCVLSTNTEGFI SWEEVLKRLEKLGQDQG	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 TTENGELVCFSRKKKLINE NETLNGEYNNVWHENMTD	297	ADN ligasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024452.1	8e-134 (237/298)	ADN ligasa	ARN lig RNL2, ARN ligasa, familia Rnl2	TIGR02 307	1,21e- 07		

Figura 14FF

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 EHDDYFKLVSKFEKFSR KKMKSEVRSNDSVADYAI TKSRMEKMIIFRAIEENRLS KDDLELENFGLIMKQVGQ NFVDDIMEEKEENMMKII EKQIKKKMPHILRGILEEK GDTIDG								
128	58750	58526	1204	MNYLAKVFNNNWLVKLI TIVLLTLLGGLVYVISAV ALFLSTVLNLPGLVLAF LASVSLILFSIVHNSKEDN	74	No se encontró una similitud significativa.				No se han detectado dominios putativos conservados		
129	59558	58818	1205	MAIQLKELDFKLKDYPNV RYNMGHLLVFNEFLEKAT TEQLDFCEDFNDNVEIL WNEQAGTGKTMCSVAC AYADYLNKDRKLVFIISP VSEDLGSRPGNOTEKEMA YFMGLHDALIELNNPEQ QITEMLMMEDNVKEDKL GDCWVSQISHLFLRGGNL RDSTIINEAQNFKRSELK KVLTRVHTKNSTVIVEGN EKQIDLKNESKSGFGDYM EYFKKYDGA VFHNFNTVNF RSKLAQYADNFKW	246	Proteína relacionada a PhoH putativo [Fago K de Staphylococcus]	YP_024453.1	4e-142 (242/246)	ATPasa	Proteína similar a PhoH	pfam02 562	3.99e- 21

Figura 14GG

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MKKINSVKGEGKKVQTT DVRKISYYVKDYNPCMT VDDANDYNSTQYLVSD NGKFIKYNKDMNAVGF YEESGDTVKHLTHTPER LEGTFTIEETKIDLNDT LPQGDILKFSDSIYLPDN ESVLDVNYLADNDWDS VDDIYTGLSKGENSECIV DFNYYNYDIGYDDVEDEE VCDNYPECECSNYCSSTG EYIGN	204	Proteína hipotética KgORF23 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024454.1	3e-111 (200/204)		PHA02248, proteína hipotética	PHA02 248	2.68e- 96
131	60665	60240	1207	MQDSVNIYTDGSSSYNKG KVGSGAVLVSKENIAEI SKSVDPKPLIKYNNVAGE ILACCYGFIEAIKLGYNQA IVYIDYIGLIHWYEGTWSA RNILSKTYINMIREYQKVI DINFVKVKSNSDKWND YADNLAKKSIDI	141	Ribonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024455.1	1e-73 (140/141)	Ribonucleasa	RNasa_HL bacteria_HB D	cd0927 7	8.50e- 30
132	60846	60655	1208	MKKGVFTVIADGKFNVI AKDKKEVQEHCKCFDF 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	MENNILVNFLMTTDDID DTIEMVDSFELQDINKVL GEDTFLTIMEITDSLPNQ YKIVLLSSLDKLLNTDRK ELVEYDEEFTIRKHNVSE LKRDVNSVIDSYMNTNV EILYTEYPTISNYSVVVDS VKVLNTLYLIESKNGKIEA	213	Proteína hipotética KgORF25 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024456.1	7e-113 (213/213)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14HH

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor i de E
				TLSEGGEDLHEVISEEGYS VTDILNKFDDVEDLFD DSLINFSDIDEKGNKTIKS FIELVINLK								
134	61730	61500	1210	MDEKESKPLNLQIRVE KGHTLSRLASEIGVHYSLI SYWEYGGKKPRSANLMR 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	cd0009 3	9,43e- 07
135	61960	61733	1211	MNKKRWFRINVLKKTLL 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 YDFSDEGETYHFYNYN GNFGYEHSGSTQVDNT VSRLAGEEQTPQKVDQOQ QAQFDTONKAVEQPKQE TTTQEAPKSVEAPKVEIK TTATKSTGGSVAEQIRQA GGDEAMIEIAMRESTLNP NAVNTSGAOGQLFQGLG 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	MRKSVVISGVIGFLAIGFI ILLMCITKIPQGHVGVVYS VNGVKEDTKSPGWHLTA	264	Proteína MphS de membrana hipotética [Fago ASW de	ACB89042.1	1e-137 (237/261)	Proteína MphS de membrana	Dominio C de banda_7_Htl de proteínas	cd0340 5	3,25e- 11

Figura 14II

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 DVSQYVDATKAVDLFNR FGSADIEELEKGYLRSRV QDNVRQSVSKYSVIDAFG VKTGQIKKDTLDSLNDNL EKQGFVIEDIALSSPKADK NTQKAIDERVKANQELER TKVDKQIAEENAKKKEVE AKGEKKANDIRSESLTDE VLQQQLIEKWDGKQPIQI GGDGTIVDVTGK		Staphylococcus]				similares a flotilina (reggie)			
138	64077	63769	1214	MALFLTYFAIFIVFLVLVG FGMSYVFDFLSMREKKS IRKQYRELVRQGTLEEY LEQYVYKKQFLNDRRQ SLVTKADKQEIIDEKKEAL 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 SDKIKGKLYLCLDCGMD RVLSKSQLYYKSCGCM KSRNGSKKHPEYTVWRK MKERCYNKNQDSYPYGG GRGIEVCDRWKNSFESFL YDMGKRPSDKYQLDRKD NDGNYSPENCRWTTSEN IVNRPSKLEGLKNIQERTN GKYRVISITRNIRYQSYQ 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-	

Figura 14JJ

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				FGVMEAGAIDADGYVHA QCQDLITDYVLWLDNK VRTWGNADQIKQSYGT GFKIHENKPSVPPKGWI AVFTSGSYEQWGHIGIV DGGNTSTFTILEQNWNGY ANKKPTKRVDNYYGLTH FIEIPVKAGTTVKKETAKK SASKTPAPKKKATLKVSK NHINYTMDKRGKKPEGM VIHNDAGRSSGQQYENSL ANAGYARYANGIAHYG SEGYYWEAIDAKNQIAW HTGDGTGANSGNFRFAGI EVCQSMSASDAQFLKNEQ AVFOFTAEEKFEWGLTPN RKTVRLHMEFVPTACPHR SMVLHTGFNPVTOGRPSQ AIMNKLKDYTKQIKNYM DKGTSSSTVVKDGKTSSA STPATRPVTGSWKKNOY GTWYKPNATFVNGNQPI VTRIGSPFLNAPVGGNLP GATVYDEVCIQAGHIWIG YNAYNGNRVYCPVRTCQ GVPPSHVPGVAWGVFKG		Staphylococcus]		(492/495)		reconocimiento de peptidoglicano (PGRP)	3	10
										Dominio CHAP	pfam05 257	1,42e- 15
										Dominio SH3 bacteriano	pfam08 460	6,49e- 14
141	66866	66363	1217	MANETKQPKVVGGINLST RTKSKTFWVAIISAVALFA NQITGAFLGDYSAQIEQG VNIVGSILTLAAGLIIVD NNTKGLKDSDIVQTDYLK PRDSKDPNEFVQWQANA NNASTFEIDSYENNAEPDT DDSDDEVPAIEDEIDGSAP SQDEEDTEEHGKVFAEEF	167	Holína putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024463.1	6e-90 (165/167)	Holína	Holína I de fago	pfam04 531	1,53e- 25

Figura 14KK

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 INNKSNNKEEVWDKLELL PETKLEDLDNKKMSEVIK 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	ACACCCUUAUAUAAU AGUAGUACAAGGUCUC CAAAACCCUUAUCUU GUGCAAAUCAAAGAGG GUGUG					ARN13-Tp			
144	67448	67376	1220	GGUUCUUAAGCUCAGAU GGUAGAGCACUAGAUU GAAGCUCUAGGUGUCAU UGGUUCAAUCCAAUAG AAACCA					ARN12-Phe			
145	67528	67455	1221	GGCUCAUUGGUGUAAU GGUUAACACACUGCCCU GUCACGGCAGAGAGUAC GAGUUCGAGUCUCGUU GGGUGG					ARN11-Asp			
146	68901	68683	1222	MKRQKMFYSSLICKECN VFKVPRKRANKREEGHK DIYCKCKTKKHEDNRS 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 MDETSIKVYTESAITSPOV YINPNRIESFKIVF	69	ORF207 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241100.1	1e-32 (69/69)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14II

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 QEGNYIDRGTFKDLVEV AELRKMIIVSIDKDVAVNS EKQSAIYVQLERLDEKISE LAESTKTKDKKKDKTEK VLLLVLGAILSFVFNKFA	110	ORF209 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241101.1	5e-53 (108/110)		PHA02414, proteína hipotética	PHA02 414	8.04e- 30
149	70277	69951	1225	LTKYKDILKLEFKDSLAK FKDRDRFFHMYRIDRLIN GSIIVFDYYVLPSPDPNIVI KELDLQDFGKLRFEIDTK TSYGKVVTDNMYMEINDF LENYDIHSESETVRP	108	Proteína MpbC de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89047.1	6e-51 (100/108)	Proteína MpbC de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
150	70717	71103	1226	LNNIAIFIKTLVIIIILL FLSVVNSLSIYIRPSVV MAYFTGGIVSDVLTMT DKFLKKEDPLPEYVLKK VEINDKEISIIKKIESNYDI TSEEIKVRAKAQORLEED SKEEDNDENEERN	128	Proteína MpbD de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89048.1	7e-42 (112/128)	Proteína MpbD de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados		
151	71081	71359	1227	MKTKEIKEQRKELKDG ATTVSLVKKGDKRIASPS RICSLGQQLSGMSYTKG KALSKVNHFLQYSKYIY 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	LSAENIRDIINKKKLEED TRKYIADGFMNGIGKLMY EFNKVDNKEIEVKDPND LYKLFVIESQMQNMVNET SEGGAIPQLSRPQQLFEEI TTEDSNGESTVDLQKISE	136	ORF133 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_241105.1	2e-69 (132/136)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14MM

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MDGKELIKIAQETFTQTEKI TREQIDHINMLNPSTYML KYHTLRGHPITFSPNRDR 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	MGKKLTNTEFLNRVFOLV SDEYSFLEEYKGRHTKLR CKHNLCSEYWDVEPGAF LGKKNKAGSRCPSCYGN VTKTTDKFKKEIYNLTGD EYRLSEYNKAKTKVKIK HSKCGNTFSMTPTNTEGNS RCPECNPQKPYNTDSAKD RINKETNGTFELVSEYKG CYELMKLKHHECGNIVEI NMQSDSNRLNCPYCYNR SRGELLVSSFLSKNIPPE VQKREDFGKKYPYDFVIA DYNTVIEYHGEQHYKPIK FYGGEDRLVROKNIDLKK 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 RDIVDWKDSLGFKKIRN SSLFRTSSKASTVEGVDI DYLSDIYDRVNLIAESS	486	Proteína hipotética KgORF35 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024465.1	0,0 (486/486)	Subunidad grande de terminasa	Terminasa_ GpA	pfam05_876	5,63e-17	

Figura 14NN

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de detec- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
155	75116	75937	1233	ALESMSPPFKIVRRWSTP SVPGMGHKLKQSDQW YYGHRQCQHCYLNEMSY NDYNPDNLEESGNMLCV NPEGVDEQAKTVQNGSY QFVCQKCGKPLDRWYNG EWHCKYPERTKGNKGVR GYLITQMNNAVWISADELK EKEMINTESKQAFNYILG YPFEDVKLRVNEEDVYG NKSPIAETQLMKRDYSH IAIGIDWGNTHWITVHGM LPNGKVDLIRLFSVKKMT RPDLVEADLEKIIWEISKY DPDIIADNGDSGNVVLKL INHFGKDKVFCCTYKSSP KSTGQLRPEFNENNRVT VDKLMQNKRYVQALKTK DISVYSTVDDDLKTLFKH WQNVVIMDEDEKTEGEM YQVIRKKGDDHYAQASV YAYIGLTRLIKELLKEGNGT SFGSTFVSTDYNQEGNKQ FYFDE	273	Proteína hipotética KgORF36 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024466.1	2e-150 (270/273)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 1400

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares					Dominios conservados		
						Nombre [organismos]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				LESYASSPDSGVGARAI MELRLSIKENKNAVVD IELPEAVEYLKTLGFKPNK DGYILRKKDVKQFLGDYS DFI									
156	75915	76097	1234	VIIIVLESTVIYISIVFILYIV LKITYIKSNMSRIDNTTEL 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 EEKEDSIKEFFSLLCEMVN RLYKSYNVFRQPMDET QLRDGSLMVFSRLNDPL TGDLDKMYKLAFSKRID IFEANKQFRKDVAGKAI ELGDVAIDTALSNIISGN EFQGSISFMLRKDFEAKER IRKEEEEKLNLL	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	LKKKPGQNEVIITITVMA VFVVMITIFENKYQDAKE DKDRYQRLVEIYKKAAD NDGETKKYVKRLNKA EELKKVKKETNYKDYNK KSSKERQKEDKETREKIY DVTGDDDLILVKNIDFS DKVDKPEILISEDGIGTIV PVDGYEKQTVGSHITSVL GSPFLSPGNSIDGLSVND NVYPNTVDSIVEDTKPSIN LPMNDPIITNPVEPTIPSDT IPPIDNPSVPVFPENPVDN NQNTIDNPNPPPGYTDE DGGRSGGGGNSEPPSTE	403	Proteína MpbF de membrana hipotética [Fago A3W de Staphylococcus]	ACB89054.1	2e-163 (375/403)	Proteína MpbF de membrana	No se han detectado dominios putativos conservados			

Figura 14PP

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de detec- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares					Domínios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				EPDNGNTGGDWEEKP DPGEPSDNGTGGNGGE VTPEPDTPEPEQPNENS DEGNEKPSFSDNPDEN GGWETETPESEPEPDD KVDEEDKNEDTTDDKQP TEQPDNNIDNEDKTEE									
159	77969	78253	1237	MIFVHSKFSKSNVFLVYI YAIIGITYIVLTMFQTTS VLKNDVIDSIENTEYIGF NDPHITISFAGAILGGIY KMIMIKKSNFKDKK	94	Proteína MpbE de membrana hipotética [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89055.1	2e-45 (94/94)	Proteína MpbE de membrana	PHA02256, proteína hipotética	PHA02 256	8,96e- 22	
160	78262	78642	1238	VNRLFESKDKKWDKAKDF IKGGQMDNWEIVDYVR QIGGKHVAVFIALNKVKY MILEATKDNKVILVDKDN NILLEDDIVMESKMFY VIEEPEVKINIPQHIRDVT YNNTVVLTVRGSRGD	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	LADLFQFRLGKDYGNNS TIAQVPIDEGLOANIKKIE QDNKEYQDLTKSLYGQO QAYAEPIEMMDTNPEFR DKRSYMKNEHNLHDVLK KFGNNPILNAILTRSNQV AMYCQPARYSEKGLGFE VRLRDLDAEPGRKEKEE MKRIEDFVNTGKDKDVID RDSFQTFCKKIVRDTIYID QVNFEKVFNKNNKTRLE KFIADVPSITYATDKKGK IKGGRFVQVVDKRVVA	566	Portal-Proteína putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024471.1	0.0 (555/566)	Portal-Proteína	Portal 1 de fago	pfam04 860	1,00e- 13	

Figura 14QQ

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
162	80364	81518	1240	SFTSRELAMGIRNPRTELS SSGYGLSEVEIAMKEFIAY NNTESFNDRFFSHGGTTR GILQIRSDQQSQSHALENF KREWKSSLSGINGSWQIP VVMADDIKFVNMTPTAN DMQFEKWLNYLINISAL YGIDPAEIGFPNRRGGATGS KGGSTLNEADPGKKQQQ SQNKGLQLLRFIEDLVN RHISEYGDKYTFQFVGG DTSATDKLNLKLETHF KTVNEAREEQGKKPIEGG DIILDASFLQGTAAQQD KOYNDGKOKERLOMMM SLLEGDNDSEEGQSADS SNDDKSNPEVGTDSQIKG DSNVYRTETSNKGQGGK GEKSSDFKH	384	Proteína de fago conservada [Fago CNP82 de <i>Staphylococcus</i>]	YP_950629.1	6e-53 (133/332)				No se han detectado dominios putativos conservados
				MSVIYKDNWIDLTNVPY LQKGDGGRKIDIPRKNW KKCLNTEVSFSYKGGKGL FYVTYRKEDKGVKVEY DKYVKIIDPHDLKTLNINK IVNPPNKAKYREQEIVNG DTRNIRKVNTGIVYTM LCSEYEEYDIRESDLRG RGSPYKSGRKVCYNNSLY SVENLREYICILEYAKTV TKFSHKDIKCKPICSEK VMKVNKLNNNGFSCHRC SSTHTYPERLMIGILLENN LNEYQKVKFDLPNRKFD FYLPKLNMVIEHGLQHY RELNGYMNHEKTESDL								

Figura 14RR

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				EKYNCKNNIDYIEDCS YDLSFILSNVENSILNSIL KNKNYDNLNYSIRSKND DVKNYIYLDYCKGLSKKE LKDKYNKTSYYINRSIEIF KH									
163	81712	82485	1241	LEEIKFNAFVPMDLKKS STASDTNEYSIVSGWASTP SMDLQNDIVNPKGIDIEYF KSQGYNYEHQSDKVVG PTENCYVDIEKGLFIEAKL WKNDENVVKMLDLAEKL EKSGRRRLGFSIEGAVK KRINDNRVIDEVMITGV ALVKNPANPEATWESFM KSFLTGHGTSPTQVDAG ALRKEIASITNLAYVTK IKDLKEFNDVWNGVVED LSKNSMGMGYEESVLTQL 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 TEEQVAETTEPAKEPEK VSEEDAKEAQEQEKVES EEVAEDNEDEEVEKSAKE SKDPVDQKDTKTENKDN EKRNKDKKEDSDSD EDKDTDDDKDKKEDKKE KTSKSIDEDITTVFKSILT SFENLNKEKENFATKEDL SEVSKSINELSAKISEIAE DVSKSVDTDEEAVEKSVT STNGEQEKVEGVVSKSVD	318	ORF029 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240902.1	9e-170 (317/318)		No se han detectado dominios putativos conservados			

Figura 14SS

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deter- minación	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/vulnerares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TEEQAEIGEAKEAEV QEDNTFKGLSQEERTKFM DSYKAQAKDPRAKJHDL QSAYQSYLNINIDPTNAS EKDIKTVKDFAQI								
165	83576	84967	1243	MTIEKNLSDVQQKYADQF QEDVVKSFQTYGHTPDT QIDAGALKREILDQITML TWTNEDLIYRDRSRPAQ STVVKYDQYLRIHGNVGH SRFVKEIGVAPVSDPNIRQ KTVSMKYVSDTKNMSIAS GLVNNIADPQSILTEDAIA VVAKTIEWASFYGDASLT SEVEGLEFDGLAKLID KNNVINAKGNQLTEKHL NEAAVRICKGFGTATDAY MPIGVHADFNLSILGRQM QLMQDMSGVNTGYSVN GFYSSRGFIKLHGSTMVE NELILDESILQPLNAPQPA KVTATVETKQKGAFENEE DRAGLSYKVVVNSDDAQ SAPSEEVATVSNVDDGV KLSISVNAVYQQQPFVS IYRQKETGMFLIKRVP VKDAQEDGTIVFDKNET LPETADVFGEMSPQVH 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 GTVEIDKDGVVYKGLTKEQ EKEFANVPGEFEEKKT	98	ORF151 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240904.1	9e-46		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14TT

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deter- minación	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
167	85368	86276	1245	TRKQSASTSKKEEPKEEEK KASTRKTTSTTRKSTARK TTAKKDENK	302	Proteína hipotética K _g ORF45 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024475.1	3e-117 (301/302)		No se han detectado dominios putativos conservados		
168	86290	87168	1246	MEKPYMIGANSNPVINK STTYTTTQADEQDKPKY TTRLFDTIDMIRFINDRGI KVLWEEAYFCPLNPDGT HPRVDCPRCHGKGIAIYLP PKETIMAIQSQKEGTNQL DIGILDTGTAIGTTQLEKRI SYRDRFTVPEVLMPPQMI YFVNKDKRIKGGIPLYDV KEVTYIATQDGTVEEDY EIKNNRLYLEKYEHTV TLKILMTLRYVVSILKES RYQYTKFNQPKSKFENLP QKLLKREDVIVLQDPYK	292	Proteína de cápside [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87113.1	1e-170 (291/292)	Proteína de cápside	No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14UU

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

orf	Posi- ción de inicio	Post- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				VNDGIEEDLEIQVDDPKA SASPSNLGGFGGAFK								
169	87168	87788	1247	MPVHGKRPNI LFKNKNYK QVGKRTIDGMRSEVLDKL QATAQVENTSIKRMPT LQTEKLEKEGVVDLKK AFHSSKKKTSKGGWY LTVPIRIKTSRMNNSTYQD MRTLKVDKGTGSVSKITD YLEGRKNVSHPSMKPEP MTHNMTKVKRGKQSSYF IFRTVSSKSPASSWILNRD KVNEDEFKTTTLKTVKQL 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 QTRSEKFAFCGKNAQHE VTVGFNFPKFKNNYEAHY LIQLGQGQETKNSLSIQS SYFEATGDTLVESSTAIRES DDKLVTFSKPIGELIKVE DIEFAKYDNLQVEGNKVS FKYQTNEDYENYANIIIF TEKKNDSKGLVKGFTVEE QVTVVGLSFNV/DVARCL DAVLKMLISMRDSIEEQ TFQLQNLSFGDIAPIEDG DSMIFGRPTIIKYTSSLDLD YTITQDINKLTFKERKDW K	278	Proteína hipotética KgORF48 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024478.1	4e-160 (278/278)		Crotono- betainil-CoA: carnitina CoA transferasa	PRK03 525	8.14e- 03
171	88645	88860	1249	MARKKTPENNTPKFNKY VHIDTFLDTAKTLFNMKD	71	ORF202 [Fago G1 de	YP_240909.1	2e-34		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14VV

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SQVAGFKAYMEGSHYLFSE EQEFLPSLEKYLGRKLDI		Staphylococcus]		(70/71)				
172	88887	90650	1250	MAVEFPRRPIRPHASIE VDTSGIGGSAGSEKVFCL IGQAEKGEPNTVYELRNY AQAKRLFRSGELLDIEL AWGSNPNTAGKILAMRI EDAKPASAEIGGLKVTSKI YGNVANNIQVLEKNTLS DSLRLRVIFQDDRFNEVY DNIGNIFTIKYKGEANAT FSVEHDEETQKASRLVLK VGQDEVKSYDLTGAYD YTNAITDINQLPDFEAKL SPFGDKNLESSKLDKIENA NIKDKAVYVKA VFGDLE KQTAYNGIVSFEQLNAEG EVPSNVEVEAGESATVT ATSPIKTIEPFELTKLTGGT NGEPPATWADKLDKFAH EGGYTVPLSSKQSVHAE VASFVKERSDAGEPMRAI VGGGFNESKEQLFGRQAS LSNPRVSLVANSCTFVMD DGRKNHVPAYMVAVALG GLASGLEIGESITFKPLRVS SLDQIVESIDLDELNENGII SIEFVRNRTNTTFRIVDDV TTFNDKSDPVKAEMAVG EANDFLVSELKVQLEDQF IGTRTINTSASIIKDFIQSYL GRKKRDNEIQDFFPAEDVQ VIVEGNEARISMVYPIRS FKKISVSLVYKQQTQLQA	587	Proteína de la vaina de la cola mayor [Fago 812 de Staphylococcus]	ABL87117.1	0.0 (584/587)	Proteína de la vainas de la cola mayor	Vaina 1 de fago	pfam04 984	2.11e- 07

Figura 14WW

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 MIKGPVGRASQORE YGTGVYEIGSIMPQEHV YLRYEGTITVERLRMKKE NFADLGYASLGEEILKKDI IDILVVDNLTKQVLSYHG CSANNYNETWQTNEIVTE EIFESYL	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 AQQIFYFELEGKFKGLIG KTYWASINRGSNMRMSC LTSESKDKYLNLRKRG IEVVEDYKGGKRLKHFI VLEGKYQGCEGYITLNDL ENLGRVDNRSLSEKGRKQ YFDKQARLRDCIILEYPKD YRIKTKDKIVVKDKEGHV HNIIVQDFEKSLSLELSC ASEGEKIVKEILTKNSIKFE KEKSFNKEGKVQRFDFY INENKEYAIEYNGAQHY IDSTGYLKDLETQTKRD KLKKEYSKDKGINLLIIPY TTTDKMEMEKIILNFLNK	309	ORF018 [Fago Twort de Staphylococcus]	YP_238556.1	2e-19 (79/239)		No se han detectado dominios putativos conservados		
175	92534	92692	1253	MNNRQAKIKGVNQFHYY 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 RKNKHGLDNYN	46	ORF293 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240912.1	1e-10 (44/46)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14XX

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

<i>orf</i>	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	MSTFWSERTTNKDRQV KKHYTQMSMYERKKCQE LLQETITENRIINFTRHSAK KVKGKPTTNIPKLGIFIK NKFAYENIIIEYNNTDYNG NIERRIVVKHPKVITVEGK PSYQFLTISLEDARVITVW YNSVDDTHRTLDLNYYS KDLTIQ	152	Proteína hipotética KgORF 51 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024481.1	2e-84 (152/152)		PHA02264, proteína hipotética	PHA02 264	1.25e- 30
178	93335	93526	1256	MGITVNSYFILSNIFLIILTI LNGKGTVTRESLTMSKIL VVITSIQFLACLJINGIYWS 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	MSQDKLRAIYTEMKVVEL HKFPKEVDITSKSTAIIN QILDKFKLTLEQAGKITRK YLEGQEILTIDYEYDLSQ EYIYLLRNSEKIEQSLQEI TKRTGEYVK	103	Proteína hipotética KgORF 52 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024482.1	3e-51 (103/103)		PHA02265, proteína hipotética	PHA02 265	2.50e- 17
180	94042	94500	1258	MAEIIKKEQDVQETTKEE KKDVSCKMTPEIDKLKYQ DKQEKEQVINKVIKGVND TWEKEYNFEELDLRFKVK IKLPNAREQGNIFALRSAY LGGMDMYQTDDQVIRAYQ MLATLQEVGIEVPKEFQD PDDIYNLYPLTYMYEDWL GFLNSFRY	152	Proteína hipotética KgORF 53 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024483.1	2e-82 (152/152)		No se han detectado dominios putativos conservados		
181	94544	95080	1259	MESIVKQPLSRNLWAIMK EFNVLPTQRFKDLDDYQ IEFIIGNMNRDVYEHNKQ	178	gp ORF080 [Fago ASW de Staphylococcus]	ACB89073.1	1e-98 (178/178)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14YY

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
mf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				LKQAQKGKFDSPFEDD DSSWWNESHEDFDPVDF LDADDLAQQVEAKLSDR DKERAKRNDALNDETE GLTTQHLAMMEYIRKQK QELDDVGNKGTSEEDAT ISQDSVNKALEDLDDW YM								
182	95136	99191	1260	MAMNDYRLVLSGDSSD LENSLKAIELYMDLSK NIDAPLDNFKLKLKVIK EVKNVQNAMDKQDGKS VISSKMDSEIKSTQSATK NINELKALDLOKENIS KGIAPDPEVEKAYAKMG KVVDTEQEKLEKMSQKI GSDASIQNRKEMKTLNQ VTEYNKISKDSSATKDY TKRLRANRNMTRGYMER SEGTGRLTYDQGARVRSE LGKISSYESQRKQNRNL GQAREQYSNRYNQOQDL TKRRASQINKAQYEQL ASIKQEMKAREELISNYE KLGAELDKTVQYKGSV QKDFQSRDQDQQRGTG RMVQERLPSIGSHAMMG TTAMATGLYMKGASLSE TNRPMVTSLGQNSDNMDI DSVRNAYGDLSDNKLGY NSTMLKMATSYEASVG HKSDEDTMAGTKQLAIG GRSLGIRDQEAQESMGQ IMHTGGVNSDNMKEMQD AFI GGIIKQSGMVGRODE	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	COG43 72	9,12e- 03

Figura 1422

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	10169 6	1261	QLKALGSIAEQSGEGRTL TKDQMSNLTAMQSTFAES GSKGLOGEQGANAINSID QGLKNGMNSSYARIAMG WGTQYQGLEGGYDLQKR MDEGISNPENLTDADM ATOMGGSEKEQKYLFR SMKEIGANLTMEQSDEIF KDAQSGKLSKEELAKKA KKMEKEGKKEGEDNATD YKESKSGKNDQNSKTD DKAEDTYDMAQPLRDAH SALAGLPAPYLAIGAIGA FTASLIASASQFAGHLIG KGAKGLRNKFGRNKGG SGGNPMAGGMPSCGGSP KGGSPKGGGTRSTGGKI LDSAKGLGFLVGGAGW KGMFGGESKGGKFKQTS KEAWSGTRKVFNRDNGR KAMDKSKDIAKGTGSL KDIYNDISIFGKERRQNLG EKAKFGGKAKGLYGKF ADKFGDGGKNGILSQSPK AGSGIGKLGKLAGGLGK GAGVLGVATSAISLIPAL ASGDSKAIGGGIGSMGGG MAGASAGSIGALFGGV GAIPGALIGGAIGSFGGA VGEKVGDMAKKANTKEG WNLGWTNGDKDGKNKF QDSLLGKPI	808	Proteína hipotética KgORF56 [Fago K de	YP_024486.1	0,0 (806/808)	Cola de lisina	Dominio CHAP	pfam05 257	1,02e- 14

Figura 14AAA

Tabla 11 -- Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				QINMAGDTYWDKLVMA NDIIRIFITPNDPNDKEGR QERLIQVGMVSVQSVKVG YGNDDQTQFRITGQSFVKP FMKEGLGVIEVQAVLPE VGWLDIDGDGNEVKFTG SSAHEVMTGIIRRFIPYMK YNYTEKTYNTIDNYLDYD DLSSWDEFKLTESVAF NFDGSLKQLMDMVTARP FNELFFKNSEKTPGKAQL VLRKTPNPTEWRALDMI KVPTDEFIEEDVGKSDVE TYSIFTATPAGMLKELNG DVFSKQFHPPELTDYGY TKFEVENIYLSKSGSATE DSDSGDDNGTERTGYSK IMKDLSNYGRDNISKID KYTSKLSKYNLKKAQ AKKIEKFVKEGKVTEKE YEKITGNKVDELTSNDR PKLTKDKLKSILKEKFT QDDFNNSKKKKAKTDA LKELTTKYRFGNKTHATT LLDEYIKYKGEPPNDEAF DKYLKAIIEGVSNVATDTG SDASDPLVMFSRMLFNW YHGNPNFYAGDIIVLGD KYDLGKRLFIEDKQRGDT WEFYIESVEHKFDYKQGY YTTVGVTGRGLDAILEDG KGSPIRFAGLWNQSSDF MGGLMGEDTSKELKEG VAEKQSSGGKDGSDSG GAQDGGSLDSLKKYNGK LPKHDPFSFVOPGNRHYKY	Staphylococcus]							

Figura 14BBB

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares					Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				QCTWYAYNRRGQLGIPVP LWGDAAWIGGAKGAG YGVGRTPKQACVWQR GVQGGSPQYGHVAFVEK VLDGGKKJFISEHNYATPN GYGTRTIDMSSAIGKNAQ FIYDKK									
184	10171 0	10259 7	1262	MATDKEAKDVIDKFIIDNV FNFDVLTKEIKEKDEEIK KITDDMYEKVVYIRPVV GVQSLNPQHVVQYESFSN NGYDIEAELSFRKVSYL DKGSIPTDSLSTLTVHILVE RNQELLIDYFDEIQDVLV GEYMEEYVFDEEDVPLST ILALDNDNLKSLNLIK MFKGAPKENPFGTDKDV YIDTYNLLYWLGEDEE LAYPMNINYFFTEGRFTI FGKHGKYKVDVSKFVGD ILFFGRSDTNIGIYVGDGE FISMMGKFPKDETPIGKY KLDDYWNEFNIGRVMRFD EEVVI	295	Proteína hipotética KgORF57 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024487.1	4e-167 (295/295)			No se han detectado dominios putativos conservados		
185	10259 7	10514 3	1263	MVVRFSQSSMGRSLKRV SDDLNVKGLVLATVSKIN YKYQSVVEVKVNNLTLS RIGDDGSLAVPYPKSFGR TPEGSVFGTKPLITEGSVV LIGFLNDDINSPIILSVYGD NEQNMINTNP LDGGKFD TESVYKYSSSLYEILPSLN YKYDDGEGTSIRTYNGKS FFSMTSGEEKPQATDFY	848	Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024488.1	0.0 (845/848)	Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa	Como GDPD_SaGlp Q, dominio de glicerofosforil diéster fosfodiesterasa	cd0860 1	1.43e- 60	

Figura 14CCC

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Protéínas homólogas/similares				Dominios conservados					
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E			
				TGTEYQDLFTSYGKNTL IEPRIQKAPNMLFKHQGV FYDDGTPDNHITLFI GDIRASVLNTETQKRTTQ EMSSDGSYRVIKQDDDL MLDEAQVWIEYGISEDNK FYIKNDKHKFEFTDEGIYI DDKPMLENLDESIAEAMK NLNEIQKELDDNYLLEG VGKDNLEELIESTKESIEA SKKATSDVNRLTTQIAEV SGRTEGIITQFOKFRDEF KDFVEDASTVINEVNQNF PTMKTDVKTLTKVDNL EKTEIPNIKTRLTELENN NNADKIISDRGEHIGAMIQ LEENVTPMRKYMPIPWS KVTVNNAEFWDSNNPTR LVVPKGITKVRVAGNVL WDSNATGQRMRLKNG TYSIGLPYTRDVAISTAPQ NGTSGVIPVKEGDYFEFE AFQDSEGDQRADPYT WFSIAIELETETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIKG YQMALDKGADYIELDLQ LTKDNKLLCMHDSIDRT TTGTGKVGDMTSLYIQTN FTSLNGEPIPSLDDVNLHF GTKVKYYIETKRPFDANM DKELLTQLKAKGLIGISE RFQVHQSFARESLINIHQ FSNIPLAYLTSTFSEMD DCLSYGSYAIAPKYTTITK ELVDLAHSKGLKVHAWT VNTKEMOSLIOMGVDTG											

Figura 14DDD

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

<i>orf</i>	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				FFTNVLYDEYKKI								
186	10525 0	10604 1	1264	MPQSDGISNLHRIALRFPK EGGGYDMYRFKVNPNY TIDSPQRTTAIKTKSDIVIE DYGKDIEVINFTGTTGFRP VREADGLKTGKQKMEEL QSRVSEYAMQGGSGNVS GSYLOFFNFTDDSYKVVH LAPQGLKITRSKDEPLFR YEITLVVIGSLTEADRSV TTEFGNVKPNASQRVDE GIKELDNARKTRDRNNQ EISRENTIPKSTGDTNE GNRLKQSPSSSIYNPRQS TNGLKGNIIDNMALIIGYG DGGVSS	263	Proteína hipotética KgORF59 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024489.1	7e-151 (263/263)		No se han detectado dominios putativos conservados		
187	10604 1	10656 5	1265	MNNFIPQPQGLLRFLNAL DIDLTSSTMNLLDEEVSF VSKFYTPQLQLSELAKV LTNIKTDIPVLEREFNDN TIHKANDTLKVKQAPRM YMILQSVILEAYAVNCFV ENPSSKYLTEEDVSITRE NLNYVADYLGNYDDYNS VVLDLRDLCLCFSAIELQL PLIKKEANV	174	ORF078 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240925.1	3e-95 (174/174)		No se han detectado dominios putativos conservados		
188	10656 5	10726 9	1266	MRFKKHVVQHEETMQAI AQRYYGDSVSYWIDLVEH NNLKYPYLVEETDEEKMK DPERLASTGDTLPIPIESDL 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	COG36 28	1.50e- 03

Figura 14EEE

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				HGTSNLAFTSTNGNDL DTVKGIDNMKQQLQARL LTPRGSMLHPNYGSDLH NLFGLNIPEQATLIEMEVL RTLTSNDRVKSANLIDWK IQGNVYSGQFSVEIKSVEE SINFVLQDDEEGIFALFE								
189	10728 4	10833 0	1267	MKTRKLTNLSKLLDKTM AGTSKITDFTPGSASRSL EAVSLEIEQFYILTKENID WGQEGHIEAFDFQKRQSK RAYGDTVITQFYQPLDMR MYIPAGTFTTSTRQEPQ QFETLVDDYAEPSSTEIV VEVYCKETGVAGNVPEG TINTIAGSSLSRSVNNEYS FNTGKEESQEDFKRRFH SFVESRGRATNKSRYGA LQIPDVEGVVYVEETGHT VFAHDRNGNLSDLKEDII DALQDYRPSGIMLDVTGV EKEEVNVSATVTISNKSRI GDTLQKHIESVIRSYLENNL KTSDDLITDLQAIMNIDD VLIYDVSDNLDENIIVPP 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	COG32 99	2,38e- 05
190	10835 1	11141 0	1268	VANFLKLNHPLLRDRNK KDNQDPNFALIDALNEEM NQVEKDAIESKLQSSLKTS TSEYLDKFGDWFGVYRK TDENDDVYRARIKYLIL KRGTTNNAIDAIDKDLGR DDIDVSVYEPFTNIFYTNK SHLNGEDHLMGYVYRFA	1019	Proteína hipotética KgORF63 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024493.1	0,0 (1006/1019)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14FFF

Tabla II - Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				VINVSIGDYFPVEIDVINE FKPAGVTLYVTYDGA STIRGGAIKWL DGLPKIET YQEEDRFYGYDDTFYGH NMQSKDIDNSSSDIFK TNHSLINSLDVLTGSSSVGR QYINYGVVTSYVYNPGMT SSVNOISASTEGRGQEV PTDYYMYTSTKNNNTVEL SMQTTSGVSYLYNNFN FRDYMSKYRPQVDLQSD EARRIVSDYIKELSIDY YLSAVIPPDESEIKLQV YDFSNRWLTVSINNLSF YEKNIGSYIKDYLNS ELNMFTREINAGKRDS VDIKVNYLDLMFY YERGITYTIKPYKALIE NYLDSRETYVEAFKIASL SNGDIITKTGFQPIGYLKL VGNVENTRPFSTINIVAKDT DNNPESNELDVYNTVEN RNLLQSYKGANTIA REITS TKEFTVSGWAKEI YSTNYLSKVLKPGKVYTL SFDIEITGNDLTLKSYSD NHGIYLYSNTKGIVVNGV KSMERTIGNKSVTQTFT APTITDHRLLIYTGRTYSD GKASTPPVFNTVKITELK LSEGTSNLEYSAPEDKPN VIEKGIKFNNILTNIQTL SINSDTILKNVTLYYSYGG DNWVELKTLGNISTGETT ETNNLIDL YGLQTVDSN INPMSKVS LRSIWNVKLG ELNNQEGSLSNMPNDYFN AVVWQDID								

Figura 14GGG

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de termina- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				KLSDIEIGSMRMV/KDTEG GVFDGATGEIHKATLFNV GSYTDLDMLAYTLTNYTE PLTLGSSRLISELKEELLTS ESFNVDNRKVIDSIYEELP NTSHKNGFVEREVTGSKY LDYGLYEPIDEGTRYKLV EGFEKDNIEFIYLYNSNP FNETIYPSEINGVAEKEF IAKPSTEDKPRLNTDRIY IRPYDSTISKVRRVELRKV								
191	11152 1	11204 2	1269	MAIATYNHVELAKYLV KADSVYLTIGKSTPWSNE TNPPQDENATVLQEVIG YKATKVTLYRPSKSPED DNKNLSYGNKSWVEVTP ENAKAEGAKWVYLESSIV GDELPLGTYRQVGFVMD LVAKSGISKFNLPSEVES TGTLFFDNKQFQNRSEQ TTAKERFIVEV	173	Proteína hipotética KgORF64 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024494.1	6e-96 (173/173)		Bacteriófago T4, Cp8	pfam09 215	2.26e- 03
192	11206 3	11552 1	1270	MAINFKGSPLYLDRFDPK DRTKVLNPNDRPLQQAEL NEMQSIDQYLYLKNLGDAL FKDGDQKQSGLOFTLSEDN VLTVPNGVYVYNGKIRYY DNDDSVKJITGVGKETIGIK LTERIVTPDEASLLDQTS GVPSYFSKGADRLKEKMS LTVNDPTSATYTFMDGD LYTQSTNAEMDKINKVLA ERTYDESGSYKVNQGFELF SEGNAEDDDHVSVVVDA GKAYVKGFKVDKPVSTRI	1152	Proteína hipotética KgORF65 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024495.1	0.0 (1151/1152)		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14HHH

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SVPKSYDLGTAENESTIFN KSNNISLANSVPKEIRRV TGQVLEKERVTRGAQGD GQDFLSNNTAFEIVKVT ETSPGVTTKEYKQGEDFR LTDGQTIDWSPQGEPSPG GTSYVVSYYKYNKRMEAG KDYEVTTQGEGLSKKWI NFTPSNGAKPIDQTVVLV DYTYLARKDSVFINKYG DIALPGEPMIRLVTPPL NTDPENLQLGTIVLPDS DEAVCISFAITRLSMEDLQ KVKTRVDNLEYNQAVNA LDDGAMEQNPLTLRSVF SEGFISLDKADITHPDFGIV FSFEDAEATLAYTEAVNQ PKIIPGDTTAHIWGRISAP FTEERTYQQQASETLNV NPYNIPKQGVKLTPSE DNWIDTENVTTTEQTKK VTMKRFWRHNSYYGET EHLVYSLNQLDAGQKWK GETYAYDREHGRGTILLE SGGQRTLEEMIEFIRIDV SFEVKGGLNPNDNNLYLLF DGVRCATPATGYRKGESE DGTIMTDAKGTAKGKFTI PAGIRCGNREVTLKNANS TSATTYTAQGRKKTQVDI HIRTRVTNVLVDPLAQSFQ YDENRTISSLGLYFASKG DKQSNVVIQIRGMGDQG YPNKTIYAEVTMNAADDIK VSNNASAEITRVYFDDPM MAEGGKEYAIVITENS DY								

Figura 14III

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

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				TMWVGTRTKPKIDKPNE VISGNPYLQGVLFSSNAS TWTPHONSCLKFGIYTSK FNETATIEFEPIKDVADRI VLMSTYLTPERTGCTWE MKLILDDMASSSTTFDQK WEPIGNYQDLDDLGLAR QVKLRATFES								
193	11557 0	11572 8	1271	MPREVRDPYSQAKLFIPT VEEKSIKELEKTYKEKIDE ATKLINEKKERGEK	52	ORF262 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240931.1	3e-20 (52/52)		No se han detectado dominios putativos conservados		
194	11572 9	11765 1	1272	MAFNYPPLTETQKLKDM YPKVNDIGNFLKTEVNLS DVKQISQDFNNILASIPD SGNYVVTNSKGGAPSGEAT AGFVRLDKRNVNYKIY YSPYSSNKMVIKTYANGT VYDWISFKLDEGNLYNEG NTLNVKELTESTTQYATL VNPPKENLNTGWVNYKE SKNGVSSLVEFNPVNSTST FKMIRKLPVQEQKPNLLK DSL FVYPETSYSTNIKTN WDTPPFWGYSSNSGRSGV RFRGENTVQIDGGSNTYP LVVSNRFGMGKELSVGD TVTVSVYAKINDPALLKD NLVYFELAGYDVTDDTSK NPYTGGREITASEITEW KKYSFTFTIPENTIGASGV KVNYSVLLLRMCSSSKG NGAVVYVYALPKLEKSPK VTPFITHENDVRKYDEIW SNWQEVISKDELKGHPV	640	Proteína hipotética KgORF66 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024496.1	0,0 (633/640)		PHA01818, proteína hipotética	PHA01818 818	5,89e- 04

Figura 14JJJ

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
195	11767 3	11804 4	1273	DIEYNDYFKYQWVKSEV NEKSLDLAMTVPQGYH TFYCOGSIAGTPKGRSIRG TIQVDYDKGDPYRANKFV KLLFTDTEGIPYTLYYGG YNQGWKLLKQSETSTLL WEGTDFGSTEAVNLNDS LDNYDLIEVYWTRSAAGH FSTRDLIRKNTSNLLYIRD FNISNDSTGSSVDFEGYC TFPTRASVQPGMVKSITL DGSNTTKVASWNEKERI KVYNIMGINRG	123	Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024497.1	2e-63 (123/124)		DUF2977, proteína de función desconocida	pfam11 192	2,73e- 12
196	11805 1	11942 7	1274	MALNFTTITENNVRDLTT QVNNIGEELTKERNIFDIT DDL VYNFNKSQKILTTDD KGLTKSYGNITALRDIKEP GYVIGARTLATLLDRPD MESLDVVLHVVPDTSK VVQHLTYLSTNNNQIKML YRFVSGNSSEWQFIQGLP SNKNAVISGTNILDIA SPG VYFVMGMTGMPSPGVSS GFLDLSVDANDNRLRLT DAETGKEYTSIKKPTGT TSWKKEFEPKDMEKYL SIRDDGASAFPLLVYTSN	458	Proteína hipotética KgORF68 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024498.1	0.0 (448/458)		PHA01818, proteína hipotética	PHA01 818	0.0e-00

Figura 14KKK

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
197	11951 7	12126 5	1275	KTFQQAIIHIDRTGQTF TFYVQGGVSGSPMSNSCR GLFMSDTPNTSSLHGYYN AIGTDGRNVGTGSVVGGN WTSPTSPSHKELWTGAQ SELSVGTTKNLADDISNYS YVEVYTKHKTVKTKGN DDSGTICHKFYLDGSGTY VCSGTFVSGDRDTRDKPPV TEFYRVGVSEFKGSTWTLV DSAVQNSKTQYVTRIIGIN MP	582	Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024499.1	0,0 (580/582)	Helicasa	HELICc, dominio terminal C de la superfamilia de helicasa	cd0007 9	1,74e- 13

Figura 14LLL

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
198	12127 7	12289 0	1276	YDRGITNDFRNKLIKAL TEKWYNQDKGTLIIVNFIE HGDTISEMLNDLDVEHYF LHGEIDSETREKLNDMIR SGKLKVMIAATSLIDEGVDI SGINALJLGAGGKSLRQTL QRIGRALRKKKDDNTTQI FDNDMTNRFLYTHANER RKIYEEEDFEIKDLGK	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	pfam12 840	2,66e- 03

Figura 14MM

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				YMRQHTSTYYILRMFGD YLGVEVNLREVRYIVEKY NLIDKIPLTKEGMLDYNK LIHLVEEVNNYE								
199	12288 3	12432 5	1277	MSKKIKELILHKSMKDIHF AREVLNLPKNLFAESE DMGYLFTAIRKTAHISDK MSNEALAIKVEQLMGNN KEDEEKVTKLTLYLEDLY KVDVNEKDESNNYEIEKY IKTEMSKEVLVKFIAENK QEDSDNLHELVDKLLKQIE VSDISGGNGEFIDFFEDTE KKQELLSNLATNKFSTGF TSIDNHIEGGIARGEVLII APTGRGKSLMASNLAKN YVKSGLSVLYIALEEKMD RMVLRAEQQMAGAEKSO IVNQDMSLNNKVYDAIQN HYQKNRKLGLDFYISKH MPGEVTPNQLEQIIVNTTI KKDKNIDVVIIIDYPHLMR NPYAKYHSESDAGGKLF DIRLSQQYGFVCWTLAQ TNRGAYGSDVITSEHVEG SRKIVNAVEVSLAVNQKD EEFKSGFLRLYLDKIRNSS NTGERFVNLKVEPTKMIV RDETPEEKQEHQILLSDN GKEDTSKFQNKDNKJEL NNTFGGLPGV	480	Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024501.1	0,0 (480/480)	Helicasa	Helicasa 41	PIIA02 542	1,01e-9
200	12440	12542	1278	MKFVFFTDSSHFLFTNYA KPDNEFVNDRFKEQIEAL QKVFDIAKKEEATVIFGG	341	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024502.1	2e-172	Exonucleasa	MPP_Mrel1 N ⁺ Mrel1	cd0084	1,01e-

Figura 14NNN

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

<i>orf</i>	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares	Función predicha	Dominios conservados	Valor de E			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Nombre	Acc No		
	4	9		DLFHKRNSVDTRVYNKV FSTFAKNDEVPLLRGN HDATTNSLYTDSSIDTFEY LPNVSVIKSLNTILKDNVN IVFTAYGDETKETKTYNS NYDKDMVNILVHILGVE GSLTGKGSRLRLEGAFGYQ DLLPDKYDFILLGHYHRR QYFQNPNIHFGGSLMQQ SFSDEQEAANGVHLIDTEK MTTEFIPIHTRRFTIQGEDI PENFEQLIEEGNFIRVIGTA NHAKVLEMDSDSMKDKN VEVQIKKEYTVEKRIDS VSDPLTLTIASITYAKQYSPE SEQEILECLKEVL				(295/345)		nucleasa, dominio N terminal de metalofosfatasa	0	20
201	12542 9	12580 6	1279	MKKYREYLNKTDENLA EDWEKVTEDLWKVFKD MKPKINTLDSNVESKNL DKSKPILOFQSDSGVIENI CNVEGLEDSLKMKKVF DDSNFEKHYYSRVVDHD EYYWIDYGSHHCFRVTK GDK	125	Proteína hipotética KgORF73 [Fago K de Staphylococcus]	YP_0245031.1	7e-65 (121/125)		PHA02275, proteína hipotética	PHA02 275	1,65e- 21
202	12580 6	12772 5	1280	MVVFQKQVEVNNFLAIKEA TLELDNRGLILIEGENKSN ESFHSNGSGKSTLISAITY ALYGKTEKGLKADDDVN NIEKKNTSVKLLKFDIGEDS YLIERYRKDKENKNVKL FVNEKEITGSTNDVTDKQI QDLFGIEFTYVNAIMYG QGDIPMFSQATDKGKKEI LESITKIDVYKQAQDVAK	639	Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024504.1	0,0 (638/639)	Exonucleasa	46, subunidad de endonucleasa	PHA02 562	1,71e- 21

Figura 14000

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				EKVVEEQNNIRQEIY KLGQLSTKDEYFQREIE QYNQYKEQLVQIENSKE KDRLEQEEKQIEAQIEQL ASQIPTPEDEFKHSEYN KASQSLDLLSNKLTENQ VYSEYNTKEQVLKSEIAT LSNSLNKLDNDHCPVCG SPIDNSHKLKEQENINNQI ENKKQEITSVLEMKDTYK EAIKVKDKSQEIKDKMS QEDQQEREHNKINSIQE ASRIKSDISSLENNKTYLK VKYQHOSVQGLEREPSK EKHEEDKKELQESIDKHE ENIVQLETKKGYQQAV DAFSNKGIRSVVLDFTPF LNEKANEYLQTLGSDIEI EFQTQVKNAGELKDKF DVIVKNSKGGGSYKSNSA GEQKRIDLAIQAIQDLIM SKDEISTNIALYDECDFGL DTIGCENVIKLLKDLRLNT VGTIFVITHNTELKPLFEQ TIKIVKENGVSKEEK									
203	12772 5	12832 1	1281	MKLKILDKDNATLNVFHR NKEHKTIDNVPTANLVD WYPLSNAYEYKLSRNGE YLELKLRLSTLPSSYGLD DNNQDIIRDNNHRCKIGY WYNPAVRKDNLKIEKAK QYGLPVITEEYDANTVEQ GFRDIGVIFQSLKTIVVTR YLEGKTEELRIFNMKSEE SQLNEALKESDFSVDLTY	198	Proteína hipotética K_gORF75 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024505.1	2e-111 (197/198)				No se han detectado dominios putativos conservados	

Figura 14PPP

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

<i>orf</i>	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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	12833 6	12940 3	1282	MRFEFLTQELGEPKENTI GELRYCCPFCGEKSYKFY VKQALDSSNGQYHCKKC DESGNITFMKTYNITG KQAFDLLESKNIDIERAPL LTTNNKDLTESEKLILML RGVHQDKGTTSIKPPRLPE GYKLLKDNLNKKEIIFLK YLKGRGITLEQIINNIGY VINGSFYKVDGESKVSRLR NSIIFFTYDNDGNYQYWN TRSEKNPYIKSINAPAKQ DEVGRKDVIFNLNIARKK KFLVITEGVFDALTFHEY GVATLGKQVTENQIKKIID YVSIDTSIYIMLDTDALDN NIDLAYKCLKTHFNKVYFV PHGDEDANDMGTRKAFE LLKQNRVLVTPESIQSYKI QQKLKL	355	Primasa putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024506.1	0,0 (354/355)	ADN primasa	dnaG, ADN primasa, núcleo catalítico	TIGR01 391	1,95e- 16
205	12946 9	12980 7	1283	MSNNKKDILEFVDEYITA LRVGNEQRQHLEEMGK EETATLTDVAKAITNLML GVNEQMTDLEYNNELNL NILIDALYKAELINEDVLD YIQESIDKSQEPEPKNEEK GEQE	112	ORF127 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240943.1	7e-56 (112/112)		No se han detectado dominios putativos conservados		
206	12980 7	13025 9	1284	MEKNISTHTKGISQADME KWIEAVVQGTVDGKQVD EKTAKQLDRIGRSVSLEE ATRIAKVLNVAQTAEVTG	150	ORF098 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240944.1	2e-78 (149/150)		PHA02277, proteína hipotética	PHA02 277	9,45e- 43

Figura 14QQQ

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				DFNDAFNAIDLMIMIED ELGVTQEKVGVKAKDKLN EKREAYLKEKQELRQKQ QEAAQKETESDSNEKVIQ LKKNDEQ									
207	13024 6	13085 4	1285	MTNSKKKGDTFERKIAKE LTAWWGYQFNRSQSGG ASWGDNNNAVGVVPQ EANFPLVVECKHREEWTI DNVLLNNREPHTWWEQV INDSSKVNKTPCLIFTRNR AQSYVALPYNEKVYEDL RNNEYPMRTDFIIDNIRK DKFFYDVLITTMNGLTSF TPSYIISCYDKKDKIPYKK VESNLSEVSKHEDELINDL LSDI	202	ORF064 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240945.1	2e-115 (201/202)		No se han detectado dominios putativos conservados			
208	13084 4	13126 3	1286	VYKKGKISMTSKERPLIV YFSGTGQTERLVNKNINN SFETFRVKSQKEVKNKPF1 LITPTYKKGAIPKQIERFLE INGSPKEVIGTGNKQWGS NFCGASKKISEMFKIPLIA KVEQSGHFEIQPILEHFS NKYKVA	139	Proteína NrdI putativa [Fago K de Staphylococcus]	YP_024509.1	1e-68 (130/130)	Proteína de ribonucleótido reductasa	Flavodoxina- NrdI	pfam07 972	1.62e- 29	
209	13127 8	13339 2	1287	MATYKGWIELNNEITQLD DNGKNKLYKDQEALEDEY LKVIEDNTRKFNSEVERIR VLTKEGTYDKIFDKVPDIT IDEMTKLAYSFNKFPSPF 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	PRK07 632	0.0e-00	

Figura 14RRR

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
210	13340 6	13445 5	1288	LYLFQNDYVVKARELLVOL MEQTFQPTPTYNNSGQA NRGELSSCYLFVVDSDIES LNFVEDSVANASSNGGGV AIDLTRIRPKGAPVRNRPN SSKGVIAFAKAIIEHKVSIY DQGGVRQSGGAVYLNIFH NDILDLLSSKKINASEVR LDKLSIGVTIPNKFMEVLK EGRPFYTFDTYDINKVYG KYDELNIDEWYDKLLD NDSIGKVKHDAREVMTDI AKTQLESGYPYVFYDNA NDNHPLKNLGKVKMSNL CTEISQLQEVSEIYPYSYS NKNVINRDVVCITLGSNL VNVVEKGLLNESVDIGTR ALTKVTDIMDLPYLPVQ KANDDIRAIGLGSMLHG LLAKNMISYGSREALDLV NSLYSAINFQSIKTSMLMA KETGKPKGFEKSDYATG EYFVYIRESNQPDKA KKVLDKVYIPTQDDWDE LAKAVKVHGLNGYRKA EAPTQSIYVQNATSSIMP VPSAIENRQYGDMEYYP MPYLSPTQFFYEGETAYK 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	PRK09 614	4.21e- 80

Figura 14SSS

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
				SWNSLTSEKNTYKKVLA GLTGLDTKQGGGMNLV SYHEPRPKYQAVAFMG GMEEHAKSYSHIFITLLS NKETSYLLDTWVEENDFL KVKAQFYGYYDQLKPN PTVFDRYMAKVASAFLES ALFYSGFYYPLLLAGRGQ MTQSGAIVKITQDEAYH GSAVGLTAQYDYNLLTEE EKKQADKETYEELDILYT NEVAYTHSLYDPLELSED VINYYQYNFNRALQNLGR EDYFNPEYPNPIVENQTN VDRLRNVDFFSGKADYE KSTNIKDIKDEDFSLDSK EYSTAKEFL		[Fago K de Staphylococcus]			ribonucleótido reductasa	ribonucleótido reductasa		
211	13447 3	13480 2	1289	MDRKEAMDLLSKAEILFK KHDEFSCVSDINDPMKLF SNSKDAKADDTSKSFQLE FMHDMTMYTLYSGGQL KLIDLAEGYEAQKATVYN 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	13478 6	13510 6	1290	MEKMNSLVDLNLTAIROK KDVIIVMITQDNCCKCEIL KSVIPMFQESGDIKKPILT LNLDAEDVDREKAVKLF DIMSTPVLIGYKDGQLVK KYEDQVTPMQLQLESL	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	PHA02 278	2,95e- 30
213	13531	13590	1291	MDELISKRRYIMRDENH YMLFNEKYNNDRLEKVC	198	Proteína hipotética KgORF84	YP_024514.1	7e-109		No se han detectado dominios putativos conservados		

Figura 14TTT

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.													
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (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 LEVDEKQEKFFFDGEAY DLKPEYKVDFADKIRVSL SVWKMYIYILTSSRDFED VDNVITKLKQQRKIKI		[Fago K de Staphylococcus]		(196/198)					
214	13591 9	13622 4	1292	MSTANRRDIARKISENTG YYIQDVEEILSAETDAISD LLEEGYTKVKNHKFMQIE VIERKGGKAWDGLNKEY FHLNPKAKFKPLKELEE 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	pfam00 216	4.57e- 12	
215	13630 0	13951 8	1293	MKVLILFDHIREEHFVSVK DGSVKSNNLTPNGKTLK KLLKCSNLKRDKTNRDY DIDFLYNAAVPTPIRNDYG KIIKYQDVKAQAEVKPYE RMNNIIDSNSYDMIIIPVGK LGVKYLNNVTAIGKVRGV PSKVTIENGTSSTDVWVL PTYSIEYTNVKNKNSERHV VSDLQTVGKFVEQGEAF KPKEVSVELVDNIERVREI FNKEVKNDNYDGVDTA 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	cd0863 7	7.32e- 72	

Figura 14UUU

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Protéínas homólogas/similares				Dominios conservados			
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				KPLEDFKLWFVTLLRRF SDKIKEIQENKKIAKKEY DVKAPEYKEWLENKLINE TVVELDDTEKKFRVSELE KKYIQLGLSPEIVNMNLV MNDEFISIAEQSPHYMG LSDYAKSYTLNTAINLINE YRDV'KDVVNDIDGGNFN YDWFPIELMHPYASGDTD VCRRIHCDVVKKLKEQDR PKSMHLLLEVNYPRLTSL ARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMANKHATMIRE HWAVKEFEYQYNLYQM ALEEHEKKPKDRDKDIHQ YRDKFKDGKWMFSPSSG DHKGRVYDILGIQLPYDK EYVKEKPFNANVKEADLT WQDYKTDKKAIGYALDN LELKDDVRELELLKYHA SMQTKRNSFTKLLPNMIN KQKRTLHGSFSETGTETS RLSSNPNLQNLPAHTSD VNKFEDYKHPKRSFVSRFE NGVLLGADYSALEMRIIG LFTKDPDMLQSLNGEDI HKATASIVYNKPVVEVTK EERQATKAVNFGLAFGES PFSFAGKNNMEVSEAEIF EKYFQTKPSVKTSIDNVH EFVQYGYVDTMHGHRR FIRSAQSTDKKIKNEGLRQ SFNTIQSGSFLTNMSLT YLDDEFQSRNLKSKVIATV HDSILIDCPPEAKIMAKV THIMENLPFDLKAIEDG									

Figura 14VVV

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares					Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
				KEVQYPIEADMEIGLNYN DMVEYDEEIDT									
216	13958 8	13983 0	1294	VNTGEIRFNRSMDWEIITS MYQDELGEMNIVVTFYN REENKHGSTVLPTESTTGE VAEELASLEEEYPLALPLS SISVNI	80	ORF181 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240959.1	2e-36 (77/80)		No se han detectado dominios putativos conservados			
217	13984 7	14032 9	1295	MEIHDSLDFTNFTIKDRN GNSQEFIDITDELRITEYTIQ EDFMQOSAKYAFWASILE KVRAYSEMEQRNLETIGS KLNLTIRQYEQQGKKPT KDMIESVYIHDSYQQQL KVVEAWNYKVQLQYV VKAFETRDRMMIQLGAEL RQTNKNGGITNPFESH	160	Proteína hipotética KgORF91 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024519.1	6e-90 (160/160)		No se han detectado dominios putativos conservados			
218	14041 6	14168 7	1296	MDFNQFINNEASKLESNN SSFNNVESYKPKNPVLR LGNIKDANGNKVVKENA FVRVLPAAQGTNVFFKEF RTTGINSKKGDSQGFTG LTLPAEEGSSVLDPIYQD WITNGVQFSRFPNKPGR YYIHVIEYFNNGQIQPKT DAQNVMIQPMELSNITG YKELLANLKDITMLKPSN APHSFISANEAFVNI/KA KKGEMSWKVSVPNAPL GALPQGWEEQLSDLDQL AKPTEEQNPVFNELINN VNNTLSHDNFKFNRETN VLGEFSEPKQAPTOODV	423	Proteína hipotética KgORF92 [Fago K de Staphylococcus]	YP_024520.1	0.0 (421/423)		No se han detectado dominios putativos conservados			

Figura 14WWW

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares					Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E	
219	14174 9	14301 4	1297	DSQMPNSNMGQPNQPOQ GVGGYAOQGSNGGQ QLQGTQPINNTQFGGT PSGQPSNTGSVDWDL AQOQSQPDSNPFDFVS SVDDSQVPFETPQNTQQ APEPHOTTQEPKQKQTK SIDDVLGGLDLNL									
				MARAKKGKEVDLTDLNT IDLKELGLTLLSDSNRA DIKNIVPTMVPQYDRILGG GIPLGRLTEVYGLTSGKS SFAVHLSRISTQLGVITIWI DIEGTADNNRMEQLGVD VSKLFSIQAGEGRLKNTV ELSVETVGKELDYWIDTF NEKAPGVPIFIWDSLGLAT RTQAEIEEGVDHRKLGTK ATATQKVINA VSPKLNNT NTGLIVNQARDNLNMSN PYDDPIKSTGGRAFEHGA SLRLKITKGESDLKOSDS MTGKPTYKGHVMRVETK KSKLSRPGQKAEADLLSG YEVGSGSDITQLNGIDPYH TIYKEAVERGLITKGTWR NYITLNGEEIKLYDKDWV PRLIDDHLYELFSRVYV EHFPNGYSPLLNTKVVITQ LEEQALENYEWEWAKD 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	cd0098 3	6,13e- 22	

Figura 14XXX

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

orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos :	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E
220	14301 8	14337 1	1298	MYNLIKNNMRQVKESLG NANSSDVLPLPYKDIAKK FEEVKEKGEIIEGGFPY TDSTVMYIEHVTDRAWG GYSLRHEGEEVKVPKTIH FSDIYVKDKSHKVRIFEG ANPYEEG	117	ORF121 [Fago G1 de Staphylococcus]	YP_240963.1	2e-59 (114/116)		No se han detectado dominios putativos conservados		
221	14335 8	14402 0	1299	MKKAKNGNRYVIDIDGIP VDFERDLDSLNRKCLR WSLYHKYAGILSNDFERQ ELREYIDEQFIKLVKEYNI RSKVDFPGYIKAKLTLRV QNSYVKKNEKYKRTIIG KKDYTVESLTEDLNEDFE DNQIMSYVFDIEFTEVQS ELLKELLNPEREDDAFIV 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	14411 4	14499 4	1300	VRIEKHKIKNNKVINEMSI TANNLYNHANFILQNFF NNKTNKGYRKFLNYNTH RILKNMNEENYIKLPQTS QQVLRDLINNWSFRKSE KDYFKNPKNYRNPFPKPK YKAKGGKGTIKFTNQCCR IHKKDGLIHLPTPLQDITIK PYKAKNIRELVCIPKSDYF EVLVCYKEENSNTLNDN ENIASIDLGLDNLITMVS VDKPIINGKGLKSKNKYF NKKIRYYQSLQNNSSYS KRILKYWEKRNHILDYF	293	Elemento IS Dka2 orfB [Archaeal Virus 2 hipertermofílico]	YP_003773391.1	5e-18 (109/405)	Transposasa	orfB_IS605, transposasa probable	pfam01 385	2.87e- 36

Figura 14YYY

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.												
orf	Posi- ción de inicio	Posi- ción de deten- ción	SEQ ID NO.	Secuencia de aminoácidos : HKATNEVVVKYCVKNDIS KVVIGYNKQQYKSKLK	Tama- ño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
						Nombre [organismo]	Acc No	Valor de E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor de E.

Figura 14ZZZ