

(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 lisán 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

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.

30

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 endolisinás 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.

35

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

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 químicos 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 químicas, 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*.
- 5 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).
- 10 10 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.
- 15 20 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*.
- 25 30 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*.
- 35 40 45 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*.
- 50 55 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).
- 60 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*.
- 55 65 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, en 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.
- 60 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).
- 65 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 se 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 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)).
- 10 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 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. capititis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylosis*, *M. luteus*, *B. subtilis*, *B. pumilus*, *E. faecalis*, *E. hirae*, *E. faecium*, *E. avium*, y 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 20 25 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 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, meticilina, nafcillina, oxacilina, cloxacilina, vancomicina, teicoplanina, clindamicina, cotrimoxazol, cefalosporina, polimixina, cefaclor. Cefadroxilo, cefamandol nafato, cefazolina, cefixima, cefmetazol, cefonoid, cefoperazona, ceforanida, cefotanme, cefotaxima, cefotetán, cefoxitina, cefpodoxima proxetilo, ceftazidima, ceftizoxima, ceftriaxona, cefriaxona moxalactam, cefuroxima, cefalexina, cefalosporina C, cefalosporina C sal sódica, cefalotina, cefalotina sal sódica, cefapirina, cefradina, cefuroximaxetil, dihidrocefalotina, 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 tratamiento general.

40 45 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 epidémica). 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 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).

55 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.

5 10 6. Breve descripción de las figuras

FIGS. IA-IB: 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.

20 25 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.

35 40 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.

50 55 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.

50 55 60 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 meticilina 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. xylosis*, *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 Bl, 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, 5^a 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.

5 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 10 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.

15 6.2 composiciones antibióticas

El bacteriófago aislado o los polipéptidos de la presente invención pueden administrarse solos o incorporarse en una 20 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 25 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 hidrofilicos 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.

30 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 35 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 40 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 45 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.

50 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 5 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 aeruginosa*. 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*.

10 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 15 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 20 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.

25 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, 30 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. 35

40 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, 45 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.

50 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, 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. 55

60 En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/088, F510/08 y/o F44/10. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/088, F44/10 y/o F387/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F387/08 y/o F170/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F170/08 y/o F168/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos comprende F394/08, F488/088, F168/08 y/o F770/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F770/05 y/o F1245/05. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos que comprende F394/08, F488/088, F1245/05 y/o F391/08. En ciertas formas de realizaciones, el cóctel de fagos 65

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, 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, rodoestreptomicina, estreptomicina, tobramicina, apramicina, rifamicina, naftomicina, mupiroicina, geldanamicina, ansamitocina, carbacefems, imipenem, meropenem, ertapenem, faropenem, doripenem, panipenem/betamipron, biapenem, PZ-601, cefalosporinas, cefacetriilo, cefadroxilo, cefalexina, cefaloglicina, cefalonio, cefaloridina, cefalotina, cefapirina, cefatrizina, cefazaflur, cefazedona, cefazolina, cefradina, cefroxadina, ceftezol, cefaclor, cefonicida, cefprozilo, cefuroxima, cefuzonam, cefmetazol, cefotetan, cefoxitina, cefcapene, cefdodoxima, cefdinir, cefditoren, cefetamet, cefixima, cefmenoxima, cefteram, ceftibuteno, ceftiofur, ceftioleño, ceftizoxima, ceftriaxona, cefoperazona, ceftazidima latamoxef, cefclidina, cefepima, cefluprenam, cefoselis, cefozopran, cefpirome, cefquinoma, flomoxef, ceftobiprolo, azitromicina, claritromicina, diritromicina, eritromicina, roxitromicina, aztreonam, penicilina y derivados de penicilina, actinomicina, bacitracina, colistina, polimixina B, cinoxacina, flumequina, ácido nalidíxico, ácido oxolínico, ácido piromídico, ácido pipemídico, rosóxacin, ciprofloxacina, enoxacina, fleroxacin, lomefloxacina, nadifloxacina, norfloxacina, ofloxacina, pefloxacina, rufloxacina, balofloxacina, gatifloxacina, grepafloxacina, levofloxacina,

- 5 moxifloxacina, pazufloxacina, sparfloxacina, temafloxacina, tosusfloxacina, clinafloxacina, garenoxacina, gemifloxacina, stifloxacina, trovalfloxacina, prulifloxacina, acetazolamida, benzolamida, bumetanida, celecoxib, clortaldiona, clopamida, diclorfenamida, dorzolamida, etoxyzolamida, furosemida, hidroclorotiazida, indapamida, mafendida, mefrusida, metolazona, probenecida, sulfacetamida, sulfadimetoxina, sulfadoxina, sulfanilamidas, sulfametoazol, sulfasalazina, sultiam, sumatriptán, xipamida, tetraciclina, clortetraciclina, oxitetraciclina, doxiciclina, limecciclina, meclocciclina, metaciciclina, minociclina, rolitetraciclina, meticilina, nafcicina, 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 25 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.
- 30 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.
- 35 40 45 50 55 60 Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden administrarse por inhalación, en forma de suppositorio 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 contenido 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 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 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 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. 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 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 propelador adecuado, e.g., diclorodifluorometano, triclorofluorometano, diclorotetrafluoroetano, un hidrofluoroalcano como 1,1,1,2-tetrafluoroetano (HFA 134A.TM.) o 1,1,1,2,3,3-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 5 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 suppositorio o pesario, las composiciones terapéuticas pueden aplicarse tópicamente 10 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.

15 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. 20 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

25 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 30 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. xylosis*, *Micrococcus luteus*, *Bacillus subtilis*, *B. pumilus*, *E. hirae*.

35 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) 40 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.

45 *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 50 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, 60 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.

5 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
 10 *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
 15 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
 20 *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*.

25 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*
 20 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
 25 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.

30 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
 35 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
 40 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
 45 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,
 50 dos, tres o más otros fagos seleccionados de F44/10, F488/08, F510/08 y/o F770/05.

55 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
 45 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
 50 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
 55 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.

60 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
 65 *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
 70 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.

5

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.

10

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.

15

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.

20

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).

25

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.

30

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.

35

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.

5

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, 10 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 15 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), 20 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., 25 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 30 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 35 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.

45

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

65 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: 489-495 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 hidrofilicidad. Al igual que con la hidrofobicidad, se han asignado valores de hidrofilicidad a cada aminoácido: arginina (+3.0); lisina (+3.0); aspartato (+3.0 + 1); glutamato (+3.0 + 1); serina (+0.3); asparagina (+0.2); glutamina (+0.2); glicina (0); treonina (-0.4); prolina (-0.5 + 1); alanina (-0.5); histidina (-0.5); cisteína (-1.0); metionina (-1.3); valina (-1.5); leucina (-1.8); isoleucina (-1.8); tirosina (-2.3); fenilalanina (-2.5) y triptófano (-3.4). Moléculas equivalentes pueden obtenerse mediante la sustitución de un aminoácido por otro cuando sus índices hidropático y/o hidrofílico están dentro de \pm 2, preferiblemente \pm 1, o más preferiblemente dentro de \pm 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 aislar 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, 5^a 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, 2^a 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) contenido 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.

50 7. Ejemplos

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

55 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, 5^a ed. CRC Press (2005).

60 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.

- 5 El CsCl fue eliminado de la preparación de fagos purificados y concentrados mediante diáisisis. Se preparó una membrana de diáisisis, Cellu.Sep H1 High Grade Regenerated Cellulose Tubular Membrane (Cellu.Sep, River Street, USA), siguiendo las instrucciones del fabricante. La diáisisis 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 diáisisis, el fago suspendido fue retirado del interior de la bolsa de diáisisis y almacenado a 4°C.

10 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 15 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 20 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%.

25 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 30 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).

35 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 40 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 (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 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 50 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.

55 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 | $2,72 \times 10^{10}$ | 3 | 26 | 8 | 11 | 0 | 52 | 48 |
| | $2,72 \times 10^8$ | 1 | 5 | 6 | 1 | 0 | 87 | 13 |
| | $2,72 \times 10^6$ | 0 | 1 | 3 | 1 | 1 | 94 | 6 |
| | $2,72 \times 10^4$ | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 | 97 | 3 |

7.3 Ejemplo 2: bacteriófago f394/08

La comparación de los 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. lwofii*) 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 sp.</i> cepas (n=100) | | | | | | Total de cepas infectadas (%) |
|---------|--------------------|---|-----|----|---|-----|----|----------------------------------|
| | | ++++ | +++ | ++ | + | pfu | - | |
| F394/08 | $2,2 \times 10^9$ | 67 | 3 | 1 | 0 | 0 | 29 | 71 |
| | $2,2 \times 10^8$ | 66 | 1 | 2 | 1 | 0 | 30 | 70 |
| | $2,2 \times 10^6$ | 9 | 38 | 8 | 0 | 0 | 45 | 55 |
| | $2,2 \times 10^4$ | 0 | 7 | 1 | 0 | 32 | 60 | 40 |

7.4 Ejemplo 3: Bacteriófago F488/08

La comparación de los 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 ECO (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).
- 10 15 20 25

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 (++++) de lisis. 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 PSA (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).
- 35 40 45
- 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 putativa (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).

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.

5

Tabla 5

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

7.7 Ejemplo 6: Bacteriófago F387/08

La comparación de los 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.

15

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).

20

25

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 (++++) en cada punto. 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.

30

20

35

Tabla 6

| fago | Título (ufp/ml) | Sensibilidad a fagos (%) de cepas KLE (n=100) | | | | | | Total de cepas infectadas (%) |
|---------|----------------------|---|-----|----|---|-----|----|-------------------------------|
| | | ++++ | +++ | ++ | + | pfu | - | |
| F387/08 | $1,0 \times 10^{10}$ | 1 | 38 | 20 | 9 | 0 | 32 | 68 |
| | $1,0 \times 10^8$ | 0 | 10 | 14 | 9 | 0 | 67 | 33 |
| | $1,0 \times 10^6$ | 0 | 2 | 2 | 0 | 1 | 95 | 5 |
| | $1,0 \times 10^4$ | 0 | 0 | 0 | 1 | 2 | 97 | 3 |

7.8 Ejemplo 7: Bacteriófago F125/10

La comparación de los ORF putativos del genoma del bacteriófago F125/10 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que aproximadamente el 87% del ADN del fago F125/10 es altamente similar al del 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.

15

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

- 5 1. Bacteriófago aislado designado F125/10 que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico
de SEQ ID NO: 1074.
- 10 2. Composición farmacéutica que comprende el bacteriófago de la reivindicación 1 y un portador
farmacéuticamente aceptable.
- 15 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*.
- 20 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.
- 25 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.
- 30 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 cultivo
 donde 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.
- 35 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.
- 40 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.
- 45 9. Cantidad terapéuticamente efectiva de la composición farmacéutica de cualquiera de las reivindicaciones 2-3,
para su uso de acuerdo com 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.
- 50 10. Bacteriófago de la reivindicación 1, para su uso de acordo com la reivindicación 8, donde dicha membrana
mucosa es una membrana mucosa del tracto respiratorio superior o inferior.

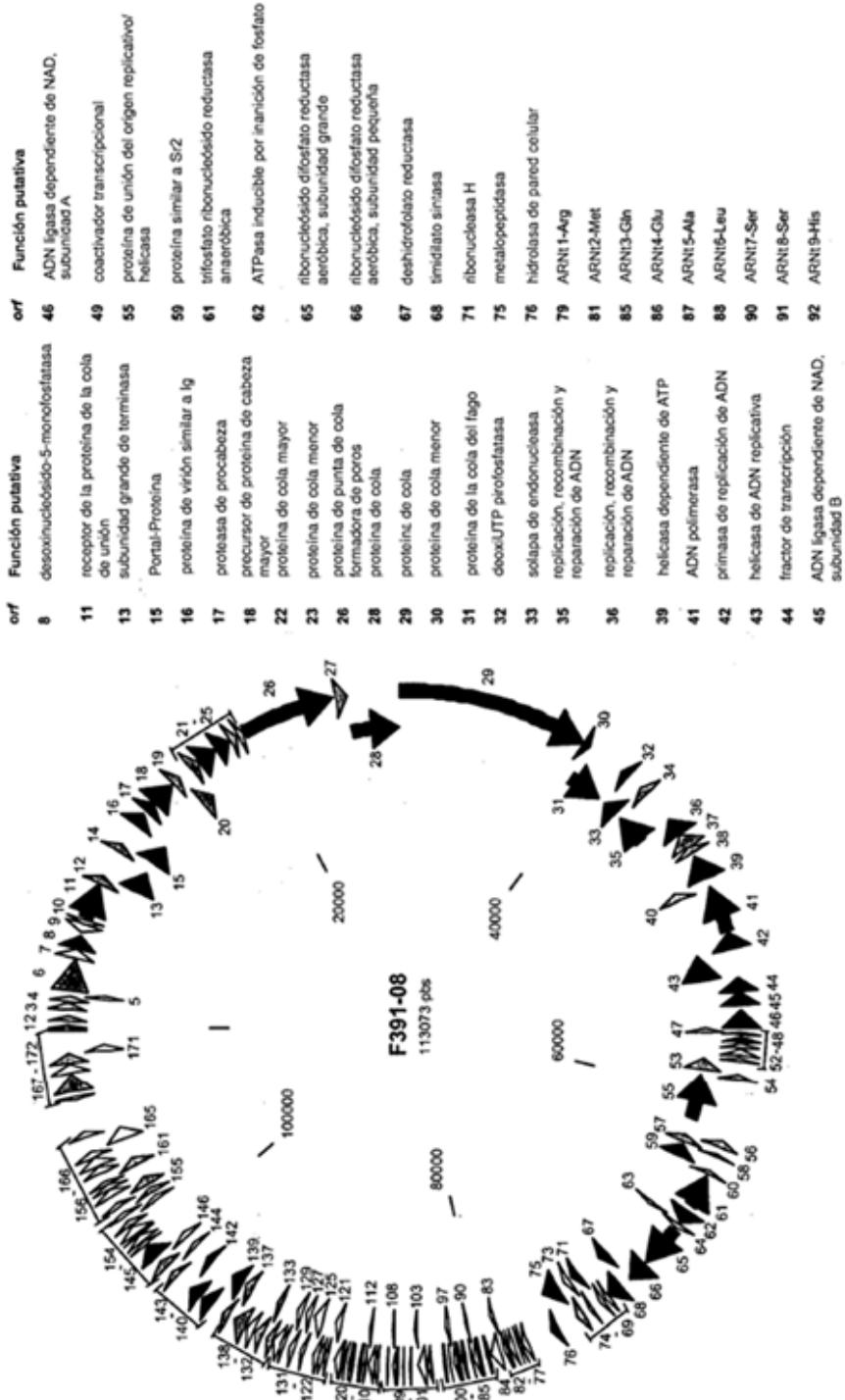


Figura 1A

Figura 1B

| orf | Función putativa |
|------------|--|
| 93 | ARNt10-Arg |
| 94 | ARNt11-Gln |
| 95 | ARNt12-Met |
| 98 | ARNt13-Ile |
| 99 | ARNt14-Met |
| 100 | ARNt15-Vai |
| 104 | ARNt16-Asp |
| 105 | ARNt17-Asn |
| 106 | ARNt18-Cys |
| 108 | ARNt19-Lys |
| 109 | ARNt20-Pho |
| 113 | ARNt21-Leu |
| 114 | ARNt22-Pro |
| 115 | ARNt23-Thr |
| 116 | ARNt24-Gly |
| 119 | ARNt25-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 | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------------------------|---|--------------------|------------------------|----------------------|---|--------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 1 | 52 | 240 | 5 | MKRVISSKPAAKLNUKMASSELVK MQRDMARRYRSYORGQQQGIPMI WDNNMMRVLKSLQNNV | 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 | MQNVKTPMIGDSVFIPFTGDVSKP GENEKIGYKGAAMIPFDKINAVYAE TEKAKNSDAKISYVRVSDGDVVKV RKDDKWLAVA | 86 | Proteína AGC_0006 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001836929. 1 | 8e-18 (53/87) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 3 | 1007 | 1411 | 7 | MTATKTEFAVINETNAATAVEMYE KIASDGLLEVANSQGLIDIAKAVGAE SHVKVRSKLVSAKVYQKSDKPKV GGGSSSLRKAHYVRVLTOHADGGLI DADGLASLEFOAKLQLDQDVIAVM GVODEVKESEAE | 134 | A2 [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006834.1 | 8e-44 (88/133) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 4 | 1479 | 1748 | 8 | MALIKGSVVKLIGTVDELIQTYQD NKUMTPPSVKVEPYVWVNPDAD TGFMAINREVFKPEMLESSREIYL NYAFSVEEKEVKK | 89 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 5 | 1745 | 1972 | 9 | MIFFPTESLILIAQFFAACLYYYN FMEIGSEOTDLRRDFWFKAASICR RWMSUFIILAVTFGISASIPAV | 75 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 6 | 2056 | 3732 | 10 | MIIAIEKKOKAILTAANILNFWGKRLR AKKLEICDELSKEHYGTAKHSSEIC DWLDNSNKVKPAAEKRAQRVAE DSRPVVAAGQLNNSSVNKVPGRR FLTSIQNNTPHANFWVTLQEAK YLGATLLVSKYAYANKKGFQNGQCN DELKYDDAASFDFICIDENFLGNRET GEAFMAENILPTADFPISGEGETAT AYGLKGLAIGHAKITAESPANKGD TURRMYSTGTATLKNYQOKAGOK AEALHNYGALLVEIDDNGNFARQI ETMDESGMFYDOLNHKFVTNGGEE VTGHVAALOLOGYDIHAELDHAVAF SWGPCCDSLVNLRPYQVHDVH DFTSRNHHRASGVFLAKQYAAGR DKVIDDIDTGRVLEAMEREFSQTIV VESNHDLASRWLDSKANIODP ANAHLYYRINAAYEAIENKDDTFN VLDYALRNVAAGCDFAALPLTTDESM KUAGIECGSHIGHINGARGNPKG FRKLGKMTGHTHPTSIYGGYTA GVAGSLDMGYNINGASSWSQTHLT | 558 | A1 [Enterobacteria phage T5] | YP_006832.1 | 0.0 (402/559) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 2A

| | | | | | | | | | |
|----|------|------|----|--|-----|---|-------------------------------|--------|---|
| | | | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 7 | 3801 | 4253 | 11 | YENGQRTLIDFKDQGVFFA | 150 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 8 | 4327 | 5043 | 12 | MKLTFIYNNRKSFTASNVVENSIVS ALAAILPRPAEFEKESGVNSOLVAADS ILYEADICEVEIDAAGAAGLMFIVVSE NDYDTYLGGDVMIDSSSEYTPL AVPMMATRIPKAELADALTLFF | 238 | Desoxinucleósido -5'-monofosfataza [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_0066829.1 (142/231) | 2e-31 | Desoxi- nucleósido -5'-mono- fosfataza |
| 9 | 5660 | 5199 | 13 | MAENKLAIAKIKLWLIDLGTVINSAF R VFPCMDKGNLDLNMYREKACVH DAIMTDTLLPLVEMYMASLNIDPTVL NIIVTARYMGSDDYFLRKQRIRAG RGGNQIILSRDVLRVYIGDADYKEV YYSKDIYKTHYFEMILKAEPYNATI TMIDDNRGVLAAAAGLQLMTDAT AINDLISIGVRLAGESFIDEALDDN DYQYCERLAHCWEGMTEERSD YGIKPQFQIQLAIAS | 153 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 10 | 5888 | 5664 | 14 | MTLVLIFFFIAAVWFYRAHDLR NAVVAADLRNKLHDEILQTRAER QVAISKHORVMNDLNRDPSNPYYI PPVTPQVAKRKOKRAGSONSRKV GSPSNSGSSRSDDGSTAAMATA AVATYSGYDSGSSYCDGSSSSSF DSGCSE | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 11 | 6002 | 7978 | 15 | MEEVIGALVLSIVLFLVITYVKOGKA QLERTINGVLOKSYDNTTRLLHKAJ LNLSCEKALESANKYTKGMV MGFYAGRIGDQKVSLTSQNNKKDV NNHTNPWGWDTFHSQMPHVVLET HERDWIDGGDWYRCRTMPDRIQ VLSADYDRVLTVEFEDGTRFY AGTMASMKTNVCAASADLHMDSY FEEPTGTINKEURDGTCAYTMGV NSEWGDQGPQPGVAPIRPNFETII GTSLG/GAKAYNA/YFSNTVGS/AS KAGWVLYRGAFESGNAGSV/SPPNR PLTIGDAMRHPWMRTTGVSNCIL RGETLNRMYGHMGPRYQGQSSNP VGGPYAHNIQTESYQEVQYKAGFF RGPPNFMGWENTTONNAGSGW GINNAYRDNNFRVPRVRYWITNM KYNGGQFYAEVNGFSRNQEIKSP REFVINGINLMNTGKWEFINONDINY SPGNRPDQIVATNVARFSGNPTVG NNGYVHFNGBLTRPDNGAEGQG NVSEMHHVTTGVYNNFRSDAQWYV KSNPPEIGNOWGPVWSESTRPLRL VGGTGSADIGGNLRTSGNASHHLA | 658 | Receptor de la proteína P05 de la cola de unión [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_0066825.1 (269/674) | 1e-127 | receptor de la proteína de la cola de unión |

Figura 2B

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|-----|--|-------------------------------|---|
| | | | | | | | | |
| 12 | 7989 | 8462 | 16 | MSNDLVPDTMASPEGMVIEAYLES GSDVAKAALAVGMEEPKFREIMRK PEVKAYLTDFMESGFNRDKFFGI LDTVLTMKMEELEDTGMGSEMDIM DILKLMHKMMKDEAMKMQIEYEVK QAKAPIHQINTQINLAGHDNSYT DLLSRIVGACK | 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 | MEIRSYINTTDVDFGVDFKRFKKF PVSGLLATEGVIPNGPOCAINALED PRHRFVTAACVSRRVGKSFIAYTLGF LKLEPNVKVLVAPNYSLANIGWA QIKGLIRKYGLQTERENAKDKEIEELA NGSLFKLASAAQADSAVGRSYDFII FDEAAISDVGGDAFDIOLRPTLDPK NSKALFISTPRGGGNWFVKRYEFG REDLPQWVSHGTYRDNPVRSLAD) FEARKTVSKNYFKOYEADFSVFE GOIYDFTSVSEHVDLAGMGHFFA ADHEFETLGIIDVGYRDPPTAVLTICKY HYDQDVYILEEYQQAEKTTAQHA MYIOHCIDRYNVDRIVEQDAAQFR QDLYEHESIASSPAKKSVDLGLACL AALFOOGKINDASCTALIHANONYK WFOQEGEELSKREPKHDANSHL CDALRVGYISIISRGK | 438 | Terminasa, subunidad grande [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001837088. 1 (393/438) | Terminasa, subunidad grande Terminasa 6, familia similar a la terminasa 37 |
| 14 | 9970 | 10452 | 18 | LASNVKYKRDASIMRDGKAYQR GNCCAI CDSQENI LELHHYSTVALL KNFAKEFQLDFTSEVLSNRSDF YKHWHWELVEDTVTLCVFHHQTLH KVYKEPLFSANKOKIWKEKORE RCMNNEAPRTSNTGERSFAKWL PTDVKTEKSGFARFL | 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 | MAIRDWLVKLNRGQRIIRLEDVS HRTNVKPTTGKAYSSIEILNRSAN MVIDSAAECSYTGEQYKTTTYGTI RSKTLTLLNVRPNPYMDSSTFRRL IVSDLLFEGCAYIHMDGSSLYHLP ALMEVKADDKKFVNKFVNINNMIDY RVDEUJFVKONGIGGINSQTGQR VATVINSLTREKMLFEKFELDNG TWIGLILETDEILNKLRERKQEELO | 403 | Portal-Proteína [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001837086. 1 (314/396) | Fago de Portal-Proteína 60 |

Figura 2C

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|-----|--|--------------------|--------------------|---|
| | | | | | | | | | |
| 16 | 11660 | 12379 | 20 | LDYNPSTGOSTVILDGGMKAKPY SQISFFKOLDFENDIAREFKDVKCIAL GVQOLLIDGGNNANIRPNIELFYMM TVPMLNKRVCSSLTFFFGFKVTPNT KDVALTPDKEKEAKFVTALVNNGI LTGNEGRIELGYEEELADEQMKIKI PAVAGSATGSQEGGAPNKE EKO | 239 | Proteína de virión similar a Ig [Fago KSP90 de Serratia] | BAH15178.1 | 8e-21 (84/186) | Proteína de virión similar a Ig |
| 17 | 12576 | 13172 | 21 | MIDYKALKALPFINGLPEAHNVFATV KAHLTYQILRKKEYGYAATNSKTVND QFKEAYAEATKPVPUVASNTGAPA SLOVTKTVOLAAATVLPTNAVDNT WKTSDATLATVSSTGLVLTASKGT VKTATAGGKSSESVSIQVKAPEAV VGTMSPKTIEAGTKGLTGTV PANATNKSVTYSADTTKATVAAD GTVTPANLAADSTVITVKTAGVN KTDTAIVTKVPTAGV | 198 | Proteasa putativa de procabeza [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006978.1 | 4e-60 (117/196) | Proteasa de procabeza |
| 18 | 13186 | 14568 | 22 | MONINLNAEIKSKVAKGEVGNDNPPLK IKGANTYITKORAGDVILSEAWFTTS NALKNFMKPNPIMLFGNHHNSRPGKI LDLVPTESGLMVEGEVSAADLIQYS LIRDEVLKTFSGVYKDAEWDDMT ETFIKDLLEISVVSVPCNQDSTF SLSKSVNHNDYMELRKSFYKSQV OPVEOPELSNLKFLVAAGYAKG | 460 | Precursor de proteína de procabeza mayor [Fago EPSt de Enterobacteria] | YP_001837083. 1 | 0.0 (325/460) | Precursor de proteína de procabeza mayor |
| 19 | 14627 | 15139 | 23 | ASQIAEARKFAAEQEAEKLRME DLVAKATEDRKLNAEALELVKNL EKSKOSAEAFVKAMNSQOEETGL KEIKSLLAARENGRSFEDAVGAVAKA MFHQQDFEDEVEKLILLSYVANOK DVF GTKRGEAHLKAVGSSSIEVST EAYETIFSRLRIDIOAKLGTMFEE LPMSKLLTMVMEPEAGEASWVDA STYGITPATVGAEDKTKLSEITFKTY KLAAKAYMTDETEEDAIFTLLPMRR RLEAHAIATEKAFLTGTAAGTPKG LIOFAKODGKVWATTAKADGSVKT AKEIHKLRLRSLGRIHGLDNKLALVV SMIDAYOLIEDEFQDVAQVTTATA IKLQQGVGRIGYALPVSEFFPAKA ASAEFCVWVYRDNFVPRORFV KEROAERORDAYYYTQRLNMRFF ENGUVAGAYAA | 170 | Proteína PMIFMTDSWDWRYTGGLKRDPLESNI PLMIKAANALITOLGIDDFTANVVD LPTKPARKYKVEFSSPPSTUTKIDT | YP_006976.1 | 3e-65 (115/170) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2D

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|---|---|--|-------------------------|---------------------|---|
| | | | QEIQSQQYKNPDPGTLKLKFSPPEG YMEVEFTQTFSTIPDVLAACFL VDHWVKOYRESRTFGGETVTFTNT TKSGVPHEHRTILEYVRL | Enterobacteria | | | | |
| 20 | 15139 | 15900 | 24 | VALGDAQRQVKEQLDQMSEGGSHST KNTVIYSAETMDNHKGDTIGKVSFR FTKPVISDELLNVRSSNLKAVSSSLN LEGDVGVIDNLNSITGKSKIGRK STGRVEVNFGDPSDAODNGYAGAS GASGRFVSYNTNLRALELVAREYL KDMKKAGAQLKFRTRGFRANSLIKD VLLREDAAGAKTPDLNITYNMMLKPY SVFPNAVSTYRGLSLRPFFGARNP QKLIGEAIKAARDLHSRYRIVNQ GT | Proteína T5.147 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006975.1 | 1e-106 (185/256) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 21 | 15900 | 16385 | 25 | MNYRTSIAADALVERLKDDMGSNP TEFTIMYQSRQTYSEFOINEF PYIAVHVGTETGNYLPSAQWVYI EIPILYQEKDDINMOLEKLIADVK SIDTGGNLQYTIMKPDGSTSEAT DMOTSVSTDEGILSPFGFAQNVNT VRYMPILRRALDR | Proteína T5.146 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006974.1 | 8e-66 (113/161) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 22 | 16409 | 17536 | 26 | MSVQLLRNTRIFVSTVTTGFTIKANT QEILVQDDSVWSQSDNSNSTOTLNEA GPKPTRGSORFNDLSLNAEWSFST YILPYDDAGSKOIPDYLWHLGLATG AAVNLAGTTGVONATNLVNFKDC NGYHELAMNIYLTDSWSVIRNC QVGOAEVNVDDIGRTWISNGT RLETLASQPFDPKTIGIDDALYAKIO SSYIKNKLTKLKNMATTGGKTYNIP TGGSFTANNVNTVLYTPNMSRVDV PIGSFTGSFELTGSLTAYMNDAAVG SICLYKOLVSDLKAVIDFEVAILGG EYDTARPAAVLVAKHANI NIPSEITD DVLGVSEEFFKAIFTQMDAGDEGYLG FSSKYKTTSIAKLISSDGNPVTPT | Proteína de cola mayor [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001837079. 1 | 9e-164 (276/377) | Proteína de cola mayor |
| 23 | 17546 | 18433 | 27 | MLYSLMRESRVIEYDGRAYGFDA LSDYTAGTSYEEFKANRRTIHRSSN YAYSKTAQSPSSISLTNFSSNALE GLFLLEMIGFIELDGMYQMPLFNSNI EPKMFSYIINNKNTSLRFDFNCFAIT CDFSLSRKSVPVLNVGIESGYEEVG HPLNSYTLDOQEVLPFLSQVSSN GRVLPGLMSAGMSFQQCQEMRG DRSLFDINKYNNRRAVNELNSSAL ISMYYAKSLQOIDSTHNKPDIGLPIQI RNKYIVVDFPSTRTRKLDTDYVKI | Proteína gp24 de cola menor [Fago BF23 de Enterobacteria] | BAA02226.1 (171/296) | 6e-95) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2E

| 24 | 18437 | 18859 | 28 | M\$INLKDIQALDTKQTIAITYPGLPHEFKL IAVKVNSRKLSSKEIQAEGQENQFVNG LTVADEKLMLIEVPEDRLEDKVEF SIDNAMMLVNRSSAFTWMNSTVF HLDTFRGSKSEPTA | 140 | Proteína AGC_0154 hipotética [Fago EPSt de Enterobacteria] | YP_001837077. 1 | 5e-42 (7/9/134) | | | |
|----|-------|-------|----|--|----------|--|--------------------------------------|---|--|----------------|-----------|
| 25 | 18933 | 19259 | 29 | MCE\$GEEPNEPKVLKRKFVEIHDFPE IAQALTYYNNI SDNYIGDGYPTYL KOKSALLVFDIYGVEDAEKSILO INIFDSHAVAASRKRVEEAIKKSM KSSSR | 108 | Proteína AGC_0153 hipotética [Fago EPSt de Enterobacteria] | YP_001837076. 1 | 2e-25 (56/95) | | | |
| 26 | 19343 | 24421 | 30 | MTDRIRELLVYIKORGSSKAQKQI RDVEAALDGAQOSSSEGLNTSLGKL PGSFATLERSVRSRTAKSLEKLSSTT SITALAA\$IGM\$LGCKFTSEFVDAI VLIKINANLNGVTSAA\$NMASGFDTA ATSV\$ADLN\$RN\$VNA\$KALQ\$ELDA\$HASS VARVLTQTIKAGGLE\$ISSSSAAKAS TDL\$HLY\$VGEKIGNQLARMAEQAO VLAGRS\$LOGLUKADSU\$GAAGEHL\$K AASGISYAVSSMGEEVINKLNLLK LAVKADLASKSIANIAPG\$TKLNSLGT EIQKINTSLATAANT\$VAEIISKIAAL TSLVSSATAAA\$MKT\$VGTGSGLS KLISEISATSAATS\$DISKVTAALK\$KOL NVDATAAGKALOSIKAGANLSSVPT VVGKIGTSMTOLRAQLEG\$V\$VGIK SLNDLSRAFATGGTGNLNPFLNS IRGMIPS\$TOLAKAAVQVNSALS\$KIQ AGR\$VLUQ\$PTOFKAV\$ASLNALETK LASTSQILERGFSKG\$FO\$DMASKSTS SSTRMINNFO\$QKV\$PELNAIEAAIRS AA\$IDKLAUKRILQ\$QAGGG\$NPAA FNMGALVAE\$MRIVT\$EAM\$G\$NM NTTMADMARSTDKV\$SDKL\$TDL\$NSC VRDVNT\$LGGLN\$INSTL\$TG\$KAANR ASRALGNTSGSARGATRNFA\$AALM VTGP\$MP\$LYGJAS\$NVY\$VLA\$KA\$FDQ LKLGDOLNRL\$OE\$GS\$VGA\$KT\$G\$TPI QSLAVALQEATGHAV\$FEEM\$RQA STAAY\$GFD\$AKQ\$SEFALVARRAA TL\$GUDMTDALN\$RVIKG\$VSKO\$E\$ILL DELGV\$TIRLNDAYAEY\$KILNA\$AANT GITYNIQGLTSFOKOCOAYANAVIAE STKRF\$YGLDE\$V\$A\$AKY\$TGPW\$QF\$AANA DSALRKVQQA\$AAKY\$TGPW\$QF\$AANA EVT\$SKAUS\$AAT\$G\$V\$Q\$A\$AA\$ | 169 2 | Proteína Pb2 de punta de cola formadora de poros [Fago 75 de Enterobacteria] | YP_006968.1 0.0 (626/119 6) | proteína de punta de cola formadora de poros | SMC_N. Recf/RacN/S MC dominio terminal N | p\$am024 63 | 4e- 05 |

Figura 2F

Figura 2G

Figura 2H

| |
|---|
| |
| |
| |
| |
| ENGKAPISDFPVNKIVNVDGKVTK DINAANVILTNLTGKDNPMAITQGKK YNNAGGWWMGVDNVDGKAKEFL GNNTQTVRWDGDTLRISGNVWIGT PGGDVDOLETGMQGKQTFAYKLG TSLPSRPLDQVPPAGWAPPNR TAQNQNQVYVQGTLDPKKSPPALV DGTNYSAAQSOWSGVGPVGTGGTDGS NGDYTVQYQISASKPTKPGNINDP SGWSRTPTGTPLWMCGRFNGD TNALTVEGWSDPIRDGEKGATGA TGATGPOGPOGPAGGSVSEVQWSK DGTTNWHRHNFTTGDIYMRQRVGT GGWISSAARAVGEDEGTNGTPGSKG NYIGMFRVAEAKPATPQGTPSG WSDAPPQGNPLWMVKAEFNGCOTN ALVGTWSEPVRIIDGEGIVGVNLYPK KILDOWTGMSNGTMVKNPDTLSF TITNTTESTTSSTGPAHHPVPGSQ GPIVEIPVKPNTAYIFTYEVSTDSTS FVLRDILLEFSITSGSFITNFQELLTG AKGKQEAKIVTRADTKFLSFRPGVR TAGATVTSNLKLEEGIKATAYSVE ASDSIGERKGDDQGQGPQGPQGQNGQ GPQGQNGQPQGAKGDNAKGFLSS LGQTFTYDAEGKLKSDATILFQAQR QINTTANVNTWSAKDEKCGNNTLTST SNTGATLTAANFKTSKSVVWTAVID GITDQITIVRLDDGSNALGLLTNEG STVLANYAGYVONYSTGSGDFKFV YGARDITSECTFSTMIEKNLNDADT SAGKYTLKGMPAGTDVINGWYDLR AVHPTYGAIVRVVATTKSILAKGYD RVITTSFENGNGKGTWSTGVSQGV GATIVAAAGFSKALVISARDICEDANA FPVVAAGQKYLGRWIMIASESKVNI NMGMRIVRAADGIVWDQGTLMIA QGTVVPGGWSYIEKEFTVGSSNTG IAMPWIQMAQSSGSDLGKAYVTDIH IFALEMDGEKGDTGATGATGSQGP QGPOQNGKGDKGDTGATGAQCPA GSSVNQWSKDGSTNWHAQFQP GDIFMROQVNGWVGSAIRAVGED GKNGADGTDGYISMKFIVQDTP GPTGNNPGWSWSDAPPVGSPLWM TKGTMNASQQLQGTWSNPVRLDG TINPNLFAVRKWMAGMTGTEAGTS KNDIEKLAHTLRTSGTDNTAPGCV |
| |
| |
| |
| |

Figura 2I

| |
|--|
| |
| |
| |
| |
| |
| ATPYLGSGAFSHPVTPGKRYLT NIDASEVOTRDTIEW/QANPDSGQ STIEELNTGTSIK/KRTFV/PTGM NYTLRLPSALTNVATTWSKIKLEE GGEKTEYQUEYSDSIVGKSVLVQ WISKDSSSNWHDTFQTGDLFMRO NVDGWGWPPAIRAGEKEGEI/GPDGK KGNYTNIFRISDTKPAKPTGNKPTD WFDAAPPDGSPUWMATATFGNDTN AIIGAWSDPVRIDASGVGENFLAKF EWMMISIQRAEGTGSVSXKNPQDM RFRVTAGPSRNDDAYTPYQGTGTH FIEVSPNTVTLSPMETAVSTRNM LLOFDNGNGGTHARNNOVISTSTGI NSLTITTGANTHLSMRMNSISMNGE TNVLMKPKLELGAAFTAYAHPSDL LGKDGTGATGPQGPQGNTGATG ATGPQGSKGDGTGATGPQGPQGPK GNAGENAKGFALTSDYOSFYDVTY GDIKSATTILFKGLKONTTAGITWSA VNNTGAAVTLMNISGDNRLTAANF GASKWVTTATCDGLSDQTVRLQ DGENVLTAMTNEAATVLANYSGY COSYENAKGQMRYWYGGSTDVTGQ CTFSEGGGRSNVTPSINSANGNYSV TGMLDGTDITEGWVDVKATHPKYG AUTKRAVTKVFLAKSYEMVINTFE NGNKGSWAGALQSVSGPTNQSIISK ALRITARDNLEGRNTRIPVAGGQKR IRFWYNPLGLEE/AIRFRVGIVHRKD GGKGYPSPRTVUTGPAPNSWYF DOETLSDANDEGIAPWFLQDNKT SGSSLGYNLVAIDIHEOLSMGAD GATGPQGPQGNTGATGPQGNKGD TGPQGPQGPAGASVGVQWSKTGN ASDWHTNYATGDIYMRQZQNGVW SSAIRAVGEDGRVGAOGKYTSLRF QVAATKPARPTGNSPANWSDSPP EGSPLWVMVKGEDFSSNQLOGTWS DPVRLDGETVNLNFANKAWIASIT GASGSGSVVAKNPDELRLRITAGS GATDAYTMPSGGDGTFITK/TAGK RYTMISFDTOALEMRMHYFFIOAG ANTTTSFSWIASTTAGRTSWSFTV PAGCDRVSY/RVSLNNPPGTTNV SNIKLEEGDFAFIRNELLIGADG SOGPOGPQGSKGDKGDTGATGPQ GPQGPNGTISAKAFALTSDLSSEF |

Figura 2J

Figura 2K

Figura 2L

| | | | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|-----|--|--------------------|-------------------------|--|---------------------|---------------|-----------|
| 35 | 44527 | 42692 | 39 | M\$WINKLTISHFMSAENVVIEFDN HRVTQLIGRNGLKGSTIGTALELL YKNSRGIIKKDDLFNWHTGSKAYT LEGQFTKODGVNNVKVKVSTAKV TLTKNGEDISGHATOTYKIEEVLA CQFTTFITKLVYQSVGSSLDFLKTID AOKTFFLVNLFIDOEQYKEV\$ERVK AGRKA\$AKSLSLEGSLRTAQSI\$LS SKASLGAPOSEIPPIPVEDEEPLVEEL TEAKVVALAQKOKIASIAKRSSLDM AVOAAEKT\$APENI\$APTSKSEEL LSVTRNLTV\$ATRADDLKRYDFK NAAGKTOCSACGGHILDTSAAQEAM MRRTKEEYDPLYKE\$ERQKLEAEVEE LRKEDRAFKDYSKFNAL\$EQRKAL KEFDEVNGTQDEV\$ASGLAERIKAI ESSIROGRSSVELARTHNE\$VRE NAKEAKRE\$QIOKAEQEFDKIQAEEL SLVAEEVADLILUTGKOLVGYKLE HSVKVFEE\$MINHY\$IMITSGKFALG FELDETKLQVWYNDGNRTSMNC STGQOSRINISTL\$AIRMILLSTISKYN INILFLDEVVSYIOPDGINTLVELLOE EDOLNSIVVSHGITHPYAHKIEVKQ DEAGLSILEA | 611 | Subunidad 2 de exonucleasa probable [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001637064. 1 | 0,0 (377/598) | Riproducción, recombinación y reparación de ADN | COG041 9 | 2e- 12 | |
| 36 | 45503 | 44511 | 40 | MKILFSADHHIKLGA\$K\$VQEW/QK NR\$FLLGEKLD\$EVFGATGCDLH\$IG DIMDVSOP\$SEEVLLFA\$LATLQH P\$GIFTGNHEMK\$KTISCLDH\$YAAAI SDATDG\$GLW\$KVV\$VODYSPEF\$DIPYS SLHKASWKPRV\$SDICFTHV\$GAI\$PP H\$VPEIYL\$ERFV\$E\$HGSV\$KVFAG\$DLH SYKNSQKIGD\$V\$DLY\$PG\$SPLTTSF\$H RERTKG\$TNGAFIDTVLP\$D\$H\$EYHL SWIELGOLPOLIRKTI\$VE\$GPM\$EAD AYD\$VIEVTG\$DVSQ\$KTLKNS\$ELL DKKINNRVTKDAKL\$D\$DM\$LLQEL DTYFT\$AVOKLDEASRTRILKRAEY VDSN | 330 | Endonucleasa putativa de recombinación, subunidad D12 [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006955.1 | 1e-121 (216/328) | Riproducción, recombinación y reparación de ADN | SbcD exonucleasa | TIGR006 19 | 4e- 05 |
| 37 | 46316 | 45543 | 41 | MATK\$WG\$TTGG\$NG\$KDLY\$MKF NNGKAN\$VRVSGVL\$P\$VYWIQN\$ EGK\$PAP\$FECL\$R\$FREK\$ERFIR\$GAS DPVHD\$MG\$F\$K\$DPEKK\$DG\$KA\$Q\$PLRP KKNYLAV\$MDRTON\$KLKME\$YATIL TGHSIMA\$QLNL\$EDP\$GEO\$DIT\$KS\$GT GFD\$TKYD\$VQ\$QIA\$AMQ\$OMAK\$NQP GS\$KE\$AA\$AL\$HEAD\$VALI\$GEAL\$YEADE FEG\$FEK\$V/KPLDV\$TYP\$PSY\$DEQ\$KK | 257 | Proteina D11 [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006954.1 | 1e-88 (161/256) | No se han detectado dominios; putativos conservados | | | |

Figura 2M

| | | | | AIGAWLEGKKDEEGDESKNEGSA NSGNIDHEAAASLD | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|-----|---|--------------------|----------------------|---|---|-------------|-----------|
| 38 | 46672 | 46319 | 42 | MFLFYDEKEIYLARGNSSLIVQIIRR VEDPEAHVMLTGRSLFILNEDETVIN KRPLKSDRQLAEYLGLLSQYIIPWVPRAVIEHH FSKDTSDMOMQYIPWVPRAVIEHH LIAINKSKLTIEEN | 117 | Proteína AGC_0138 hipotética [Fago EP57 de Enterobacteria] | YP_001837061. 1 | 5e-40 (78/116) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 39 | 48232 | 46874 | 43 | MKVIVSNKIKYCKPSNELWEYLKHTS YQIFKPAGAKYPLMFQNISGSVGKEIK WFPVTRDLSLSEFGOKVTEVDKRT LVPMDPKPSFTLRPGDQLPIYEDC NDTCIINGKPGFGKTIALAUAHKLG OCTLVICCTNTTRAMMVEKEVRKFFG IEPGVIGSGKFNIDSPIVSNIQTVNK HGAAUAKEFGTIVIDEVHHCVATT TKFLEOSSARYKIGLSSGTI KRKDGL QMFKDYFGTKVYSPPVNNTMPPT IHRFAALKTOVSGNMNMPWVRAIRAND VVSQEPEYFQQQVVDLCELYSMAGHK VLFSDRDILIERVNAELRGVKTY TTGVTSLDDREQVQDVTNDGPCV LAASQSFSEGVSILNALSCVLGSU NNESELQLAGRVORMADDKLDPL VDLKLGGVGFKQOAAGREAVYRLNG WEVDNFNEKNMANLDKLFAKNPKV V | 452 | Helicasa putativa dependiente de ATP [Fago EP57 de Enterobacteria] | YP_001837060. 1 | 0,0 (304/448) | Helicasa dependiente de ATP | SSL2. helicasas de ADN o ARN de la superfamilia | COG106 1 | 4e- 30 |
| 40 | 48726 | 46874 | 44 | VLNFSLPVYALRAYDVLFEQEYIVI QTRFTRYVLDNPLSPGTFSQRRLFL YGERENLPKYPLIKKOFKYLSQLIN SGLUKHFIDSTGKIVTWKPTTYYNIT EVVRGSTRTRFNGKYOCYVKNVYP FLSEPANPISYALVRGSPVFDTHE EEEPETPLRVRKI | 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 | MKIAVWDKSPNVRYQKHFELFDH EVETFFMASEKVYTGRLKKHITGTP ENPPNPEDFDYVILVGADPFLKA KKGISDYSGKRVEHGYANWIASIS PAOLHFKPEMKPVFEATVESIHAIL NGREKRSKAGDYRPIQCPEAEAY VRKAYYTMCPGMIAYDSETSALYCR DGYMLGISISHQEYQGVYIDAVITE NTVYYLQKLFDSPHEHGIVVFNLKFD DMHFFYCYHLGLSFDAEAEKRLHD TMUIMHYALDERRGTHGLKSLAMKY TOMGDYDFELDQFKETYCHHK KEDFSYDLPKVEIANWPYAKOTDAT LRLSNFLPKVNEANPRLKSYYDV MPGCVFLQRMEDRGVIPSOKRKE | 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 | 51357 | 46 | MSRITELLDKGIEYROTGGDILIRC LNPDHEDAHPSLRVDPDSGVPHCL SCFGGRGIPSIFYFNEEQYRTSPR LLRVARRMISDLRTEGRSLEIPESAMI FDODFRGIKAETKKYFAFOOTED WEGRVVFPITDAVRNLFGLGRNM DSSAPPKYMIRPKVYSPPIFFPVRYN TPAIIIVEGIDMLNLEDKGCHNVS CCFGTHOFSLDNIADEKMPFOAGT THVILDNDKSGNEAAKKLAKLIRD VDCIURNFLLPEGKDPGLDAEE VDRURNVEILLAEHVKI | 294 Primasa putativa de replicación de ADN [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001837057. 1 (215/293) | 8e-130 Primasa de replicación de ADN | COG035 8 UnaS, ADN primasa (tipo bacteriano) | 5e- 15 |
| 43 | 53716 | 47 | MYNVOAVVILKMLLASDKQKOVALET FSRLRKDHFNDAFTAYQAVONYYK KHNGMPSPSLDALMLESNRNARLSQA LTVALANTOIPDVISHAIHVLESEYT QDLFNLNLLETDVQDQTILDQGQELLD RVAALHMKEEFRVTTGKVFNADT MRVFKRKEDSMNLNLSGISNEFDA QLGIQIARKETLLGGWRGTGSIIIC SNIQVAQYNGDAPYFSIEMPENE VFRRNLAIMAGVSAKAMRNDSLOG IELNKLAKTAKMFEGGLEVYNDVF SRTYLNEMNSDFHMETMLMQERP LHTPMVYDPELSTATIVELTKLTS KYGDKVVTIALLDVINGQVLPPDTKLTD MYDWKQQMVVSSTFKSTCOKHNV AGVAPYQIDQQQMARMARGILDSC | 492 Helicasa putativa de ADN replicativo [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001837056. 1 (361/492) | 0,0 Helicasa de ADN replicativo | DnaB, Helicasa de ADN replicativo | COG030 5 3e- 08 |

Figura 20

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|-----|--|---------------------------------|---------------------|---|
| | | | | | | | | | |
| 44 | 53716 | 52228 | 40 | DMAANLNAAKONEGHDGAAKEDFV KTRNSEGATMPKINWNSLURMD TSDLKIEDIOMEAEFVIPLESOKP KDKPKERKKADEDNPTGESSRDL MAAL TNNSEETIASL TAKANALNATV ISOEAVANIAELAETTGKEVTAARS VGSKLRKEGGFEVKASDNTKSPNT PGQDEDELVAFLNDHPCQYTYAA AAVVGGAATVAKOVOGKILSELTA VKPTEXAAVRSFSPOQEAAFINAV ASGASVEAMAOQFERTVKORGKAL SLIREGRIEAMPVQEVSNAKARED VLEGUNIADOMTVAEIAEATGKSERG VKSMSSRRGISAHDGVAKRKL DAKSAK | 252 | Factor pulsativo de transcripción [Fago Ts de Enterobacteria] | AAU05255.1 | 5e-95 (185/240) | Factor de transcripción |
| 45 | 55311 | 54562 | 49 | MKIEPLNCHSCCGSKLDLUNDQFLC RNKSMCPAQSSKLIENFCISKMLK GFGPOTIAKLEITKVSELFPLTKEDL VRAGVOKVATKLELELTETKURQDV DFGSVLGLSISLIGEVAAKKLSQLY NDQSVKAEGKAGENLAWSWKNTP AGQNVNLPIWKFSGAREAQVTPAT ESNGVVLQITGKLNDFKRNADATKV LESLGTYVKTSVTKAVNLUCEDET KUGSSSYKTKVSLGIVLTIKILENK MHNVKEFKLICODAYKGMSISDE EYDALIRPPLLEEIGPKGOYHFLF RMFSLOKYYPGRGEEVFOQIETP KLGDCAISLLYDGKFVSLTRIGNG VLGNDVTHAWKLNNEPKRISQKTPV CITGEVHTIKEVENMRNFASGAINL KDSGEFLSRIAEGCLMFTASYSIQCE TOKVGLTATFCGDMHILLOGDGFV CLDISSRVWDWFPPTDGIVVRMDGN QFNAAGWTNKEPRGAYAIIKEDDEG EVTLTERVEWVQVGASGVKTPVGYF TPVDDAVISKATUNVYGTIALDL EICCOIRVRSGGVPPRVERVYE | 249 | ADN Igasa dependiente de NAD. subunidad B [Fago Ts de Enterobacteria] | YP_006945.1 (181/254) | 5e-91 (181/254) | ADN Igasa dependiente de NAD. subunidad B |
| 46 | 56473 | 55511 | 50 | MOKTILNAYSSPPLQGELVLTWLE KEKGKPVVRTNSGFQMIGMWYEK NWLCELYSPKSKRVMSTFQAVC ENFYWFGKTMFLFDYFFAK MKDHEIAQVNLTEAAKYTAHTQ OLRAHMSSRINNEALKNAODNA MINONICQDYEGHDDOSSHVFED GROIRMVSEFRGNLYGFLRWL | 320 | ADN Igasa dependiente de NAD. subunidad A [Fago EPST de Enterobacteria] | YP_001837053. 1 (234/323) | 6e-136 (234/323) | Subunidad A de ADN Igasa dependiente de NAD |
| 47 | 56748 | 56473 | 51 | | 91 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 48 | 56866 | 56729 | 52 | | 45 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 49 | 57258 | 56950 | 53 | | 102 | Coactivador p15 | AAU05252.1 (68/101) | 2e-34 (68/101) | Coactivador putativos conservados |

Figura 2P

| | | | | putativo transcriptacional [Fago T5 de Enterobacteria] | | | transcripcional |
|----|-------|-------|----|--|--|---------------------------------------|---|
| 50 | 57605 | 57309 | 54 | MINKAQVVAICERKHGEFCMQYTKLRTKGVTLYGTTTEFDPKQDKYLAERIVREGLEPADKDHLVFSRSSSDKFERYIPIANIKRITISNOELDRAFTPVGR | 98 Proteína AGC_0128 hipótesis [Fago EP57 de Enterobacteria] | YP_001837051. 1 (62/68) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 51 | 58022 | 57618 | 55 | MISTPQWPEAELTSAVYAKIELFDEPERPGVSMEIVAEIAKEHGVSPNGLRMKLSKAGVYVKEAGKSTAKTGDAPKAGRTSKSDQAEELRAAFNDAGLEDGFLDESIVDKLTGKAASHLAEAIRKIT | 134 Proteína D3 [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006941.1 5e-45 (92/137) | Arginina descarboxilasa PRK053 54 0.008 |
| 52 | 58315 | 58097 | 56 | VSKYQNLNFQYSEGATTAIRDLYA RLSPNGLVAVNQILENSVCFAAQ | 72 No se encontró una similitud significativa. | | |
| 53 | 59003 | 58308 | 57 | MAIRKKLHANSNIPDEKFKEAIIQWLE EGKTKKGACEILGVASNSTMERLIE EWKDNORVSAEMRKRRKGTRKIEGAELANVIDSYLSGDSFEAAERFYRSANNMIRMLSAHGALLRNGEVDP LFPPAIPESMKVEFEVGEHWWP GYQCIGSEVKALDNPVGAYRVYL SEARQOYN(YMYWIDLASVEHLVAL GVDIKSLGFKWGKEDVAELVNNAV KAALKLEKRKGKE | 231 Proteína D2 [Fago EP57 de Enterobacteria] | YP_001837048. 1 6e-82 (152/223) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 54 | 59320 | 59036 | 58 | MISKRDARVEIRKPKRDKARKA KEIELCRVPIRPLAQMPNITYWLEAQ RKTRLSIRINMELNMGYKSLSEFMH VTFDPTFYENRDCLEAKSVL | 94 Proteína AGC_0124 hipótesis [Fago EP57 de Enterobacteria] | YP_001837047. 1 (34/74) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 55 | 62096 | 59307 | 59 | MFSILEGHAFSRDOPASSWVKEVKY TTDYLFAKEFSNEHPEGPASMPY KFNVIDTVPKLNAYELMVQLT QDPHLYAVRGTCVLAEKAVRRKRT NEKIDHKSNIAIMDVGDGSDTGGCDL RFDIVGMGRHVIKLNSISEDMFPL NAGFIAHASSSSAGIKPGIRMHMLE SNIPVTQQLKFLTSLNIDSSRQKY GFDIADLAYSSVOLHYFADPIFRD QFTDPFKAEGKPRLVKVNGARIELP NTMPDYEATRGFKEEFLSLNQIK GKRVASEVQEQTIAELLEEAEDGYL RIIPKLYHRALEDGVDFAWLEKEITS ALSDYINTKONRSLSODYFFNNGRK QALKAFVNNSMRDIPESAVVKGVPV HKLTDSPDGMMYLKINRPPEGH LTFIKASLGITGKTTAVTKVLERDOL KGNFLAVTNTRALVSSNAAKKFEAG | 929 Proteína putativa de unión del origen de replicación [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006936.1 0.0 (73/929) | DEXDc, superfamilia de helicasa similar a DEAD inteligente 0047 05 3-e- |

Figura 2Q

Figura 2R

| | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|-----|--|--------------------------------------|---|---|-------------------|
| 61 | 66544 | 64715 | 65 | EDVVKLLRCRNLWZDKVOPRTSE CLSEKAQLRKKEEMRNYYMEFL MNELDIDNYSILNONEGEEDLMFN NANKASECOPPTORMIAEGEVSKY VAQELPPAYLAHNREHGEHHIDMY RAQQYTNCCLVLAGMFKNKGTKIG GAEIETPKSISTAAAVTAQVAQVSS COYGGTSIDRIDEVFAPYVRKSYDK HLAIGORWLHDSSKKAAYVATEMTE KEVYDACOGLE YEVNTLNSNGQ PFTVTEFGLGESWEARMLOKAME VIRGLGASGHTAVPKLFAVKEG LNKSPSPNYDIKOLALTCTSKRMY PDYVSTVERTAVTGFDFKPMGCRS FSLAIESGETAGRNNLGUVSINLPV AVESEGYDFREWKLLEDEVIKAMA AHDWAERLKVRRAKQAPIYMHG AFGVRI KANDLWMPFEGRASVSL GYGINELVEVMFEDIPMSPPAIE FAVQVINHMKDRCNKKAETNLGF SLYATPSSESCLCNRFNTKAECOPEY DWLTDKGYLTNSHHLDVTRKVAPN VKFDYEANFTTIANGNISVELPE MRKFIPALEWWWDYGLSKSHYIGVN IPVDECFFCGYLGESYSGEHGFCV PQCGSGNISVTRVCYGLGSPGSR PFNPGRQOEVMORVHKHMLK | 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 c. 180 |
| 62 | 66854 | 67603 | 66 | MRIKAARRKESRNRGSAKRERHEN VIPVDFEARERFOPTAKELKPNAE OKHYISTIRNFNTVYTGIGEAGTGTIF IPSVLAQAELATPGSYVEKFVLRPN EPLGKSIGMLPGDLNEKMAPNLEP IADGFKWALGERSYQGLVERKAIO YLAIEHARGRTFNNSYIVDEAQNIS VEAMKICLTVQGDCKLVICGDUAQ KDIKSDGLOIMDYYQEHVPFSL VELHNVRSAESEAFAQIFNDMGI SHDERPDL | 249 | Proteina inducible por inacion de fosfato [Fago T5 de Enterobacteria] | AAU05235.1 76-98 (173/246) | ATPasa inducible por inacion de fosfato | plam025 62 | 5e- 40 |
| 63 | 67539 | 67718 | 67 | MITCVPLNPKHRSQSLTIWESNMVT ELIIGYGEITSEENWGFVGEGIT SHDERPDL | 59 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 64 | 67733 | 67942 | 68 | MNNVFTLNINFRTKTKVHPVSLAT VNKYNNYPEDERRHAAFKIANE FPNOQPLGTCKEYLSRMKKLHFY | 69 | No se encontró una similitud significativa. | | | | |
| 65 | 68071 | 70395 | 69 | MTQRIEYVIKRDGTKEPMAQKLND WAKYIGIIRSVDWPWSPIVAVAKNL PKGDVHSDDOLTMILSAESMIERD HYDRAFALELRUAQLRKNLFDSTTP PSLRFFDHMVELGAWEDMSGWI | 774 | Difosfato reductasa de ribonucleosido aerobico, subunidad grande | YP_006924.1 0.0 (534/776) | Difosfato reductasa de ribonucleosido aerobico, subunidad grande | PRK091 63 | 9e- 145 |

Figura 2S

Figura 2T

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|--|---|--|--|---|
| | | | | | | | | |
| 68 | 72212 | 73066 | 72 | MGGCDAIYRSTIYPIKAGTVPSLDHI MYLEHPILSTPPDAVVTIASGEN ERYRFVYMEGVYL | 284 VIHYINEGRKRIEFGWVILENPRGTV RCLTIVSINFETDVLGKKPLUTRK AYALQAIMELIGYLRGYDSAEQFRAI GCNTIWANANNEAWLVPNPNRGK TDDMGRVYGVQGRTWLPGDSHF DOLKYIENLRGIDDRGEITFWN PGEFDQGCLRPMCMTHOFSLLNG NLYLDSFORSINDLLGOAFLMVQC YTFALMAQITGNAIRANORIVNM HYENOTYKVALMEHGQFDRKPFPAP GYKSHDPIAYPTIA | YP_001837028. 1 Timidilato sintasa [Fago EPSt de Enterobacteria] | 9e-120 (204/282) Timidilato sintasa | ThyA, Timidilato sintasa |
| 69 | 73073 | 73306 | 73 | MGLFNRRPKITTSERESOLKFLVQ SSGLHDIVLGAVKYGMDALMRQ FAPKPKPNPKPAKRDYNNSNLVPP AKLL | 77 No se encontró una similitud . significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 70 | 73404 | 73679 | 74 | MSFTDAKAMAAKAKRSNDMAVIAA RSIIISNDGSASSGKTEVDSYALN GLPIAARSQIMEDLKDAYEVKVNH PFQDQRTESITISWGHIA | 91 No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 71 | 73679 | 74161 | 75 | MFHVYTGGCCRGNTGVDINVG WAIVVYNSSEQIGTKSAPRNTT NIEMELQAVLEALLWSNKNPGRP MTYLDSTYVKNGCESWWVGWER KGWKKADGDTPLNLDQWKVWDEL KRYRLNHNEIPFTVKVKGHSVGVEG NEAADNLLNVRMTELEMEDM | 160 Ribonucleasa H [Fago EPSt de Enterobacteria] | YP_001837024. 1 Ribonucleasa H (85/160) | Ribonucleasa H | c006222 RNasAH 6e-26 |
| 72 | 74161 | 74322 | 76 | MLENLRLVSEMKYEVLLMPEGVD RVVMKLRIARMEAQIFEAEWKALR GGDEL | 53 No se encontró una similitud significativa. | | | |
| 73 | 74322 | 74672 | 77 | MAPDLROLFPNVPOQLDYAAFL EASKSGNPRLRYRQDRRHGKSWIL RWLKENEPILLKKLSERNSVQRHRT TKVGTSTSQAOKSRONISGGNRYEFI IFDDLVDENEKTOLNNAK | 116 No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2U

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----|---|-----|--|-------------|-------------------|---|
| 74 | 74726 | 75136 | 78 | MAKQTSKKAVETKVATFPKTEANR KARLERHLRKHPADTOAASAVGKP APRKXPKVTKGSTSGYVSKVKGWS TPDKADTKEVLRKTGREGSVKPNI FGCEYSRENVRALCYGVGIKFTGK ANKPRNOKRKPAKKA | 136 | Proteína T5.089 hipóptica [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006917.1 | 8e-31 (83/170) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 75 | 75136 | 76140 | 79 | MIRNFVAKNDFNRAATHKSALDYSR VNSRELHDSCHYEELADWAAADWPS MEENWDVSSEDATKPPPEVASKCD NTSRSNFNPKGNMMMQNLODRWIS VCDIESLGTGPDCKSTHAMPFFFAF VLMKDLSLDPVNLGTPNVAQQLAL GAKVSA GTIAFWNEARAGSAPSL SIIE ALNAKD GESTVLVNCPNTHESP VSKHTFMIDCIPFVEAKQVIEGIDE OQIDTRS LHYHNGPOQFDMSIYET VAAQANVFSPSDPAIIVPMKFWDIS SARNPREDYFEALGGDWKALVRCA EYAHDVIERYNLIPEGVPSKRHDV FDALVEAYCITKIESKLKI | 334 | Metallopeptidasa putativa [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006915.1 | 2e-39 (96/244) | metalo- peptidasa |
| 76 | 76205 | 76666 | 80 | MKAAILMISLTSFHQAOKIDAHEIEC IARNAYFAERGEVGKMTAQAVQT KNRVNYGKFPSYSTCKVYQPSGFS WVYKKKKHKLDRKDEEVKQAEKJAR LVYYMDLPVDPTKGALYFHISKDTK PYWTKDOKFRTSKIGNHVFYKLK SQLPNA | 153 | Precursor de la enzima lítica de la coraza de la espora [Fago T5 de Enterobacteria] | AAX12015.1 | 2e-44 (96/146) | Hidrolasa de la pared celular |
| 77 | 77991 | 78317 | 81 | MNDLSMLTKRSIDESMVSRRSELT KAKQISGGTAKRFTLQAGDIKFDL CGSQOTRDYTFEMKPCYDMVKGLI KALDKQIDQCTDAIKTLVNGFAAAC DLRKNISKV | 108 | No se encontró una similitud significativa. | | | Hidrolasa_2, hidrolasa de la pared celular |
| 78 | 78320 | 78496 | 82 | MVASVHTPPYERPAPNLPEQKQLI ARRTLEFKESLHKSGVRYSEQVHD LVVKTLLY | 58 | No se encontró una similitud significativa. | | | pflam074 86 |
| 79 | 78498 | 78570 | 83 | GCUUCUJUAGCUUCAGAGGAJAGA GCAACGGGUCUUAACCGUGG GUCACAGGUUCGAAUCUGUAGG GAGUA | | | ARN11-Arg | | 7e- 23 |

Figura 2v

| | | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
|----|-------|-------|----|--|-----|--|--|---|
| 80 | 78725 | 79018 | 84 | MAYKIEYLKKGVLTTELVIDANMARN EGTKSVFYKODGSVARMINTEDIOL YVIDEEAAGFVKDPEPAIDPTEDT PVADTTTEEPVVEGTPDEAAV | 97 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 81 | 79051 | 79122 | 85 | GGGCCGGGUAGCUAAAAGUAAAAG CAGUGGCCCUAUAGCCAACGAG UGGAGAGUAGAGUCUCCCCUGG CCCA | 65 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 82 | 79147 | 79344 | 86 | MSTKNAIVSFVDDDSIVILESTVTDIS PKRLLHRGDILELNKRSEETMLVIP VNRLLSIKNWED | 69 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 80 | 79344 | 79553 | 87 | MDAQLQTOYYMILGMLEDAGPTV RGHYERIKAFAEFLKEVNENEGG KGSDSYAAFLQVFLNQLK | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 84 | 79564 | 80058 | 88 | MLNIRKRGFFYKWLNFSASSETYRL NDNIRVTLCISLFWHISWVFLQIG TAIAVLFLSLGMGSILSTFLGLTFELGI TPWYMLVGLSLAGLSTIAILLAIAGI GWACAKIGDRIQEWNSKSFERAQ KEYNARDEELRFGNINYQKMRYKKD KLCLPLIRVDHGE | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 85 | 80153 | 80225 | 89 | AAGGGAAUAGCCAAGUGGUAG GCAUCGGGCCUUUAGACUCCGAGA UcgguaAGGUUACACUCCUUC CCUUG | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 86 | 80239 | 80312 | 90 | GCUCCUGGUAAAGCUGGUAA GGACACCAACUUCUACAGUGG GAACACCGGUUGAACCCTGG GGGAGUACCA | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 87 | 80589 | 80667 | 91 | GGGGGAUUGGGGUUCUGGUAG GGACACCCGACUUGCAAUGCGG GAAGCAGAACGGGUUCAAAUCCGU UAUCCUCACCCA | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 88 | 80675 | 80761 | 92 | GGGAUUGGGGGAAAAUUGGCAAG CCGGCGUAGAUUAGGUUCUAG UGGUGAAAUAUCCGUUGGGGU CGACCCCCUCCAUCCUACCA | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | |

Figura 2W

ES 2 956 367 T3

| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
|----|-------|-------|-----|--|----|--|---|
| 89 | 80779 | 81015 | 93 | MNIEIMOLDRKKNFREFKVTHTFPSKE ALEFHICMIGLVLPESEIFDLACAN GVLVWWEITYHADPDEIIRKEVEQL TGE | 78 | No se encontró una similitud significativa. | |
| 90 | 81007 | 81091 | 94 | GGAGAGUAGUGGUCAUGGGAGC AAGCUAGACUAGAAUACAGUCGCC AUCCGAAAACGGGAGGGGUICGA UUCUUUAUUCUCCGCCA | | | ARNt7-Ser |
| 91 | 81099 | 81184 | 95 | GGAAGAGUGGUCAUGGUAGC CACGCACUGCUAAUGGUAGAG UCCGCAAGGGCAUGAGGUICGA AGUCCUUCGCUUUCGCCA | | | ARNt8-Ser |
| 92 | 81444 | 81520 | 96 | GGGAUUAUUAUAAUCUGGAAuAA UGACCUUCGAUAGUGGAUCGGAGU CUAUCLGUUCUGGAUCCAAAGAU AUCCCUCCA | | | ARNt9-His |
| 93 | 81528 | 81602 | 97 | GCACCAUUAUAGUUUAUAGGUAGA AUAUAGAGCUACUGAACUCUAUAGG UUGAGGUICUACUCUCGAUGG UGUACCA | | | ARNt10-Arg |
| 94 | 81732 | 81807 | 98 | UGGGGUUAUAGCUCAGUAGGUAG AGCGGGAGGUUCUCUGAAGCCUAG GuCACAGGUUCGAUUCUUGUGC CCCUGCCA | | | ARNt11-Gln |
| 95 | 81810 | 81886 | 99 | UGCACCGUAGAGGAGGGCUC CUCGCCAGUUCUAAAGCCUGGA GAuCGCAAGUUCGAUUCUUGCCG GAGCAUCC | | | ARNt12-Met |
| 96 | 81900 | 82084 | 100 | MMRISFTTERVLGTGVMLITSWDGD SWCNVTGLRSEQTOPENIAKIKKR MAEAAASRPGPAPRNKR | 64 | Proteína hipotéjica [Bacteriófago 5] | CAE53211.1 2e-18 (41/63) |
| 97 | 82081 | 82260 | 101 | MVNVEITMTRYQGMILINTTHIEIVF LAPAFHDYNEAEEDARIAKHPDE EICVRQQQ | 59 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 98 | 82262 | 82337 | 102 | GCUUCAAUAGCUCAGUUCGUAG AGCAAACGACCGAUUAUCGUUAG GuCACIGGUUCGAGGUACUUC GGAGUACCA | | | ARNt13-Ile |

Figura 2X

| | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|---|--|---|--|
| | | | | | | | | |
| 99 | 82495 | 82571 | 103 | GGUCAGUUGGCCAGAGAUGGUU AUGCACUCGUUCAUCGUGAGA CUACAGUGGUUCGAGUCCACUAU UGACCACA | | | ARNt 14-Met | |
| 100 | 82575 | 82650 | 104 | A GUUGCUUAGCUCAUCGGGAG AGCAUCGUUUUACACGGCGAG GGUAGCUGGUUCGAAACAGCAG CAAGUACCA | | | ARNt 15-Val | |
| 101 | 83285 | 83566 | 105 | M EKTTATGIESALNDWAGWDGDH EWAVFYSTCLOPELWTLTDEHA MPYGIIDVIEINKLVGTMVRAEG DHKEIFRKSIKLVSTGDFI | 93 Proteína AGC_0078 hipotética [Fago EPS7 de Enterotacteria] | YP_001837001. 1 3e-09 (31/87) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 102 | 83587 | 83964 | 106 | M YTRPTNGNSAVRMLVQDNLSN NIESLDRRRIEYRTENI SLMRREA KIEEQLEVECEAIDRLVDTGTAVFMAE APAEPFTPVAPADMAYAIPFHLE EEDGEGPSLEDVVRFLLASGFPNG GR | 125 No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 103 | 83964 | 84179 | 107 | MDFIVVIGANTDCFELLNDALKVD EHMOEGRPTIFDLSQGKTYFPSL DVEPTVLPIFMHSLSWDEEDD | 71 No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 104 | 84374 | 84450 | 108 | GCGGCUUAUGGUUCAUGGGUCA ACAUACCGGCCUUCAGCUCGG AGCCACGGGUUCAUCGUUA GCCGGGCGCA | | | ARNt 16-Asp | |
| 105 | 84784 | 84861 | 109 | GGGAGAGAAGCAGUAAUGGUUAU AAGGGGUUCGCCGUUAAGCGAAU GAAGGUGAGUUCGAAUCUCCACU CUCCGCGCA | | | ARNt 17-Asn | |
| 106 | 85090 | 85163 | 110 | GCAUCAUUGGCCAGUGACUAG GCAGAGGGCUUCGAAACCCUCGAA GCAUGGUAAAUCUAGAUGGU GCUCCA | | | ARNt 18-Cys | |
| 107 | 85180 | 85359 | 111 | MIKYKAFTVRESOTGDSISIKEFGT LHDTEAALTEATHIVSKSCYAHV WEVNTILDR | 59 No se encontró una similitud significativa. | | | |

Figura 2Y

| | | | | | | | ARNI19-Lys | | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|---|--------------------|------------------|---|--|
| 108 | 85350 | 85425 | 112 | AGAUCGUAGCUAAUGGUuAGA GCACUCGCCUUUAAGCGAUAG GUUCCGGGUUCGAGUCCGGGC GGUCUACCA | | | | ARNI20-Phe | | |
| 109 | 85601 | 85678 | 113 | GCAACGUAGCUAGCAGGUGa GAGCACUUGGUUUGAAAAGGUCCAG GGGUCCGUUCGUUCAAAGGUAAACC GGUUGCACCA | | | | | | |
| 110 | 86126 | 86320 | 114 | MNOKILMRYNPRLWFRWEVIVSY QIRVRNGDPENIIVLETSNRDA VKFLNTIDNTLKVY | 64 | No significant similarity found. | | | | |
| 111 | 86323 | 86661 | 115 | MDIFTTPAINLVGVGLFOATVYRIDD STDVVTNPPEFFLEKFEFEFQFRE EHNDAYSNMEDLAAMFTYYGYIFE GNDLLLDKSELVELNW/GISFEVGSP FPRYFQGLEIR | 112 | Proteina AGC_0081 hipotética [Fago EP57 de Enterobacteria] | YP_001837004. 1 | 3e-20 (48/53) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 112 | 86661 | 86610 | 116 | MGGYSNFENYINSVDWNQETLV VVLKERFNISTLEALEIAEAYLDND | 49 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 113 | 86812 | 86889 | 117 | ACCCACAUUGGUCCAAGUUGGUaG AGGCAUAGGGCUUAAGACUCA GGGUiUCGGGUUCGAGUCCGGG AGUGGGUACCA | | | | ARNI21-Leu | | |
| 114 | 87022 | 87098 | 118 | UCCCCUUAUAGCUAGGUUGGCAG AGCGGGGGCIIUUGGGAGGUCA GGUCAAGGUUCAAAGUACUAG GGGAGACCA | | | | ARNI22-Pro | | |
| 115 | 87104 | 87179 | 119 | GCCUCUAAUAGCUAGGUUGGCAG AGCAACCGCCUUGUAAAGCGGUUA GGUGUGGGGUUCGAUUCGUACU UGGGCACCA | | | | ARNI23-Thr | | |
| 116 | 87472 | 87547 | 120 | GCGACUAAUAGCUACGGGuuACAG CGUCCGGCUUCUCAAGGGGUACU GAGGGGGGUUCGAUUCCCCUC GUCCGUCA | | | | ARNI24-Gly | | |
| 117 | 87647 | 87748 | 121 | MKAFAELVFSLLAEMEACVDRVR ALRLSMFSS | 33 | No se encontró una similitud significativa. | | | | |

Figura 2Z

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|---|---------------|------------------|---|
| 118 | 87867 | 88058 | 122 | MLTVKVMSPPNGGEEIHGDGSSYGFN PKOKSISIAGLDQHIFLKEDEVAYVM NQNGKTVSVYHGS | 63 | Proteína hipoótica [Yersinia kristenseni] ATCC 33638] | ZP_04623722.1 | 5a-18 (45/60) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 119 | 88063 | 88139 | 123 | AUUCCCGAGGGUGUAUCGGAG CACGCCGGGUCCUCCAAACCGuGC AGUAGGAGUUCGAGUCUCUGG GGUUUUGCCA | | | ARNI25-Trp | | |
| 120 | 88156 | 88512 | 124 | MITYSTNFMGPVSNNWYIRMGIPYT EVTEPNRFADGGQLTRKVFAKRY GGRIDVRGTDDYFGQEIGVPIMEA SWNELOQFLWTFSSDKVLITLEQIV QALEDETGRIVWWKFEPACT | 118 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 121 | 88503 | 88883 | 125 | MYIDRNQLFKFELDLRWPILSVNPI GRATGKTFEAINTAYEFAVFKGIOA VYVASGVREMARLEKYYELQPHV KITTYSMILEPYRIGRREFSCIMFDEPS LAIKYGVNAVWVRIARENQCPVIFG E | 126 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 122 | 88885 | 89061 | 126 | VEQEQQVFDYDASKRVLFIODATEG HGLQLSFDSLEQINQIVLRAQSKLE KNTTEAPPOL | 58 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 123 | 89156 | 89371 | 127 | MREISKMKYMENTEEIFIACITAYA DTLPPEGMDHTMOLVAIDIYLA LAKEQHNRILVYKERLEMIDKE | 71 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 124 | 89375 | 89647 | 128 | MNELNELNLYHAERAIDELDFAGG YYTRHVNMAEGLNNSKAIAEALA VRFDEFVIDSLQKTSNLSENINKAALEA LOKLSNHLLALGIK | 90 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 125 | 89647 | 90189 | 129 | MNKQSLRGIVFRSSLVDSFYIWG KATRRTVEQALDGETYDWARKEERN PVFSRPGGLYHDRVSKTAWYEIEVT PGVIRAFYTDWEHEKVVWVONQAP GDRIMNYAELYKEMKRMFELYDVPR LSRPAFIASQEYWHTRYMKRDFNK HHLYREKEHGTLRERYARKAELR EKRLLEKKYGES | 180 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2AA

| | | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|--|--|--|--|---|
| 126 | 90176 | 90403 | 130 | MVKASLLRFITPGVGLQKIVGGHKG FOYFTPGKLYFVELHDSRAGYKLR SDANEGLWVSEFTQVKRMVFTEGVYN DYE | 75 | No se encontró una similitud significativa. | | | | |
| 127 | 90390 | 90758 | 131 | MIMASKVYVFICCCROTLELYDHKM QTCKGASSIDIGVAGAYVRFQDK SNFMRNLNEFOLEVKNRPALEAEA ERLKQDFGNIVAYNMIVSGKDFWSE LAEKUNMPROAAKALYHGFnNSPR WN | 122 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 128 | 90727 | 90993 | 132 | MASTTRHVIGKIFNSNRTYYRVP SYMKSPEIGDVAVIPGNMNP IRRAKVVEVHGMYGPKEYERKNIS YVLLHDYLPREERNGR | 88 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 129 | 90983 | 91288 | 133 | MDOKIAAREAIELVAKRLEERNVE/P KIMIIGGGGGGPPSFDTLERNIE SOASFLELESYAREMEHEPIGN EMPRSSRQEVTGKTNSWPTPKR RGRK | 101 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 130 | 91285 | 91494 | 134 | MITTGFQGYSHIEELCKMVESSAPFIKK LVEEGQRPVCLHAACTKCHGTGVDK NGRMCMVHALSPCPKCSWSC | 69 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 131 | 91496 | 91933 | 135 | MDLGYCVVHFEMEFGQLPDRICVVT SRNILEAAQSLVERLSGYRDERHY QQKVYFDLTKLHYOKALDMPTPOLD DLKGFSPEANVSYIKDASPVDTVO VFSHYGTRHWINKWDSDVYLN SELEKGAAEYMRKRAEAKVLKNSV AL | 145 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 132 | 91980 | 92303 | 136 | MSKLIESIIIRPLMIGYVQGSCSVE TEALANVIEFFELVANGYNIHEGIVIEDL FWQTAEDMIEFRVCVNCGWCPAF ERAENQIEEICRDCEPOLEGEDVEO DNEGEDYE | 107 | Proteína AGC_0054 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 | MNKITKVKTMISKRSIAAHAFSMAYS GVSLAAERNKVEISDNGRVVTTN GITKGAGKFKRSSETRFGETKVNK TYGKPATVLDYGRQVEDDSDE | 99 | Proteína AGC_0054 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001836977. 1 6e-04 (25/70) | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2BB

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|-----|---|--------------------|----------------|---|
| 134 | 92561 | 92995 | 138 | MSNLHPKLOETLQWINEECAFEEA PYCVAVARAGAAPSEWCUTFENRY RITVELSLKEDKIVYAKASMTAIGLS GIVEMOELCIMPNTLRLQIEQLATI RLMLPEODINHDFHRVIEENEYLRR QIRRKARREVKTRAMICNMNPHV | 144 | Proteína AGC_0053 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001836976. 1 | 1e-14 (43/115) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 135 | 93115 | 93507 | 139 | MFTLFILAYSAMMAYGINKHGLDSAK LLSAKAEFLAKPATRKDIEAIAKG GANDASSVULKSEFDQIELRNQKHAA ELRCMASRKTKTGRKLAFFVQALK GPFAKYKXPSIKRAKEFNDYCEVEHH PLNR | 130 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 136 | 93616 | 94314 | 140 | MRIUSKLKDYYDLOGTMYDAERAW YREEVKEAVANVSADFEQIFYAEILR NRTSSGGYGVVNGTLEVRPVLUG TLRWLYGHYTGLGADAVHBFDFP VAYKEVLEEGGYLRRMGHDINTIE KIDAHYRNATATASAFLETFNKPIA MAWIDAAKSKTDPTVNTVKTDFNF HAEDFPWQEDPNLYRNHQLESY IFFVLOOGEGPKTESTSDRORLIAKG FDAKVSFRNAMER | 232 | Proteína AGC_0049 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001836972. 1 | 1e-34 (92/237) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 137 | 94280 | 94741 | 141 | MLKFLSGIWISGKTTGAILFLAJAGTF GGAYTINKLTDMSSULSNRN EOL EKTVGNLQTEIRNDRNTTYI TINAKNQEDLGRINKLDAABKE GIVAAKPKLATKVAKDKVNEFOER LSCVTGNMDSCSRLQI SHPGVN GQTQVQAQ | 153 | Proteína AGC_0048 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001836971. 1 | 2e-20 (56/143) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 138 | 94654 | 94983 | 142 | MRNWKYGLLSSAIIASGCAERPDP SSTVTGVEPOLHPWPASLOTCPEN FEPNIEEGKVYRIPYQDWTIUGKC NEQVYTIANLTALTCTYRVSLNEY RCRPFKNETK | 109 | Proteína AGC_0047 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteria] | YP_001836970. 1 | 1e-19 (50/108) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2CC

| 139 | 94980 | 95741 | 143 | MKYVGLIGDAGAGKOTFADMAKV WAWEVLGPEYSISKFSAAPYEL AAVILGVTFTEKAERTKEIKQFW VTQEALERATANWKRFRGIDKYAD SYWPOFEASALYPIAKTAPDFYQ GRETPLYPLTSPRKMLLEFGTEL GRALVDENLWLNUVDRITATKADIS IISDVRFDNEAALVRNFPAQNSIL KVHAPNNIIAQSTHASARGVAPEF IDDVYTNNIFDGLENFRKNVNACFD ERILFI | 253 | Desoxirinocloido- S-monofosfato quinasa [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006871.1 (117/250) | 9e-54 (117/250) | Desoxi- nucleosido-5- monofosfato quinasa | No se han detectado dominios putativos conservados |
|-----|-------|-------|-----|--|-----|---|--------------------------|--------------------|--|---|
| 140 | 95751 | 96362 | 144 | MGOINNVEQGGNKTPTNPFASILVA TKAEINYAHYLDPNIVDYYRDL SVTLATM0EQDTLNLYINSPGGVV DTAVQLCNLIMNCQGTGHLVPGPS ASAACSIFLACHGWLVPHPYMLMG HTYRGAHYKGKNEIOHYADQFNS FFEDMMALDLYPPFFSLEITEEMIEG GKDWTLSKEINEVRDMAAHREQ EARKAAGQ | 203 | Proteasa Clp putativa dependiente de ATP [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006870.1 (96/181) | 7e-51 (96/181) | Proteasa Clp dependiente de ATP | S14_Cl pP_1, caseinolitica (Cl pP) |
| 141 | 96520 | 97182 | 145 | MDKFIOLISLLOEAQDPASLLKRL TLLVGLVYLFIANTSSEMSYLKTS TSAVLODVKVQRTLEFPNVAREKA MILFSQTRADAVFVKYKPEAINDY OTIIAWESNVOLDKSVDYSDKAVDKT SMYRAHLDGLNFAIDAREKRGLSK WSGTGLPPEFKSANFEVYVTCPYFN LNNYSGYAVAYAWEKYPLQDEDMG MFNDYMANICASPORSLGRSI | 220 | Holinia putativa [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006869.1 (144/220) | 1e-82 (144/220) | holina | Holinia de bacteriofago T |
| 142 | 97179 | 97592 | 146 | MSFRFGNRSLQQLDTVDPKLKALI RAELESPHDTIQGKRTVQQSAQN IANGTSFLDOPSKSKHVGTGKAIDFA PYINGKIDVNDLEAFWAIVGAFKA ANEMMIAVRF GADWNNSGDRDEI QRGTYDGGHVELL | 137 | Lisozima [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006868.1 (104/137) | 8e-57 (104/137) | Lisozima | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2DD

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|-----|--|--------------------|------------------------|---|
| 143 | 98142 | 98546 | 147 | MSDRFYTQMCHEFVKVSPYELNIAL WDRESPEFKKIAKKEGAVMSNGKK MTRIDLNLNALTLLGVINIEGQKLSM PTLTTLIEKV/KAGDV/KVVAPEGRL KKPYQEAEIAEAFGEKLDLDTATVKT MKALLESINNN | 134 | Proteína T5.038 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_0068866.1 | 1e-37 (86/141) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 144 | 98539 | 98823 | 148 | MSKKIVFLKGSSCVPKCQFEPFDK LTAEFNLPEKRIDTDVSLRKFGLR TPAVVLVDENGREAAHILSGAT LRSAVSKAIQDFIDYVE | 94 | Tiorredoxina putativa [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_0068865.1 | 6e-21 (48/91) | Tiorredoxina |
| 145 | 98925 | 99329 | 149 | MTKOAYLILNNGFAVGTFVDSLGYT KEEWOALDAOKNOLVNEAWEY AEAYVEADVWDELVWLSGAVGCD HVHTDFOSEEWDELQTHONALI NEAFWEVNDCYVAFCKDDDEANT CTNYGYEHDDVECA | 134 | Proteína AGC_0039 hipotética [Fago EP37 de Enterobacteria] | YP_001836862. 1 | 3e-21 (49/103) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 146 | 99329 | 99691 | 150 | MQKFSRDWMDMARKNRAAYNN KKGQDKLKGITQYANVERFSGKVD ARSIDYSCLWAKONGYAFKRIGNE ILIAWEPEGLVQVYIDPVRGEYVR DHROOPTDSLPKRYLETRY | 120 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 147 | 99691 | 100521 | 151 | MNVHETVTVPDNAIFEGIDHGEY DMMMGALKLLAGYEGRDYVFCVG DUDRGPKNLQVLAFLYNPKFRSV RGNHDEFIMODDYANWMYNGGS WTTEGEFDTDTMKGIAEDOMDSKMP YMTVEHRGKRYGVVHAGIPRLYQ AQGM/GVTVPVWDDDVHENIESTPD RRLGVLLWDRDVIQEVGFLNLYRSG EKHPYFDYRASFSEEECAVDPVEIVG VDYTFHGHNTGV/PFFPIRWKNRVYLD TGGTFNGRMTVASPVLGOLYTFT DRDDPCGSADI | 276 | Proteína de treonina/serina fosfatasa putativa [Fago EP37 de Enterobacteria] | YP_001836861. 1 | 3e-98 (176/283) | Proteína de treonina/serina fosfatasa PP2Ac, homólogos de la fosfatasa 2A de proteína, dominio catalítico |
| 148 | 100532 | 100765 | 152 | MKLFKDLEEGEVFVAGGFELOKC VAMLDNGNSVFTDDANISVTIAPDT ETWKPKFWEHKDPLDDLDOI FTA | 77 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2EE

| | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|---|---|
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 149 | 100774 | 101142 | 153 | MKLESRIVVFKQSDAAYLTSTAIR EINDSLSIYKGREADGKVGFPPNYIV KRAEKRGAKAEDHYKOHOSTEL LRGISPFAGWNNDYMRRLVIE | 122 | No se encontró una similitud significativa. | |
| 150 | 101145 | 101264 | 154 | MYTGMGNMDAKMF[GLLI]ALVGA AIVGGIWA[VAFVF | 39 | No se encontró una similitud significativa. | |
| 151 | 101328 | 101756 | 155 | MKNMIELNAMNESLRHAVNTARA SFNLIMRDESPIMI[SARVKA]EEPAD ELLMIGDYLSDSPFNEEDRRDYOHA YCNRGEIVYLTDVLESVLEYANSFM RTPDEWEADASNDYVLDEIQKVNPE IKLVVEEHINSEVAYTRIDN | 142 | No se encontró una similitud significativa. | |
| 152 | 101838 | 102143 | 156 | MAKNTISYTGTIADEQANTLTKQE MVAVLVILLDMSGFEGQLAKLSLP LRALYEGTNKNAAYNLAKNEARW AKERQQVARRAESFERDKREKA KKK | 101 | Proteína T5_032 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006860.1 2e-23 (52/81) |
| 153 | 102143 | 102424 | 157 | MVLEILSGLIIALVLTGTGLAVVSI LRENRMRLTNGLHEKLMQDV QDADEFSSAAEFLVRLAKIEEINGQ DSTMASKTTKMRILITEIKK | 93 | No se encontró una similitud significativa. | |
| 154 | 102421 | 102669 | 158 | MISPVVAALYLVVGSKYHGF LKGTIKAAMILVPLYPAILLTGYAC VLRIFGRGVNYNDCTALLDIENTI KKEEK | 82 | No se encontró una similitud significativa. | |
| 155 | 102666 | 103007 | 159 | MNLNSKERQVLVDALRQVDDHLL CDEDIVESIALJAKIELAERDSWRPL SELPPGLAIVVORADGAPFTVAM RRLAKSYSPDITLHTKTNEPFF NTRHYYWRLTNA | 113 | Proteína T5_028 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_0068656.1 7e-08 (40/111) |
| 156 | 103000 | 103227 | 160 | MILNOLRYNFLDCCNFQWRELPSR FLIGWALFMSMVVSFNVPAFYM EAIOQPTVFIYEMYLVAINGWKDGRI N | 75 | No se encontró una similitud significativa. | |

Figura 2FF

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|---|--------------------|---|
| | | | | | | | | |
| 157 | 103211 | 103678 | 161 | MAA STEVLNQYFIREHQEFSDFI OMFYNNANALDYRFFNEFHETTFS HQDINSALKELIGSKVPMFRQTAANE TLELSVWGLFKKAYEFKYONAR HWIEEVYLNTEVILPROMMLGMIK QRPERNAKSFAPIINDGNLYHASEK FDAPKSAV | 155 | Proteína AGC_0027 hipotética [Fago EPS7 de Enterobacteriá] | YP_001836950. 1 | 7e-32 (65/147) No se han detectado dominios putativos conservados |
| 158 | 103701 | 104027 | 162 | MILVEGLTEEDICNSFYNCIKHVM QALDEERVELSKFMVNIAAQVHW QTQGLSADDILKHTLNAEYGKAR GEALLASKKEFDKSESMLKMAIDIH MEGDGTIH | 108 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 159 | 104039 | 104326 | 163 | MAKAKRVV/NFLEEDSGDCEYGCW NTGYGVEMVMDGKCVHRQEAWAS CTNNISVDFDVLAHVQLGIKTKEGY PVKAHDHDFGDPDSYDPEEFLDFT | 95 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 160 | 104378 | 104566 | 164 | MKSIDNYLRLGENPVDQAATVKEV RKECFILTERGQQGNRPNRVLYNWT QSKDOLYERLKREFE | 62 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 161 | 104566 | 105042 | 165 | VEELROKINOELWMEAKSFEPINQFL KRDGSIINHNKNIKQLRPDFOADAKNL IFINRALDAHGVFVFGYEKLFHSLN OLVEMWCPCDHODYEMOTARSHELEG NGCQKCRHRMVRVTDGSYVTP AYHKFSDIGDSIWYNNSSKLKPL EVKDEIRFPE | 158 | ORF022 [Fago T5 de Enterobacteriá] | AAX11959.1 | 2e-50 (91/153) No se han detectado dominios putativos conservados |
| 162 | 105020 | 105421 | 166 | MKYDOSLNPNSTNVLTDQSVEKFH PNYSPODSSKPSVAISERFRNRLFT FVGEEDKMSIIDIKVKAVALSGSDT VKFEALTSLLTSGATVGKFELIOPH VSALTNTNRFWDQANVESLIKWD ATEFYNK | 133 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 163 | 105434 | 105943 | 167 | MLFCVTOFEEANEYTIVGMISEKV RILWNQFQLEYVPDISKTPKOFHLLI DIKAVKARKKLTPVYFPGADEVHEL TAYTNVVLKKSRCHPGYLTMLTYK VGAHDGELVVRDARLQGEVEEMI ROCONKAEI KORARLFDMAAPSEA VAATHGFYKEIAESDEDFFM | 169 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2GG

| 164 | 105956 | 106276 | 168 | MINIEKYEWTPVPGCNSYLRLCT REDGTSSEYLSCHQAKAQDNP FKRGEIDLKVNGYPTPVDFEAL QVKFHEKREHMRMIELTGREF SHPRWNEET | 106 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|---|--|--|
| 165 | 106276 | 107040 | 169 | MSRVKEKLQHYNLVKAQDOKLSEL SEEYQAVLFCCSAMPALQDGVLA KSIDIHNGKETTFOPPPKWYALSNIOQ MVGKVTFGSNRKCTPNFIDITPRTPE FTKWDRLDSFSPSWKFYKPDDE TYAHLPLKHPGYTYVEDPSSGYNF KDFKCTDENIAYGLMRTSVRIAMDH ELDKODLAVIALCKDRIYKVRAEK LSVLSCEFETIRDCEPEGEYPKGSLY WROVKHLGLSEEAVFLGLVUTGRF LRUQE | 254 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 166 | 107102 | 107431 | 170 | VGTSDPFPYRLNISLQLHLRPHGL QDIVIHSSVYIDDASEFSAKLEAAH KKFKPMRVIINFGDKEDGHTWFDV EPHYEKKFLSUVGAKQVPIDKIAQE QKIRKSTKK | 109 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 167 | 109330 | 109160 | 171 | MRTURGGSPKRSRSHNTYOLNVRD GQKGKGDGGGGGEWGRVIMMIT LVFLQSCQ | 56 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 168 | 109640 | 110605 | 172 | MLOQFTPYANLPVPGARNLLDG SKCAGSHILGIVYRSRNMESRSTRAF EHSDRQVYLANGGAIVFHDDQYLV DSDPIDIYSTTDALYLYKASEGKQ ASRRFCYHESSELLAFTDARAWIKNL CDHIELPPARISSEMMIIFVLKDQSGSI LLPCDPDIEEGARTGNRYDGE LEEVAPAVTENVNPNNFETGALQ MNITIKSTATANAAKNAVNAALK EAGSIVKVVSGIAASKAPFMVRGY VDTAVGRVVIANLNFAVSOY/APNN RKAVIADAAQAAAMI EL VOSENV GEMIDEVLKGVNLISSLIESDVAE | 321 | Proteína T5.011 hipotética [Fago T5 de Enterobacteria] | YP_006889.1 36-39 (116/324) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 2HH

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|---------|-----|---|-----|---|--------------------|----------------|--|
| 169 | 110672 | 111166 | 173 | MERTATFEGEKKMTIANVWORLHQ NGDRINFAIFEPKNLNLAQDQR RDCYPDTDDMLGIPRLNGVYGYF DICIGDSSFEIDCESESGATEIEVFILN GSLTFELDTPPAEEPEPEKLEVTKTSIV SSLTMDELAVIDVSYDEIHADAKEL NNRLDTRDKL. | 164 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 170 | 111218 | 111745 | 174 | MFHVKSCVPGINTYEAEEGLYLE GGRIESQEVAALKCDTNVCGETSW TDLHFLGRGRGIDVDSLWEKACEHA ESMLNEDDDDDSDEKYANAGV EGSFYMYYWPGHSCNLVNGGSPLH SVLERAIYLGYQIVDGKAVINLRELK TFIYPODAETILHIEEGLKSGWVKG VYL | 175 | Proteína AGC_0009 hipotética [Fago EPSt de Enterobacteria] | YP_001836932. 1 | 2e-09 (43/137) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 171 | 111742 | 112089 | 175 | MIYVYNKFIAHYKIMESVQYVSR ONARHIDEVATLKGRLRGDAINISWP LLILICRDVLAGKPVVSALGESYPL SDDDLYDLLTKYKTERLFYRGGSV CSGETIETVFR | 115 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 172 | 112942 | >113073 | 176 | MLKENVMSSEIMNEFTVADAEEFIE TYLNYYDVDLAFHKDGQI | 44 | No se encontró una similitud significativa. | | | |

Figura 2II

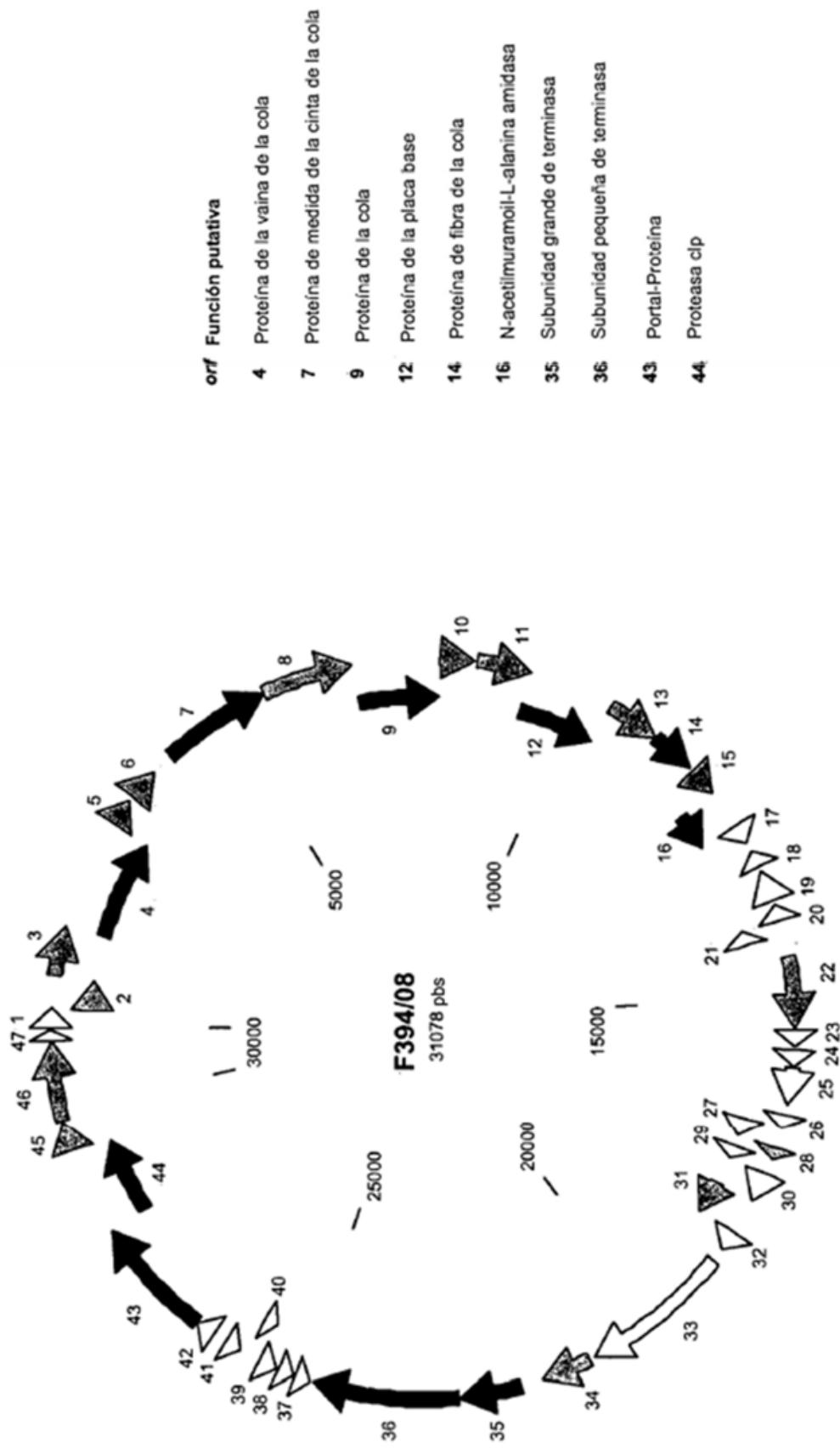


Figura 3

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 | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------------------------|---|----------------|-------------------------|--|---|-------------------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | NOMBRE[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 1 | <2 | 268 | 177 | NPEQGQAAAESTPDAANVS RETKEPDILKNDVAPAEELTPAFYV VAEGRATSKRGILAAEAVEAERTD FVGGEETLNSLERGLVE | 88 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 2 | 265 | 720 | 178 | MNIRDLAODFLNVINDKNSGG PVVLIAPIDGNAQPLSGLTTDSS YDPEITGVLAAGRIVASVTFANKAI RAAGFAEMIPAVADSNKRPWV CFFRDEGIPYLFKVVKAMPDRAS GIVLELEEVYKRISYFFNGAYKFDT TLYDGVLDLL | 151 | Proteína orf101 hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ964 77.1 | 4e-17 (51/129) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 3 | 717 | 1394 | 179 | MNIEGFKKLOSPINKLDSFEIYRD QIAAILFLELENQKAJAGRAQIDPA RFDMKVYKERSNPWVOLFDGDGEN KPINVWFNSNSDFDYTNSSTVDK QKTTAIFNIDCIATASOETATGOT LGDEMMASLEVQRVYAKVIRNLMS DTNTYIQLRGVLWSRRVLSNF QPSAENGMMONLCAARLVQAT FSEFSPQYEPQEELSVTVHNC GQILFNKEIAKGN | 225 | Proteína orf11C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ965 42.1 | 3e-35 (87/18) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 4 | 1384 | 2886 | 180 | MAISTAVDISAVARVLGIKTNFKNL RDGRVILPQRIALIJQGQSTGMVF HIAAKQQLFPNINGDGVTIPVTVY PLSDADGSOQAATGSIELLGTQLE SGAYRVVNGIRSEQFSILNEAG QTIVLNRAAAINSVDMPVRATA DSELQOKVTLVSKWKGLSANALISV QVDGDLGQGIEFATVQPGGLIN PSVSGALSQFGNWNETMVLNCL NIQDTEALSAYSDFGEGRWGAJV RKPLIVFTGNTAODNSAVSVPD ARKRDRTNVOLVAPDSIDLPFV ASROLARIVKIANENPACDYGQS VADGIMPGEQSKWLYNVRDMA VRKGSSSTEIRDNOVFIGDVVTFY HPEGEEENPPYRYCDIVKLONIF NLNLIFAVPEWDGAPLNDQPTT NPRAKKPSMAVAAIASLVDSSLGL | 500 | Proteína orf12C de la cola putativa [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ965 43.1 | 4e-120 (228/50 1) | Proteína de la vaina de la cola | GplL 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 | NAISDAAFETKKNTFAQINEQINPK RLDVSTTVKLSGNTNLSDLNFG FYFGNSVING | | | | |
| 6 | 3328 | 3774 | 182 | MSVGGIESLTLGRITFSVAADA DSTRNLGGTNEVEMINGDGTYR IVKTRVPSKLGDGTVAIDDVRGDA EYLOELKDTKEGPYSITYASGVI YQGTGTIVGETGISSONATASITIS GSALTQ | 125 Proteína orf13T hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ964 80.1 7e-28 (65/123) | 2-C-miel-D- eritritol 4- fosfatasa citiol transferasa | PRK1 3385 0.010 |
| 7 | 4072 | 5565 | 183 | VEHIENTENOTLWGLPVKYAREV AEAFIRFCAMDMDYNTDRMTD EDAOKDFNESKGLLLDALQIGVLEI DSQGMMAVVPKKGDIQKQIKFNL CGADYVAMDNKDTQSFAKMFAM MMSISUTKLPATPSKLLKFDAYV CLSIAKLFLV | 148 Proteína orf147 hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ964 81.1 2e-07 (4/1/133) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 8 | 5569 | 6801 | 184 | MOSGISRFTTRAESGLRRVSMDT WNISKVSGAAAIAIGGMAAAG GIALFVAETNRANSEINEMSKAM GVASARAADSLLTPGMNW NYTDLIEELGNKMKGELKNTEGEMK TFQEAGLTNIKMKELKALKPEQIO FTRIMDSLAKMEDDOQKAQFIADEI FGGEGNKFKVSALKARGLTMTSLI ENYKYNFNEYNEQGEKATAAFAA LTPLTTRANSKAKSQAIAALTGGA PYIQKATEWAANKEKLINSKIEVF AKGLADSLWVVVVNFSEIVTWVK RVAIGIGIFLALTAVLKTFVLIMTAV NLVMMAMNPIGLIUAVVAVIAVAYLI NKFFGLOGVIAAANGVLMGIGAAI LVANGMPGVLGIAAVLIWKNGV LSGFFSGLWLWAGIVSVFOGAQNM GIIINGIMGAIDNVINKAVSMGSAV KGFFSFGGGGDQOKOAAAAGG RVASPQERTAKSYTENNISHSTVT IQLDKTGAKMSIGKPGNGVRLVKT GTM | 497 Proteína orf116C hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] proteína de medida de la cinta de la cola [Fago PY100] | CAJ2848 8.1 2e-05 (72/316) | proteína de medida de la cinta de la cola | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | | | | | | |

Figura 4B

| | | | | | | | | | |
|----|------|-------|-----|---|-----|---|---|--|-----------------------|
| | | | | | | | | | |
| 9 | 6794 | 7990 | 185 | MSDVSMMIQTTRIFWVGSVRIISL NIDAVSNTAQNAPDFHEAPGRNL LDPGFESPVADIVDORLIFTM VLDQCTTAPPESSNPVLENNKALNDI ARKMASFTGVVFNADPVAF DRVACDIDKVKLFLADLAKORG FVGSDENQNLFSKSSIGGIVAKL EGQVSPVLSVSPTFNPQLEXYCHT GLSPVVEVAKPAANSTAVKKA TPKAASGSGSEMAATOKAQSEIIKK EPKKEKTKAKCEKOPKHPPTYKCE TADEAIPVYRPVYKIDAEKAGATV VETATKAKHARMLGNACTYATV STWEDASIGLWRPNNTKLKAPD SNYDDEFDINSVIELSADENSQ ANLTLCPSSETGERPEIPWEL | 398 | Proteína orf18C putativa de la cola [Fago VP16C parahamolyticus] | AAC0965 49.1 2e-57 (130/39 6) | Proteína Proteína gPa de la cola similar a Mu | CGG 4379 2e-17 |
| 10 | 7978 | 8463 | 186 | VGIVATVLSNDGKLVDRGNQD NVAQDFGSGDQAPLKNQDS VLGSAKGSGASAYVRCDA NYTAKAGKERNYSRDESGAYKAEV YLKADGTEAIKNAASGLFMEGG DVINQVTRITKAGMQTPGASM SDFTNAGGTGTHAAATSLHMP | 161 | Proteína orf19C hipódica [Fago VP16C de Vibrio parahamolyticus] | AAC0965 50.1 4e-08 [38/105] | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 11 | 8460 | 9217 | 187 | MSFEDM-1-DSUOGAN-TDOL-ET RUGLE-TAVL-SLGSGNADLGRP GNLSWPPNGENEAAQYHSE AAFLRTPTPNTNLKREASR DLAHLPE-YNAQYKAFM-LNA VALTVSLGDLICFPTTWGEAV KEPYTRLPPAVSRNQNL-ECT AETKTLILRADGSRSTLSDGS GWKWDFFPL-YGERARAYVEG YGRKSATVTVGFLPTRYGIAHY DGTHKVKYKVRNL | 245 | Proteína orf211 hipódica [Fago VP16T de Vibrio parahamolyticus] | AAC0964 88.1 7e-17 [51/124] | Proteína gPa6 similar a Mu | CGG 4381 5e-05 |
| 12 | 9217 | 10380 | 188 | MSTPTKEISNRSLSKLETTFGQS LPSKSFTRVLSTVGGVFLVYKG LPHALOMEVSTASAOTDFNGKTI | 387 | Proteína orf227 hipótica [Fago VP16T] | AAC0964 89.1 4e-68 (156/39 | Proteína similar a placa base P2 | plam 0486 3e-12 |

Figura 4C

ES 2 956 367 T3

Figura 4E

| 24 | 15843 | 16067 | 200 | MEKYKSESSENAVLSPHLNCGLTS VSRVGSSQAOAKHPHKRSEADQ AEKEICKNWALRQDAFLNNSVSN AVLCG | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|---|------------------------------------|---|
| 25 | 16069 | 16590 | 201 | MANKIHEGKPTAQOVRREALAMY AHDKRPESLIVORELIESFRNDT AHAUKSAVAFYKNRVIQRPGLV ASGKDOALIVESENKALKRHLV AVSGYSSOFOLOMVIDHKTPLSAV ARDILQALPKAKLTKAECREK DAKLKNNICGFWACYRGCHCTK CITTAKYR | 173 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 26 | 16721 | 16912 | 202 | MGVSIUNLVLGVCLLTLNAC LFHTENKTYLVAGFSAASVAG AAGVIGCLAYGTV | 63 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 27 | 16912 | 17187 | 203 | MANKSILMGLFVAAGVVFYMGA DSACNQKAVIDPGMLSLGGITV ENKKASLVRVC/CDTPKENLVSFV LIKDGLRVGGVOKSHVALIGE | 91 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 28 | 17188 | 17355 | 204 | MSLGKRPAGATHIESDGTYWNA EDADWYFWFWRDLWGWCVYVGPK NIRNFLNKFSVLG | 55 | Proteína ACICU_02216 hipotética [Acinetobacter baumannii ACICU] | YP_0018 4e-04 (2349) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 29 | 17355 | 17540 | 205 | MDLYIGQVGHSSP7WVQGKLKI TKINECKRSGLKITATDESKEFT AVYQEFFSVORY | 61 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 30 | 17561 | 17968 | 206 | VRSNFEDYLKOTODYAVLNYY GSSLFIHENGVYRALPURVAYAA WVSGGORWGEVOLHGKIKKMA ERAETADFYTHIEKLESSTYKK AGLLDMAEQWQDGLELRGROLEI NRVOSESYRKCAVLRVAVNG | 135 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 31 | 17961 | 18461 | 207 | MGNRVTLSGKVKGLKPOLPESTA AQFREMIEGKVKONTPOAPKRR RSGKVSSPQEATLAQALKKIEF VQEYRECDEVKVRBDAEHPIGTIN LIEVEGGVSGGRHRVPOGYIND TEKYNEAKLGFLVFLRFDETEVS RTGTAINEIESYLERGGYFONKGLT CEES | 166 | Proteína hipotética conservada [Acinetobacter calcoaceticus Rüh202] | ZP_0605 6e-29 (68/12) 7626.1 | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 4F

| | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|
| | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 32 | 18448 | 18720 | 208 | VKKVKKFKYDWRAYPDHINWLAT YEGGEMAWGYVNKPYRKENAGI WYETGEWHRHRVUPVAPYRGHW TOSLERKRPSKAQLVEWLNGAVV V |
| 33 | 18896 | 20953 | 209 | MAENSFIQIPIARKDAALIGRDELV EQQPEGAANKOAAIANNIKYL GLIPENWVGVEKTEYGLDEVRLS NGDVVKSVIDENINNNPNEULSGW SEFTNSNSVNTISDLLSIKNPNGM KYVVLGHYPONFALLSPYEGGG LFIYSGNKAELNDGGVVLNGWIR QYGDVOISWFGAKQGQDASPFI EAALKVVKMSMIVREGEYKLETICGIP RONNYAAKVKIRIKGENOASLTVN CPDGAVFTSLDAKANPITSLSNIFT AKIDVFGINFGVGT/ANSVLFNGD RLYNINHHNFKINTIVKAYLKR EASROQYOTOSVSINHHLAEHIRVI ESDKSYNFDFAYNMCEACKGM YIGDAPYDPSGISITHRNWEA SGVLLKTINGGIAGSVSKNFEAN VYODAIDKCLYINRSSTGAGYS GGLTENNLFSGTSSIPDYD/VDR VLGOSTETSGNSKSATTRPVF/ GNWSNSYMLTMQAQILIGNKCS NREKMLNAYSPOEARVTVYSGY FTKGLANILTDKUNLKLKNTSAV HAIGSSDQANFKTLDIVFFTSG AVGTTAMATEKLDLEFYESVGLA GNVPKANLKAVMYNFMOSTAD KITPTVNMFSASDPLINVVDNSD GTYSIELSSFTNISSPWNWGFYSE LHIETYTAQATLASHTSSYSAANLL TIS |
| | | | 685 | No se encontró una similitud significativa. |
| | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 4G

| | | | | |
|----|-------|-------|-----|--|
| | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 34 | 21027 | 21707 | 210 | MFDIDTKOLHIGLERRLERLNRRG LPYATROTMDLAESRAVRAE LPTRIVLRLNKHAINSOVTKATSL NISQQAHHVOSTADYMATOETG GIKTKOGGAAVISPTTTAAGGGR NAKPRTLRAJALKMGATHKRIA ASRNIAKHKRKHNAJAMTSKYV FLDLGRRKKGFRDKGGGVYMLH DLTRASVOIPKHEMILKPATEAE RKLPGFYGRALEFQLRRF |
| | | | 226 | Proteína orf62C hipotética [Fago VP16C de Víorio paraheterólico] |
| | | | | AAQ9655 93.1 |
| | | | | 7e-29 (86/232) |
| | | | | |
| 35 | 21993 | 22844 | 211 | MVKKLISRSFAAKAGVSGAISK ACKGPILLDAVEGKFIDLNHSAA YLESKNGKIKTPALEGIDSLEYEA LEVCREAGRCSCOTLLRDKLMIGS DRARKLVALIQNANIODFEPKAEE KVREKEKARPHTRGTAAKKOAI QEDDEELFELLDRIVVAQYADMIL RDIVRKFGTATREAFYLRAEMKEIS MIEDREKIAQTGKGEVHARDLUSQ LIEPIDSAXHVLMRDGSKTIAVRM AAMHGSADINEMQLVTSIELIAS FIKPWKAKVINKIATELKRGAEA |
| | | | 283 | Proteína orf62C hipotética [Fago VP16C de Víorio paraheterólico] subunidad pequeña probable de terminasa |
| | | | | AAQ964 69.1 |
| | | | | 2e-07 (35/121) |
| | | | | Subunidad pequeña de terminasa |
| | | | | |
| | | | | Fisik gamma, dirige la translocación de ADN orientada y forma una estructura helicoidal alada |
| | | | | smart 0.005 0.084 3 |

Figura 4H

| 36 | 22847 | 24826 | 212 | MNFQGMDLCKVYENLTTEYKHV TPSOFNEARYLPFSTVSPGFR YDNPMPNREIVDCFQINSPVREY NLKGQVQTYSTVLESQALYMG INACTPINQYMTADKELAIAKARIEN FIPMIAQDSMANIIVRSSEGSRS KITGKTQHIOFEGGGTLYPFGAI NANKMRSISIAWALKOEDIDAWPD RVGKDGDPKLSDSRCSAYWER RKIFRGSTPLIKGSSKIEKAYLRG DORKYHALCKKCSCFPOLRMNT POGGGFKPWDTEDGILKLOSVR YCCOCGCEPHFHDKERLFSEK FGAKWPIATRPVEPGRSYHLPAL YSPGAQDWPYKCVIAVYLDADFPV ERKYKDEIYOFVNVLNAEFFEI CGANVRFETVSHHRRTYRLGH PNRYAVGAGSPFLFTCQVOUH KSFLAVSIMGWARDACKCFVIDYL RIEGEDFSDAEPGWYQKRELIE EKQYADODGKVKRNVALTDOSGYA NOTVAKFCSEYSSSUVPILGRDR PSKNQAKFADPFTKOTGTGFR IVDHYKORLAPVLRREWDMGG GLOPVYHFNAPIVOLSKSLKELT VETRKEXTDASGNITSYFHWRPG NARNEWLWLLCYGAHAVEIFAN'S LCVKNNKEOEKUDWANWFWELET EAPYFEQGEPAVASE | 659 | Subunidad grande terminasa de Fago VP167 [Fago VP167 de Vitrio parahemolyticus] | AAC0964 70.1 | 4e-127 (252/65 6) | Subunidad grande terminasa de Fago | plam 6 | Subunidad de terminasa de Fago (GpA) | 1e-69 |
|----|-------|-------|-----|---|-----|---|-----------------|-------------------------|------------------------------------|-----------|--|-------|
| 37 | 25079 | 24870 | 213 | MDEVENN EKLKGNSKPEGATVAN KGDRAYPKAEOKGRLLTFAIRM WVKWTFPOHLNKHDFFIAVL | 69 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | |
| 38 | 25316 | 25092 | 214 | MNNOSFNNWRGHKIEVOAGATI QOHGYPOITDONTIAFDIGKYM CANTYNSAKNMPOCOPPNFNNQ GLNIF | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | |
| 39 | 25582 | 25334 | 215 | MIDKXQVUGGNNWRSKDHOKSH YAPRATVATLYNNPHECTOK TELNPRTLPIYGUNENHNLKLG QTNGSKYKLPATN | 82 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 4I

| | | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|--|-----|---|----------------|------------------------|---|-------------------|-------|
| 40 | 25770 | 26579 | 216 | MQOEARRKOKSDYEKKRVIKN FSLKERDKHLEYIETPVNGDL VRDLINQHKLNEAVSKK | 63 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 41 | 26098 | 25883 | 217 | MLMIGNTQVKTTPRELTKPKLKG PEYKVKRDVWLMVEGKNLNEAK RIIESIGLFANDMGGFLTVMAE M | 71 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 42 | 26226 | 26540 | 218 | LDOAFLKERIEATKRQIVAYEDAV NOLSSGAVOSYSLNTGQTQNV TRFDVARLINGIDGLYNRLATEA RLNGSGSTLVRPGW | 84 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 43 | 26544 | 26217 | 219 | MNYDFSRGLVKVPTVGLKTEFKY SGATIAAPPMPMOGAKSDAINEALG GGFNHNSAFTGEKFIGFFGPTSLF TMDYWTLKRSEQLFSENLYAA GIUERLVTNENINTGLTPEACPDEI LGKPGDLEONTTELVENFNSIMA NSSEYCDYFGQNSLGEIORIARR EALICGDVLUVRQONOSTKMPQV QLVGSGLURTPDIPRKGHKIKHG VELDOTGRCAYWVLQDGTYK RLPAFGEKSKRRIAWMVGAQR RLGEURGOPLLSIVLQSLKEIDRY RDAAQRKAVVNSILAMIFKTDQK MSTLPITGGAIRRKVTDNINTAA PRSFEIASQVPGWVLOELQAGEK PVGFHSOGTIDINFPAFFEAIVASV AWICKQIPPEILKISFSNNYASASOA AINEFKYLNNVNNNEWGANCFCQP IYTEFLISEALLGKIDAPGFLDAWR DPVKADIDFGAWNLWCDWFGSKIP STDMRKMKGQGLALAVEQGWTTN AOASRROMEGFTKTKNIARORRER ELQASLRPMLELQKEYGISAEEHL VNVAHAIGGTISAOTEEETEI | 557 | Proteína orf5T putativa de cápside [<i>Fago VP16T</i> de <i>Vibrio parahaemolyticus</i>] | AAQ964 72.1 | 4e-96 (186/48 7) | Portal_Lambda, Portal_Proteína de fago, familia lambda | TIGR 0153 9 | 1e-25 |
| 44 | 28217 | 29368 | 220 | MDWFITPEALKIELHARGLVL TAEQMTTEFINALYSDDFFPSRRIQY KVGTVAQVNIAVGVLKEPNWMYR YYGGGNTAYSEIISAINAEERDPAN KEILAIIDSPGGQTNGLCSAMDAIK NTKKVTVLAVVGOQAAASAYGLAS QANKKIAADRGCMVGSYGAASASIV | 383 | Proteasa orf16C putativa [<i>Fago VP16C</i> de <i>Vibrio parahaemolyticus</i>] | 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 | MHQQTQHTTNSINWGEVACQDD TLTGANTATLKEGTILARAATGKL PEVKGGADGAGVPAIAAMEHKIT VAAGDVSVRAGISGGVVRKNNLV HADGNATNIDGAVTDALRSYGV AFTVNINSTNKPDNQ | 129 Proteína órf77 hipotética [Fago VP16T de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ964 74.1 1e-06 (38/106) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 46 | 29818 | 30903 | 222 | MTTSIAGVYTOVAPKPLFLSGFF KAPPQNHFTNTESVELDIERDSQQ VAAVVQSLGSDYQNKEETGEFTNK KFTPVYKEGSFLNAFDLLKREA GQSGFNTPSEQJRNLTFRFGA RKVEAKILRGIELQASQIQLQTGNLL LKDOEGKDAFKDIDYKPKATHFVN VANWTGANAOPMKDLESSEVI OTDGLVPIIDIIMGASAALAAAKCNE KFIKNFDSRNISGNVLAADMQITAR GGIYQGTILRVGNAVICELYTGV/G YQASSSAVATPFLNTNKVLMLSS ESQLDALFGAVPNIAIDLGYSLRE QLLPPEPTFEDSNSTDLFNVYL ASGEQLMGGVASRPLVPTAIDSF GCLTVAA | 361 Proteína órfC hipotética [Fago VP16C de Vibrio parahaemolyticus] | AAQ965 39.1 4e-57 (133/347) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 47 | 30912 | >31076 | 223 | MNPLOWGFFLLNLIEFDVTKTDLI NAIKAIADSNAKTSGLDKDELQALL TELOAKA | 55 No se encontró una similitud significativa. | | | |

Figura 4K

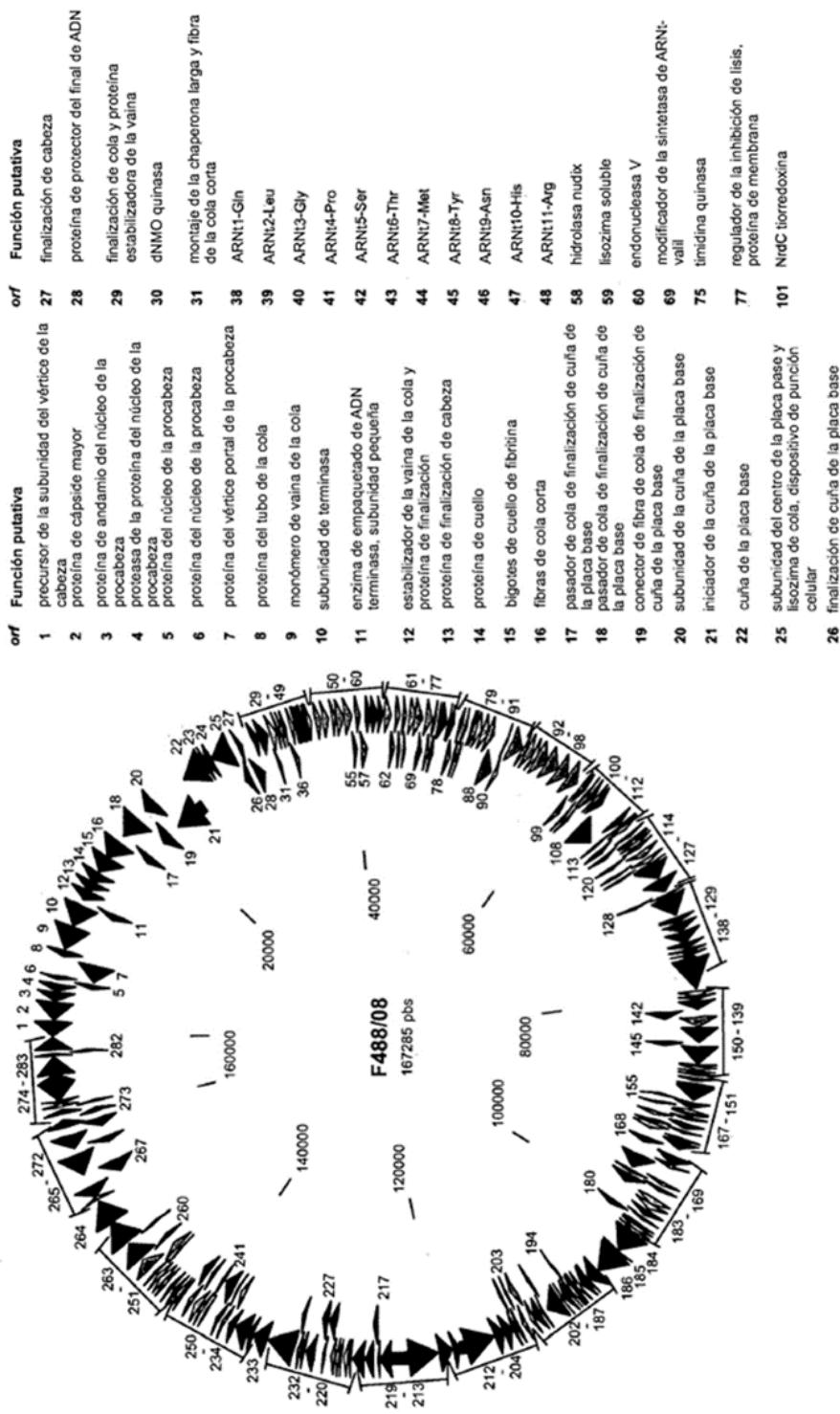


Figura 5B

| <i>orf</i> | Función putativa | <i>orf</i> | Función putativa |
|------------|--|------------|--|
| 105 | inhibidor de proteasa | 169 | senúelo postulado del huésped sigma32 o sigmaS |
| 107 | empaqueado de EndoVII y endonucleasa VII de recombinación | 171 | ADN helicasa |
| 108 | subunidad de la ribonucleótido reductasa anaeróbica | 175 | DexA Exonucleasa A |
| 109 | subunidad de la nucleótido reductasa anaeróbica | 178 | modificador MotB de transcripción |
| 113 | glutarredoxina | 179 | modificador de supresores T4 ARNt |
| 126 | alfa-glucosil transferasa | 180 | moderador del metabolismo de ARN |
| 127 | subunidad de endonucleasa de recombinación | 184 | subunidad de ADN topoisomerasa |
| 130 | subunidad de endonucleasa de recombinación | 185 | membrana asociada afecta a la membrana ATPasa del huésped |
| 132 | proteína de unión de ARN polimerasa | 187 | protector RIB de lisis temprana inducida por profago |
| 133 | pinza deslizante de ADN polimerasa | 189 | endonucleasa IV |
| 134 | subunidad de cargador de pinza, proteína accesoria de ADN polimerasa | 196 | proteína de disruptión de nucleóide |
| 135 | subunidad de cargador de pinza | 197 | proteína de resistencia a la acridina |
| 136 | proteína represora de RegA de traducción | 198 | subunidad de ADN topoisomerasa |
| 138 | ADN polimerasa | 201 | promotor medio activador |
| 140 | inmunidad a la superinfección de proteína de membrana | 206 | inhibidor de nucleasa de restricción McrBC |
| 141 | dCMP hidroximutilasa | 208 | Proteína 70 anti-sigma Asia |
| 142 | endodesoxirribonucleasa | 209 | holina |
| 144 | proteína recombinasa similar a RecA | 210 | proteína de fibra de cola |
| 145 | chaperona de ensamblaje del vértice de la cabeza | 211 | proteína de fibra de cola |
| 146 | subunidad de helicasa de ADN primasa | 212 | fibra de cola larga de conectar a bisagra |
| 147 | Discriminador de degradación de ARNm | 213 | bisagra de fibra de cola |
| 151 | proteína periplasmática de destello, regulación de lisis primasa | 214 | subunidad de fibra de cola próxima |
| 154 | primasa | 215 | ribonucleasa H |
| 156 | dCTP Pirofostatasa | 216 | proteína de unión ADNbC |
| 159 | proteína de la cápside exterior pequeña | 217 | proteína accesoria del promotor de transcripción tardío |
| 162 | fosforilación afecta el huésped sigma32 | 218 | cargador de ADN helicasa orf146 |
| 163 | senúelo postulado del huésped sigma32 | 219 | unión al ADNmC, reparación, recombinación y presíntesis de ADN |
| 167 | enzima de adenilribosilante | 225 | tirofolato reductasa |
| 168 | enzima de adenilribosilante | 227 | timidilato sintasa |
| | | 228 | endonucleasa buscadora I-Tev |
| | | 229 | timidilato sintasa |
| | | 232 | subunidad A de ribonucleótido reductasa |
| | | 233 | subunidad B de ribonucleótido reductasa |
| | | 234 | endonucleasa II |
| | | 235 | ARN ligasa |
| | | 236 | inhibidor de transcripción del huésped |
| | | 241 | dN 3' fosfatasa |
| | | 248 | dCMP desaminasa |
| | | 251 | cochaperona de ensamblaje de cabeza |
| | | 252 | proteína RIII accesoria de inhibición de lisis |
| | | 261 | ADN ligasa |
| | | 263 | proteína empaquetada de adenosilribosil transferasa |
| | | 264 | ADP robolisasa de ARN polimerasa AII |
| | | 266 | iniciador del tubo de la cola de placa base |
| | | 267 | placa base |
| | | 268 | subunidad del centro de placa base, determinador de longitud de cola |
| | | 269 | subunidad del centro distal de placa base |
| | | 270 | subunidad del centro de placa base |
| | | 271 | catalizador de montaje de centro de placa base |
| | | 272 | subunidad del centro de placa base |
| | | 273 | subunidad de la cuña de placa base |
| | | 274 | proteína de recombinación, reparación y unión a ADNmC |
| | | 277 | ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa |
| | | 278 | ARN-ADN y ADN-ADN helicasa |
| | | 279 | proteína de cápsido menor |
| | | 280 | proteína Hoc de cápside externa |
| | | 283 | ARN ligasa 2 RnIB |

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 | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------|--|-------------------------------|------------------------|--|---|---------------|------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 1 | 1232 | <3 | 224 | MAKINELLRESTTNSNSIGRPNL VALTRATKLYNSDIVATORTNQV VAFFYGIKYLNPDNEITPKTGAT YAGEACMIDREQETLETEESKLT LINKGDLFKYNNIVYKVLEDTPFA DIEESOLELALIQLAIVLKVRFLSD AASTSKEFESSSEIADARFOINK WOTAVKSRKLUKGITVLAQDLE ANGFDAPNPFLEOLLAITEMADEIN KDLQSLUTVSPRQVTFQDITGFI DLSYASAPEAGRSL YRAVCEMV SHIOKESTYTATFCVVASARAAIL AASGWLUKHKPDDDKYLSONAYG FLANGPLUYCOTNSPLDQVIVGV VENIGKEVNSIFYAPTYTEGIDL DDEPHVGAFAVADPESLQPSIG LLRVYALSANPYTVAKDEKEARI DGGDMDKMGARS | 410 | Precursor de Gp24 de la subunidad de vínculo de la cabeza B [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028545 09_1 | 0.0 (410/410) | Precursor de la subunidad de la vínculo de la cabeza | Proteína Gp23 de cápside mayor | plam0706 8 | 5e-13 |
| 2 | 2881 | 1316 | 225 | MTIKTKAELLNWKPLLEGGLP EIAINSKQIAJAKIFENQEOKFQFTA PEYKDEKIAQAFGSFLTEAEGG DHGYNATNIAAGQTSGAVTOGP AMGNGNVRRAPNLIAFDICGUDP MNSPITGQVF ALRAYVGKQFQIAS GAKFKAFLKASDQTLENGTYTHFFQ ETGTYVLOTAIAKQDQGASQDAD KLDAEIKKOMAEKVLVIAEGMA TSIAELQEGFGNSTDMPWNEMG FRIDKQVIEAKSRLQKAAYSIELA QDLRAVHGMDAAEL SGILATEI MLENREVAQWINYSAQVGKSG MLTPGSKAGVFDFQDPIRGQA RWIAGESEPKALLFQIDKEAVER OTGRGECAFHNASHNVAANLASY DTGISYAAQOGLATGFNTDTKSV FAGVLGGKTYRVIDQYDQYKQDYFT VCYKGPNEDAGIYVAPVIALTP LRGSDPNNFQPMGKFTRYGIGI NPFAESAQAOAPASRHSQGMPSIL | 521 | Proteína (g23) de cápside mayor [Fago T4 de Enterobacteria] | AAA32503.1 (503/521) | 0.0 (503/521) | Proteína Gp23 de cápside mayor | plam0706 8 | <1.0e- 180 | |

Figura 6A

| 3 | 3709 | 2800 | 226 | NSLGNMAYFRRVVV/KG | MLKEQULIAEAKOIDASVALDSIFFE SVNISPEAKETTGT/FEATVKQH AVKLAESHIAKIAKAEEEV/EVKNK EEAEKAJEKJUAQDASKFLDHLA KEWLTKENKLAVDQGKIAKEL/FESM LGGKELKFVEHHVVPEESDV/V AEMEEELQEHKEESARLFEELNK RDAYINYYQREVALSESTKOLTE SOKKEV/SALVEGMQYSDAFSSK LSAIVEMVKSNSKDESTEITSESINT PDTEAGLNFVTEAEDKSAQG AEIVSYA/KVASF | 269 | Proteina Gp22 de andamio de núcleo de procabeza | YP_0028541 29_1 | Se-147 (268/269) | Proteina de andamio de núcleo de procabeza | No se han detectado dominios putativos conservados | |
|---|------|------|-----|---|---|--|--|---------------------|--|--|---|---------------|
| 4 | 4378 | 3740 | 227 | MNEPQLLIETWGQPGEIIDGVPM LESHDQDKGLKRPGLYIECGVYD AEVNVRNKRLYPKRILEKAVKDYI NEQVLTKQALGELNHPPRANVD PMQAIIIEDMWVWKGNDVYGRA RVIEGDHGPDKLUNIRAGWIP GVSSRGGLGSLTDTNKGYRIVNE GFKLTYGVDAVWGPSAPDAWVT PKETTESQTAEADTSADDAYMAL AEAMKKAL | 212 | Proteasa de proteína de núcleo de procabeza | 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 | MLLIPETHELVLENVEALIPEAQG REFQLESSNKDQINTV/ENAL DETDLAVALSINE/NMPLENEFIK HVSRAGEITRTKDRKT/TERNAFQ TTGSKAKRRIQARKATKTKIANP AGQSRAQRKRKKAALKRKALG S | 141 | Proteina Gp68 de núcleo de procabeza | NP_049784. 1 | 8e-75 (141/141) | Proteina de núcleo de procabeza | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 6 | 5042 | 4803 | 229 | MEGLIEAIKSNOLVAARKLIAEA MAARTTDLKEEKIAJARNFLIEGE EPDDEDDEDDSDDKDDKKK DSDEDEDE | 79 | Gp67 núcleo de procabeza | YP_0028541 26_1 | 2e-19 (50/51) | núcleo de procabeza | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 7 | 6616 | 5042 | 230 | MKFNVLSLFAPWKMDERNFKD QEKE/DLVSPTAPKLDGAREFEV SSNEAASPYNAAFQTIFGSYEPGV MKT/TRELIDTYRNLMNNYEV/DNA VSEIVSDAIVYEDDTEVVA/LNLDK SKFSPKIKNMILDEFSVLINHS FORKGSDHFRMWWYVDSRUFFHK IDPKPKPEGIKELRLDPRQVQY VREITEETAGT/KV/GKYKEYFYD TAHESTYACDGMYEAGT/KIPIK AAVYAHSGLVDCCGKNIIGV/H RAVKPANOLKLEDAVYV/RTA | 524 | Proteina Gp20 de vértice portal de cabeza | NP_049782. 1 | 0.0 (524/524) | Proteina de vértice portal de cabeza | Proteina de montaje de cápsida similar al bacteriófago T4 (Gp20) | pfam0723 0 | <1.0e- 180 |

Figura 6B

| | | | | | | | | |
|---|------|------|---|-----|---|------------------------------|---------------------------------|---|
| | | | PDRRWYVDTGNMPARKAAEH MQHWMNTMKNRVYDASTGKIK NQQHNMSMATEDYWLQRDOKA VTEDTLPGADNTGNMEDIRWF ROALYMALRVPLSRIPODQOOG VMFDISGTISTRDELTFKFIREFLQ HKFEEVFLDPKTKNLKKUITED EVNDEINNIKIEFHRSYFAELKE AEILERRINMLTMAEPIFGKYISH RTAMAKDILONTDEIEQEAKQIE EESKEARFOQDPOEQEDF | | | | | |
| 8 | 7191 | 6700 | MFVODVTRAFFESGDFARPNLQF VEISVLGONETFOCKATPAGIV EKIPVGFMINRKINAVGDRIFD WTYTVMNDEAHDAQRKFVDWO SIAAGOGNEITGGKPAEYKSAIV RQYARDAKTVTKEIEKGWLWPTN VGEIQLDWDSNNNEIQTEFTVLA DWME | 163 | Proteína Gp19 de tubo de cola [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049781. 1 (163/163) | Proteína de tubo de cola | Proteína gp19 de fibra da cola de vírus similar a T4 |
| 9 | 9287 | 7308 | MTLSPGIEIKETTVQSTVNN TGTAALAGKFQWGPQAFQKQVT NEIDLVNTFFGQPTETADYFMS AMNFLQYGNDLRVVRADRTA KNISPIAGNIEYTISTGSNYAVG DKIVTKYVSDEVETEGKITEVDA GKIKKINIPITAKIAKAKEGYEYPT LGSNWTAEISSSSGLAATVIL KLTDSGILLAEIESAETAMTAOF QANLEKYGIPGVVAYPGELGDK IEIEIVSKADYAKGASALLPPGGS GTRASTAKAVFGTGQPTDSOYAI INRNDIAVOSIVLSTKRGCEKDII DSNIYIDDFAKGSEYIFATAQN WPEGFSGILTLSGGLSSNAEVTA GDLMEAWDFADRESDVQFLF AGSCAGESLEASTVQKHV/SIG DARODCLVLCSPRETYVGIPV/T RAVDNLNVWRATAAGSYTDNNFN ISSTYAAIDGNYKQYDKYNDVN RWPMLAADIAGLCAARTDNVSQT WMSPAGYNRGQLNVIKLAETR OACORDRLYOEAINPVTGIGGDG VLYLGDKTATSVSPFDINVR LFNMALKTNIGRSSKTYRLFELINNA FTRISERFETTAQYLOQGKALGGY EYRVCDTNNNTSVIDRNFEVA TFYIOPARSINYNTLNVFATATGA | 659 | Monômero Gp18 de vaina de cola [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 23.1 (654/659) | Monômero de vaina de cola | Proteína pfam0684 4 de vaina de cola de fago |

Figura 6C

| 10 | 11151 | 9319 | 233 | DFDELTGLAG | 610 | Subunidad de terminasa Gp17 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 22_1 | 0.0 (608/610) | Subunidad grande de terminasa | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|--|--|---------------------|--|--|
| | | | | MEDOPINALNDFHPLNEAGKILKH PSLAERKDDEGHWIKSOWDGK WPEKFSDYLRLHKVKVPPNNSD KPELFQTYDKNNKRSRYMGLP NLKRANIKKTOWTREMVEEWKIC RDIIVYFAETYCIAITHIDYGVIKV QLRQYORDMLKIMSSKRMTVCN LSROLGKTTVVAIFLAHFVCFNK DKAVGILAHKGMSAELDPTKQ AIELLPDFLQPGIVEWKGSIELD NGSSIGAYASSPAVRGNSFAM YIDECAFIPNFHDSWLAICPVISS GRRSKIIITTPNGLNHFYDINTA AVEGKSGFEPYTAIWNSVKERYL NDEDIFDDGWQWSIOTINGSTLA OFRQENTAAFEGETSGTUSGMKL AVMDIEVTPODHGFHRFKGPE PDRKYIATLDCESEGRGQDYHAL HIDVTDWQEVGVVLHSNTSHL ILPDIVMIRLYVEYNECPVYIENS TGVSVAKSLSYMDLEYEGVICDSY TOLGMKOTKRTKAVIGCSTLKOLI EKOKLIHHRATIQEFRTFSEKGV SWAAEEGYHDIDLVMSLVIFGWL STQSKFDIYADKDDMRLASEVFS KELODMGDEYAPVIFVDSVHSAE YVPVSHGMISMV | | | Terminasa 6, familia similar a terminasa | pfaam0323 7 | 1e-67 | |
| 11 | 11629 | 11135 | 234 | MEGLDINKLIDSLPGLIDGEEK VYEPQLQVEVKSNPQNRTDQE DDYGIVVRNMIMHQQQMLMDAA KIFLETAKNADSPIRHMEEVATLM GQMTTNREILKHKOMKONATVFM QVGTKGAVPTGQMNIONATVFM GSPTELMDIEGDAYEAQEAREK VINGTTD | 164 | Enzima de empaque de ADN terminasa Gp 16, 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 | MFGYFNNSFRRYATLMGDLFS NIQKROLESGDIFIRVPTYASK EHFMAMKLNKWTSINSQEDVAKV ETILPRINLHLVDFSYNAPEKTNIL NQNLQKGTTSVSYQYNPSPKM IYELSIFTRYEDDMFQIVEQILPYF QPHFTTMYEQFGNDIFFKRDKI VLSAAIDEAIDGONLSRRRIEW SLTFEVNGWMYPPVDAEGLR TYTDFFHANTRDLPDGEVFFES VDSERVPRDINPEDWDGTVKQT | 272 | Estabilizador de la vaina de cola Gp 15 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 | MATYDKNLFALKLENRTGYSQTN ETEILNPYNNFNHYKNSOILADVL VAEISQMRGVCECYVPREYVSP DIFGEDEHKNFTRKAVMKFAAYLN SFEQEYAGAKSFFSNFGMIVQDQE VTLISINPNLFKHQVNGKEPKEGD LIYPMIDNSLEINWVEPYDPFY OLQGNAIRKTAGKFYSGEEINP VLQKNEGINIPEFSELELPVRLN NGIHNDINIDQYAEDVDSNEAKEY VEPYVVNNRNGKSFESSPFND FMD | 256 Finalización de cabaza [Fago R832 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 | MSGYNSONIPKELKDVLRIGAP INVELTPDQYDCHORALLYEY HFDGLNKGFHFVYVGDDDEEKYK TGVEDLROSANVFAVTRILRTNIG ITSMDGNATYPWFTDFLLGMAGI NGGMIGTSCNREVGPNAFGAOL GYFTQLTSYMGMQDMLSPIPO FWFNSANEQLKVMAGNFQKYDII VESWTKSYIDTNKMVGNTVGYG TVGPODSWLSI SERYNNPDPHNLV GRV/GQDPNVKGAYNWRWK DYATALAKELNGOLLARHOGMM LPGGVTDQRLIEARLKEAHLR EELYLDPPFGILVG | 309 Proteína Gp13 de cuello [Fago R814 de Enterobacteria] | YP_0028544 96.1 | 0.0 (309/309) | Proteína similar al super- antígeno | PRK13345 0.004 |
| 15 | 15688 | 14231 | 238 | MIELKDLPLFVDSVPDEGGGERISW IKNGEEILNCASTKYGNDGSMNRP IVSVFKNVEVLDENIGILKTAETS OKDIKTIQGVLDVGSDIEALSQIS VNKNDISNLKTLNEHTDILTGTN NTYDKIADIGPNEDEENSYRTI RNDLWIKOELGGYSGODINGLP VIGNASTGMKHRIITNSTLSSQ GIRLSELENKFTESDVGSLTYEV GKRLDELCKPVDFGPNVYRNLN TIDDKOTLNSDIAEIKSSIGYPEN VSIITENNKKSSIESINNELNOQE GYKQRLTAIETSIGSDIDFSSIKG KINKHNTTSIESLNGIVGENTSSGL RANVSWLNQIVGTDSSCQSP SGSLLNKVSVLEGEVSVLNNN QNIQVEIGNNRTGIGQVIELTSLI NGNINPDGSTVEERGLTNSIKTNE TNAAVTHEVNTAKONISLOSSV QALQEAGYIPEAKPDGQAYRK | 485 Bigotes de cuello de fibrina [Fago R814 de Enterobacteria] | YP_0028544 95.1 | 0.0 (480/485) | Bigotes de cuello de fibrina | pfam0792 1 Región terminal C de fibrina |

Figura 6E

| 16 | 17248 | 15698 | 239 | DGEWVLLSTFLSPA | 516 | Fibras Gb12 de cola pequeña [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 94_1 | 0,0 (509/516) | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|---|--------------------|---|--|
| | | | | MSNNNTYQHVSNESKVVKFDPVG SNFGTVTIVSOSKISNGVN GIPDATAEVKGAMIASECEVLD GTNNISKIVTPATLATRLLPNATE TKYGLTRYSTNEETLEGSDNNSS ITPQLKYHTDDVFRNRYSSSESS NGVIKISSTRPAALAGYDOTTAMT PLKTQKLAKLISQIAPSEDTASES VRGVVQLSVTAQTROGTRREGY AISPYTFMISVAVTQEYKGIVRLG TOSEINSNLIGDVAVTGETLNRG ATGSMRGGVVLTTTOAGIAPEGD SSGALAWNADVNTRGGQTING SLNLDHLTANGIMSRGSQMPWKG DQPVATERTASERPVPGTMMF AGDSAPPGMIMCHGGTSGDQ FPDYRNVVGTRFGGDWNINPGV PDMRGLFLVRGAGTCGHILNORG QDGYCKDRILGVGCDGMHIVGGV OAOOMSYHKHAGGWGEYNRSE GPFGASVYQGYLGTRKYAOWD NASYFTNDGFELGGPPRDLGTL NREGLIGYETRPWNISLNIIKVH Y | 219 | | | Fibras do colá pequena | Proteína gp12 de fibra de cola pequeña de fago, dominio medio |
| | | | | MSLLNNIKAGVVISRALDEFGLFRTK KNDISVMNNINQPVGAUTISQIAKG FYDSSNVESAINDVRNMAEQQVG AVLINISGVSPPTGVQQTDYWSFE GTV/DTSAMPGDPVIVNMFGIPU KATNGMTSIEFTSAVRTALQLOEMV VKFIADSSEDFHPTIGNKIQVKYL NQEHILOYSDKGITFKGEIISPS KPGYGTWOLLAQTVTLDSHTQ PTVYYFERIA | 601 | Pasador Gp11 de cola de finalización de cuña de placa base | YP_0028544 93_1 | 3e-124 (217/219) | |
| | | | | MKQNINIGNVDDGTGDDYLRKG GIKINENFDLYELGGDVPYS AGAWKTYNAASSGGQTLTAEWKG SYAINTSSGRVTQLPKGTNDY NKVARDVFAVVNNNPVTLVA SGDTIKSSSSVEINQPSDLELV YCAPGRWEYVKKQDIIKISSDIS NVARKEFLVEVOGQOTDFLDVFH GTSYNVNINRVKHRCNELYGGD VFSSENSDFGSPGENEGELJPLDG FNIRLQPCNIGD7VQIEFMDG VSQWRSSYTRROIKVLDLSKLT | 601 | Pasador de colá de finalización de cuña de placa base Gp10 [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 92_1 | 0,0 (50/601) | |
| | | | | | | | | Proteína similar a bacte- riofago T4 gp9/10 | |
| 17 | 17904 | 17245 | 240 | | | | | pfam0867 7 | |
| 18 | 19709 | 17904 | 241 | | | | | pfam0788 0 | |

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 (287/288) | Conector de fibra de cola de finalización de cuña de la placa base | Proteína similar al bacteriofago T4 gp9/ 10 |
| 20 | 21643 | 20639 | 243 | 334 | Subunidad Gp8 de cuña de placa base [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049766. 1 (332/334) | Subunidad de cuña de placa base | Bacteriofago T4, Gp8 |
| 21 | 24734 | 21636 | 244 | 1032 | Iniciador Gp7 de cuña de placa base [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 89.1 (1022/1032) | Iniciador de cuña de placa base | Dominio de fibronectina tipo 3 |

Figura 6G

Figura 6H

Figura 6I

| | | | | | | | | |
|---|-------|-------|-----|-----|---|-----------------|---|--|
| | | | | | | | | |
| RSRQIMALEMNAFQIMVGGVAK FNIMLTAMLAGDWEKAYKAGRDSLWYQQTKGRASRVTMILITGNL ESYGVEVKTPARSLSAMAATVAKSSDPADPPNPDSRILFKEPVSSYGE YKEGPVPHMETTESCHIQEFD DTPGQERYRLVHPPTGTYEVEVSP SGRRTRKTVDNLDTNADGNFL VAGDKTKTNVGGSEIYYNNMDNRL HOIDSNTIFVRGDETKVEGNG TILVKGNVTIVVEGNADITYKGDA TILVEGNOTNTVINGLWSWKVAG TVWDVGGDWTKEMASMISSISGQDGTSRSDIG | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 26 | 29846 | 29256 | 249 | 196 | Finalización de cuchilla de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803091. 1 | 3e-109 (193/196) | Finalización de cuchilla de placa base |
| | | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 27 | 29894 | 30346 | 250 | 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 | 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 | 176 | Proteína Gp3 de finalización de cola y estabilizador de la vaina [Fago T4 de Enterobacteria] | 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

| | | | LQNSKTEVMSINFYPWWSOLS EVFSEYTEDSPALVCTATIPTTY FOVERDQKBAEV | Enterobacteria | | | | |
|----|-------|-------|--|--|---|--------------------|---------------------|--|
| 30 | 31857 | 32582 | 253 | MKLIFSGYKRSQPKDTTADIMIS NYSAVKYOLAGPKDKDALAYAWG VFAANTDYPCLTRKEFEGIYDR ETNLNLTRLEVTIMEQAFCYLNG KSPKGKFVFDOEQEESVNSVAF NQIDVNNHEODWSYRRLMQLG TDLUVNFDRMWWYKLFLALDYLQ KFNSGYDYYIPOTRODHEDA ARANGATVHVRPQGOKSNDTHI TEAGLPPIRDGLVLTNQOSLELF SKQNTLKV | 241 [Fago RB32 de Enterobacteria] | dNMP quinasa 1 | 2e-139 (240/241) | dNMP quinasa |
| 31 | 32582 | 32812 | 254 | MSEOTIEQQLSAENTLKSRLDT QDQAARLMEESKLOGSTLAELAH AVGUTGDTKVEEVEAVERNLTAE SADEE | 76 Montaje de la chaperona larga y fibra de la coia cora [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803085. 1 | 1e-32 (75/76) | montaje de la chaperona larga y fibra de la coia cora |
| 32 | 32819 | 33267 | 255 | MEFKDFSTGLYAAFKSELTLDA LEELORSLSLRVPNPVPREKHISTC YSRVMVPPYVPSGSGPFEVASSGH LEWKTKDGGSTLVLVDSEYLR RHMYARALQATHDFFDDYTPHTL SYNVPGLFSGSDQVQPVLDREY KEPLKLDWADDLK | 151 [Fago RB32Rf142c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803084. 1 | 5e-84 (151/151) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 33 | 33341 | 33598 | 256 | MKTKEFATKTTTESSHOMEVK LGIMALAEERLUSRIKELAAAVD PSIFPGDQITKVKALLACSDAGE IAKNGSIKMKRKRLEDLK | 65 Proteína RB32QR- f141c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803083. 1 | 1e-40 (85/85) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 34 | 33663 | 33908 | 257 | MEDVAKTYQEFAETADIVKVEFY TGKKDAKGEIMPVGRDADONF GQIAAOYDGDKTVVTGPAAVIEK WAENKSIFRKK | 81 Ip6 [Fago T6 de Enterobacteria] | CAA84458.1 | 2e-37 (76/77) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 35 | 33967 | 34152 | 258 | MKRCELIRNVAAIASASAFSFSMF VGFIQGILTTAENVFLSLVVAFLIG LIAVMDKSKGE | 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 | MNVEYYYYADYENNPSSQEDNR LGQDADSPAAWQWVERTDIP YRYIEVWDHAGKYPKEAYVASS KVNFLLFAGQNYPROGTTDIA KAFSEDELROIKENENKPMDSN | 132 Proteína ARN1.3 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_0029224 65.1 | 3e-67 (127/153) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6K

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|----------------------|--|----|---|--------------------|---|
| | | | RFDWWQIVNANTHTIVTDEG | | | | | |
| 37 | 34553 | 34840 | 260 | MILYAKVSSIENGKYDODAAKA LIDDYGLTCFEVEKYIDRSSSQ VKLVKEERKFNTVNDFFIETEK GPLEYDIFKNPLGLECIVNMYY KW | 95 | Proteína ARN1.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 96.1 | 1e-46 (91/95) |
| 38 | 34938 | 35010 | 261 | UGGGAAAUAGCCAAAGUUGUUA AGGCACUGGUUUAGAUUCCA GGAUUCAAGGUUGUUCAG UUAUUCCAG | | ARN1-Gln | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 39 | 35012 | 35095 | 262 | GCGAGAAUGGCCAAAUUGUUA AAGGCACAGCACUUAAAUGC UGCGGAUAGAUUUCCUUGUGG GUUCGAGUCCACUUCUGCCA | | ARN12-Leu | | |
| 40 | 35104 | 35174 | 263 | GCGGAAUAGCUAAUUGUUAU UACCUAGACUUCUCAAUCUGA UGAUGUGAGUUCGAAUUCAU UAUCCGCU | | ARN13-Gly | | |
| 41 | 35188 | 35261 | 264 | CUCCGUUAGCUCAGUUIJGGU AGAGCGUCUGCUUUGGGAGCA GIAACGGAGA UGCCACGGAGA | | ARN14-Pro | | |
| 42 | 35264 | 35350 | 265 | GGAGGGCGUGSCAGAGUGGU UAAUGSCACGGGUUCUUGAAC CGGCAGUCGCUCGGCGACU CAUAGGUCAAAUCUAUCGC CUCCG | | ARN15-Ser | | |
| 43 | 35359 | 35431 | 266 | GCUGAUUAGCUCAGUAGGU GAGCAACUCACUUCUUAUGAG AAGGUUGGGGUUCGAUCC GUCAUCAGCA | | ARN16-Thr | | |
| 44 | 35436 | 35507 | 267 | GGCCGUUAGCUGGAAGGGU CAAGCAAGGACUCUAUUC CCAGAUGGGGUUCUAUCCA CCCAGGGCCA | | ARN17-Met | | |
| 45 | 35520 | 35603 | 268 | GGGGAGUUAUCCGUAGAGGU AGCGGUGUGGACGUAAAUC AUUGUCAUUGGACUUGGGUG GUUCGACUCACCACUCCCA | | ARN18-Tyr | | |
| 46 | 35611 | 35682 | 269 | GGAUUGUAGCUUAAUGGAG AGGGAUCGGCUGUUAAGGSAU UGGUUAUAGGUUCGAAUCCU UCACGUCCG | | ARN19-Aan | | |

Figura 6L

| | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|--|-----|--|--------------------|------------------|---|--|
| 47 | 35800 | 35872 | 270 | GUCCCCGUAGUUCAGUUUGGU AGAACUCGAGAUUUGAUUUC CGUAGCUAUGGUUCACUCC CAUCGGUICACC | | | | | ARNt10-His | |
| 48 | 35880 | 35952 | 271 | CGGGGCAUAGCUCAGAAAGGAA GAGCAGGACCUUCCUAAGGUCC UAGGUUCGUAGGUUCGUACUCC ACUUCGUCCGA | | | | | ARNt11-Ag | |
| 49 | 35974 | 36324 | 272 | MKGNNYLVVHDLTFYFNHNDTVI SERVINLYQHADYVYVENEYGH WOFLKNSRSGLDGYEFDRKDL LDTIPLSTOYQNHKSLSHKCRILRN AESAYEAIDLWKRREYDSLKE Y | 116 | Proteína RB51ORF141 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 94_1 | 8e-60 811/116) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 50 | 36708 | 37181 | 273 | MKSYTQFLNEAVLNNEASSTEIQQA VAKAIAAGKYSYKQASDESRFQ FARDMKAEGFTGNAVSMWKSL VATGAAFAKASGKPKAPKADPKA AEKEKNVKGIAKYEAULKELVLT EGQKLARAYSFKDNPVHSLERY VEDIQKIKDKRIWSAKQIK | 157 | Proteína RB51ORF140 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 93_1 | 1e-83 (154/157) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 51 | 37307 | 37870 | 274 | MKTYAEFLTEAAKLPSEADLTKV YFOLDPKDQGDFLKWKAKAIKM YNIDNSSETMSQENKENKAKFMI SKKLASGAQPKPSVLATPERAPV KISKNMFDOTKVKYVNALNKDAL ODAKKAARDLQDVYTDFDRKT GSISNSERNSVSYVSDSL DVLD AYTEIKNRINTASKLKAEEAIISK LGK | 187 | Proteína RB14ORF136 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 72_1 | 5e-100 (163/187) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 52 | 38100 | 38363 | 275 | MDNYGELNFNFMKCVSEDFGRT VNDIKVIGPDHPMFETYAVMGNE OGQWYTVKVNIMFTAEGVYRL SSKVYHDNDIEAEYFNNMK | 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 | MNTLKKVVEFRTRKLGSAMAKNL VEEQYTAAGAKLLDKIKDQLTASV KSINEEKRIELVIEKNRQAESEKE REIRKLLSEGQDVTMHAKGLLY PRTAEQLTTKADGYAEMREIAK KVYELDDARQELAVKLEYIRETR AANALGISTADDVVEIAALTVDI EDTLARVEFNGNISGVETTSAD VQEYINSLK | 197 | Proteína e.6 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049742. 1 | 6e-105 (194/197) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 54 | 39106 | 39714 | 277 | MKMQSDFNSMFEFQRQVDP DQMLNALKRNAEGRNYWGSYY | 202 | Proteína RB32ORF- 128c hipotética | YP_803070. 1 | 4e-112 (197/202) | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 6M

Figura 6N

| | | | | | | | se | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|--|--------------------|-------------------|--|
| 61 | 42494 | 43033 | 284 | DEKILMKPHWYKYGKNNI | 179 | Proteína RB32ORF122c hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803064. 1 | 1e-100 (1176/179) | Endori- bonucleasa RegB de bacterió- fago 14 codificado |
| 62 | 43030 | 43359 | 285 | MRTFLTGPLYSLMNAFTHHSDA RVEEICKNEVYPPFDLKLQYCTL RLDGGGRQSIGKSTAVTNAFAANWL YDGGTIVMSNTSAYAKSAIDN KEFSRYSNDIIRFLRLFTDSVRSFI GNKGSKFRLGSLSRILYIDEPVK SPDMIDKIYSVHIDTVHCCNIKC CIGGITRQPQFFVIGMQ | 109 | Producto de proteína sin nombre [Fago T4 de Enterobacteria] | CAA28221.1 | 3e-57 (108/109) | REGB_T 4. Endori- bonucleasa RegB de bacterió- fago 14 codificado |
| 63 | 43366 | 43728 | 286 | MMTDTQLFEYLSPKTKINKLV NHFEILAKNNILSEFYPKQYKLOK GVFKGCRVLCTAPNARLMKIPY FTMEFIDGPFGPLUTOSLMLMADS EPFLIKEQSWINLFFN | 120 | Proteína vs. 6 hipotética Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 79_1 | 2e-63 (119/120) | Cofactor GrxA de radical glicilo autónomo |
| 64 | 43949 | 43949 | 287 | MKAYQILEGTHKKGTYFEDGIOA RIIVSKTFKEDSFVDEIFYGLHA REIEEQOPTVKIEGGGOHLNVNL RETTLEDAVKHPKEKPOL.TIRVS GYAVRFNSL.TPEQQDQVIARTFT ESL | 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 | MAKIIIEGSEDVLNAAFEWFNSNS GEQOFNEAWNMGDINGIPPTTEI SVQGYGIHEPRLVDTGTEE VKYD | 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 | MIEDIKGKPHDDKUSKVNAIKD AEVRLGJIFDALYDEFWEAFDSC EODEELAKNVAESDLDTIAKMKL KEASMWACRAVEOPEEKY | 92 | Proteína vs. 3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049727. 1 | 3e-46 (91/92) | REGB_T 4. Endori- bonucleasa RegB de bacterió- fago 14 codificado |
| 67 | 44546 | 45007 | 290 | MTINTEVFIIRRNLRRHFESEFR QINNEAREASKAAGVSSPHLKYS QHLLDRAIOREIDETYVFLHKI KOHVLEYNEFLSMPPRDPIDEDF IDGVYRPGRLEITDGNLWLGET VCKPNNAFKDPSLCRMNINSR | 153 | ARNasa específica de sitio [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803058. 1 | 8e-86 (153/153) | REGB_T 4. Endori- bonucleasa RegB de bacterió- |

Figura 60

| | | | | | | | fago 14 codificado | RegB_T | pfam1071 | 2e-27 |
|----|-------|--------|-----|--|-----|---|---------------------|---------------------|---|---|
| 68 | 45015 | 45560 | 291 | MRKALLAGLAIMMAHSSEHTF SINVOLDNMRYAYQFGEQFSKDI GKYKTHKNIIKSGLGHMMAILW QESSAGUNIJKSKPKHAYGMFQ NYLPTMRARVKELGYNMATDAEK RMLNRNSNSASWAYIELSYVLNI HKGDIRKAISSYNSGWNVYAGS KYASEVLEKANYLNKKLIEVN D | 181 | Proteína vs. 1 hipotética conservada [Fago 14 de Enterobacteria] | NP_049725. 1 | 6e-101 (180/181) | 4, Endorri- bonucasa RegB de bacterio- fago 14 codificado | |
| 69 | 45553 | 45894 | 292 | MTKILVLCIGLIFSV/LADTSYEI REYNRTAADYCGKNAKCAQAEF AQKLIAVYKDGGERDKSSRYKNDT LLKRYAKKWTNTECSVAEKKD AACHSAVUDRLVDSYAVRGKSTR | 113 | Modificador de sintetasa de ARN- vali [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 073.. | 5e-59 (112/113) | Modificador de sintetasa de ARNt-vali | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 70 | 45891 | 46370 | 293 | MIVKYIKGDIVALFQGNNIAGCN CFHTMGSGVAGQALARAYPKILEI DKTTEYGSRDKLGDMISVFKHS PTGFVICYLYTOYEPGPNLGY ALVNIMIENLQAOETLIFRPVYIP RIGCGIAGGDWDKVSKLIDMFTP DIDLIVDVYESTLPASV | 159 | Proteína Tk.4 hipotética conservada [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_0015952 33.. | 5e-84 (148/159) | | Dominio macro, familia similar a Pao1p |
| 71 | 46342 | 46554 | 294 | MKVYHPFPDPKRNKVEIIRQWER ICRTKCPINSPHDYDKDYGTFVE YTIDTRKGRRKOHVEEYCLKVTWL | 70 | Proteína tk.3 hipotética conservada [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 71.. | 6e-33 (67/70) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 72 | 46551 | 46757 | 295 | MSQTISILKNAHCCEKCEWPVFAL CNDDEMACDFDYWCYCSNKGCIN HKGEFGYSFYPPDFKEGKP K | 68 | Proteína RB32ORF- 111c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803053. 1 | 6e-33 (67/68) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 73 | 46754 | 469327 | 296 | MNSFELQEVRLRELDNIELAVN KGFAIGQKDGTGHLTMEIFKQK RILKLENI | 57 | Proteína RB32ORF- 110c hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 69.. | 2e-23 (56/57) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 74 | 46924 | 47109 | 297 | MSLSKEQDKLFELIHELLDEHT EANTFYDEYGPLSPEQQEFAD RFDKKENELIAYNM | 61 | Proteína Tk.2 hipotética conservada [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 68.. | 2e-26 (60/61) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 75 | 47119 | 47700 | 298 | MASLIFTYAAMINAGKSASLTTAA HNYKERGMGVLI.KPAIDTRDSV CEVSRIGKQEANITDDMIFEF YKWAEAQOKDIIHCVFVDEAQFLKT EQVHQLSRIVDTYNVPVMAYGL RTDFAGKLEEGSKELLAIADKIE | 193 | Timidina quinasas [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803049. 1 | 5e-110 (192/193) | Timidina quinasas | PRK04296 2e-77 |

Figura 6P

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|---|-------------------------------|---|
| | | | | | | | | |
| 76 | 47743 | 47955 | 299 | LKAVCHCGKKAIMTARLMEDGT PYKEGNQNQICIGDEIVSCLCRKH NELLKLG | 70 | Proteína rI.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049718. 1 | 1e-32 (70/70) |
| 77 | 47968 | 48261 | 300 | MILQLTTEKQLRNLTVLQLDIEIRRE VGNIIISALREVSLNQSPADYTRL RNFEKYLDKVKAVHRHKVNTGQ K | 97 | Proteína de mem- brana, regulador rI de inhibición de lisis [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049717. 1 | 2e-49 (94/97) |
| 78 | 48258 | 48644 | 301 | MALKATLFAMILGLAFLSPPIEA NVDPHFDKFMEGSGIRHVYMLFE NKSVESSSEOFYSFMRRTYKNDP CSSDFECIERGAEMAOQSAYRIMN IKLETE | 128 | Proteína MobD.6 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049716. 1 | 5e-68 (128/128) |
| 79 | 48740 | 48929 | 302 | MKFSDFSSGSKPSKADEYLGLL MAAQAYFHSAAHFETKSYARHK YDFIFELPDLIDKFLPTGEQYLGYSG RKYTPSIPDASKLPLTDIKMIDRL DQSNSYKEMPPAIQSTIDITGM FYOSKYLSSLE | 62 | Proteína MobD.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049715. 1 | 4e-27 (60/62) |
| 80 | 48928 | 49131 | 303 | MTRIEADKIKELVALIRKADEEL SDFAWFSAGIANNKIGEAEAKKDLDSK NALEADMFLDEIDHINTRV | 67 | Proteína RB320RF- 102C hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803044. 1 | 1e-26 (61/67) |
| 81 | 49134 | 49328 | 304 | MLTREOFFKIKLARDIEDTSYOLA VEHCEGGSYDGIAEAKKDLDSK AKLVQYLEMIRWNNEN | 64 | Proteína MobD.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 61_1 | 2e-29 (64/64) |
| 82 | 49318 | 49491 | 305 | MKTEKOMFLMKLIEEYANAVSDY ECSSRERGTAFAKEELKIMVDAH TKLQNFIEVNI | 57 | Proteína MobD.2a hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 38_1 | 5e-25 (56/57) |
| 83 | 49656 | 49841 | 306 | MTSEDAFKLKELIETYSKAVHTA TVIDESAFTSGHANKKTYKTLMEEA KVNLDSYIETLGE | 61 | Proteína RB140RF- 101 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 37_1 | 1e-25 (59/61) |
| 84 | 49843 | 50109 | 307 | MGFPLKEVGDLVLTKLWINGVQS VEICQYRGATGNLMTYINPEILL ECHLERFIKDIDSMFYSVSIVRK SDTKEYSKILEQIRANKKD | 88 | Proteína RB140RF- 100 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 36_1 | 7e-42 (83/88) |
| 85 | 50111 | 50644 | 308 | MKRLVLEVSPUFGELAIEKVNNM YRLTQEDDMLYTPSEIHLTOIE | 177 | Proteína RB320RF- 098c hipotética | YP_803040. 16-96 (169/177) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6Q

| | | | | | | | | putativos conservados |
|----|-------|-------|-------------------------------|---|-----|--|--------------------------|--|
| | | | [Fago R632 de Enterobacteria] | 1 | | | | |
| 86 | 50651 | 51172 | 309 | MFISSGSLIRVEFKNDIFLSQGD DIKMSYDEIKKICHALESHGKEN ATIDIGDWLTYEVSEGFNIED NNILAIUDKRSIDLFDVLYKVEQSN GGRKAVLVYQKPHSGCTASUINSI EDETOYMVCVLKAGGDRHPDFI SIRONGEISLSKSEAEAMIKYLIT TVTPSMKG | 173 | Proteína RB320RF097c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803039. 1 | 4e-93 (16/173) |
| 87 | 51175 | 51636 | 310 | MIINENSWHYKLKMFNDEWKR PKTLCAFYWSMIPFVFSFFGCT ILAGLTICAEIOLKWLIFGSILWTLI PSAFILAILLVLJLGSVIPACLHE KYKDVKWKKDYLHVENDRAY KGLPPIOPKKSIVELKARKAKV CPVIEYKA | 153 | Proteína RB320RF098c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_0028540 56.1 | 8e-63 (139/153) |
| 88 | 51636 | 52646 | 311 | MKTVMKSYFGSHLYGTSTPESD VDFKEIFVPPARDILIGNVKEHMS KNTNTNTSKNTKDDIDHIELYSLK YFFKLAADGETVALDMLHTPPPEL VWKSDLPDWKFQDNRSRFYTT NMKSYLGYVRKQASKYGVKGSR LAALRDVLAIVVNOIPEOWWDYQ EDGSIKORRTKVIEDIKHRLPENE FCEWVFNNHEKTGPOTFTYVLG RKYQTTLISLJEKLSLNHLDAEY GERARKVAEANEgidWKALSHAC RGGLQLEIYKTGDLVYPLQDAP FILDVKLGHPKPFKTVQEFLEDV DQEVAASESTEASKNGMOQKDM SFWDDFLEKVLNHRSYKK | 336 | Proteína RB320RF095c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803037. 1 | 0,0 (335/336) |
| 89 | 52764 | 52913 | 312 | MKTPIEVKKLIDTEISECFESFL EDATEDNAVYLAQKIIETLEKNQ | 49 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 90 | 52910 | 53173 | 313 | MTYYDVLMNHGWKLRLGHTK NCHMFTODGIEELHEMAEAGMK RSWFQDJKRKHYDOLHARRRQKA VELGAVEVSRRREAVKWIWTLK | 87 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 91 | 53243 | 54211 | 314 | MKTVTINKGIGYFGKEISGTFELLG EWFPDNAPVDAQDGKVFVEID GKRRGVMVYKSDISYDGKVKEE VKESTYEDMKTRINKRFAVMGMM | 322 | Proteína RB320RF094c hipotética [Fago R632 de | YP_803036.1 (319/322) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6R

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|--|---|----------------|--|--------------------------|------------------|---|
| | | | TNGINGNIRSLIISGAAGIGKTYS LDKALNKANDONGYIEY'KSINGKIS GIGLYEQLWNREENSVLIDOV DVSNDILNLKAALDTGETRK VCWSTASSYLEEKGIEREFEFKG TIVFITNDVDRDORGTKLAPHL QALVRSYLDLGHTNEEMVR VEDVILSTDMOKRGLSDEETYK ALSWMKVNRLRNVSILRTALY LADEFMTOKNGWEELAETVLLK | | Enterobacteria | | | | |
| 92 | 5413 | 54615 | 315 | MLYSKAREYETIKEAVWFKAFT MRWTNDWEYSKHNKKPVMTRK AHMLVLIREDQIKAREALQNHKK AAFEWMNDNTAPETKAVSAWF SGKNCERSFF | 100 | Proteína NrdC.9 conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_04970.1 | 8e-52 (98/100) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 93 | 54676 | 55203 | 316 | MNAKDIFLNVNNDGKFKEAQ SKFFNDISGGETVDDGKTFKSR WNWVVIDEIGVEYKNTNKNRTL HWSRDTNEQYKKDKASKLSRV QEDIEFIKQDILMYDNLLAEQAVI DKFDEIKASREIPDFMKESUNER YTLSERIETYKKQRAE FRONTLRK FEERLKTVLA | 175 | Proteína NrdC.8 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 28.1 | 9e-96 (175/175) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 94 | 55259 | 55666 | 317 | MKQLIQLRNLICLCLIAJAYYY AINDYMHYKDYDVNTVNTITGQ GKGSSLFSFIAYELKDGYRFSEYI SPEMYSSIEKGDNITVSLRPFDV KOTLFDNIVWFFGMVLVOSVCG AYIVCSILCIFSKIEIE | 135 | Proteína NrdC.7 hipotética conservada, proteína de membrana pre- dicta [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049705. 1 | 9e-66 (122/133) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 95 | 55674 | 56561 | 318 | MSVVINNVNAVIKSUVNKKLNEW TVLRRGEPEDKFHRNPPTLDLV IDRDVHAELDIKEFKVUDGFLDKH LORTNGSGMGLSNRMKALNKIG ALSRINASEURNYNKGYOLGYGRLL MPKLSFDOMIALWENORRLLA LGARLAKGLDKOMIFKTNTTEDL KCFKFESTRGDDYIARSTDYVN MGHHLCIAFEVKEAGTLEYVS GAKCPIGSNCILYRDPDESSSTKL PTKPVPVRSNEKHSEQUAYFNQ IEELNISIOCYDDEIFRLSGLSSKA KSEREKLKIVIDLKS | 295 | Proteína NrdC.6 hipotética [Fago RB14de Enterobacteria] | YP_0028544 28.1 | 8e-170 (291/295) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 96 | 56570 | 57598 | 319 | MKTRSQIETMVRNASYTRODMT FLCEENNLDPKVNRVIIHFKYTN SSEWVRNFSAKGAYITQMTAREQ LTDFFCKTIDYKNPLIVQGVQSK | 342 | Proteína RB32/ORF- hipotética 088c [Fago R832 de Enterobacteria] | YP_803030.1 (335/342) | 0.0 | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6S

| | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|-----|---|---------------------------------|--|
| | | | | | | | | |
| 97 | 57656 | 58657 | 320 | MTRNEYIKFSNSVDDDKAIPMFG QNSVLSSINQWLNSYDASIVSSTK FHEIRKISSRSVOKDVKKTFKESR LLSYLVNDRDILGNGKEKVRDVK VGYNWFGDVNSYHNIKEPDENI FTTRWISNRFLFKKOIKSASKLC YGDYRQIHPPLASDMLIIKEYELDK NKVSIEVNYGFFTPETNOKNINKF FSIASTITROLETALLCMEVENEIH TYPFKNICGWEGYKLVLISLREVK CAYSPPTDKEIYQQKCDEVNPK EFTTIEELIMECIOSDSEPIERPE VIALEKAYKEVLEISNKAKQEYEQ AKRIWEESYNRLDRLECAOLIK | 333 | Proteína NrdC.4 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049702. 1 (330/333) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 98 | 58710 | 59636 | 321 | MKTRKHIDYDFDSLITKHNRYQIG HRAVINNLQFPLDYGWENHICK DTQNAVYHSLSGLSLEWFKRSRL LSSVIAVNVKMFPYSYETNVS NASVVTENINNDVKRTYLEEWFS KDSKEKFASFSHEFNNNVNML FKHSRRLEFHGSNRTINVANKD WVTAKFTPSQNGQFELSHICAP HEIYKNLPYMKPREANKHNETIS SLAYNLRVLLSDMDVVKSFDDNT NYGLSLEFTKFVIKLKDPSEFKPT PKSNHGNDTMKEEREYLSARLIE VEQOIEEHTKVULKALTAKANGLR NAIEVLK | 308 | Proteína R832 ORF086c hipotética [Fago R832 de Enterobacteria] | YP_803028.1 1e-180 (307/308) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 99 | 59633 | 60022 | 322 | MKKRLLEDIASSNSLIIIMAGE EDDMEMFPGKIHGCDLDIFKPA WDAIMAMVERRERASRASKVNPNC PEGTEQVOLINWRKPELEYKCR QCKHKFSKHAPEMVKLPOSTEF FKELVSVOPMPNPNILD | 129 | Proteína NrdC.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0285442. 2.1 (129/129) | ARN sintetasa clase I (K) 1 0,002 |
| 100 | 60025 | 60267 | 323 | MTRKEYMEA-EAKAVRELAJAYY NEHGKFPDRYSVLSALTRSJK | 80 | Proteína NrdC.1 hipotética | YP_0028544 2e-39 | No se han detectado dominios |

Figura 6T

Figura 6U

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|--|---|-----|---|---|--|------------------------|
| | | | QSKTEKDYDAFOAYEYEVNTLF SSNGQTTPVUTIFGTGTDWTER MIQKALKNRIKIGLGRGQTPIFK LVMFVEEGVNLYKKDPPNYDIKQL ALECASKRMYPDIAKNNKAITS SSIPSPMGCRSLSAWKDSTG NEILDGRNNLGVTNLPRIALDS YIGTOFNEQKFTELNERMDLCF EALMCRISSLKGVKATVAPILYQE GAFFGVRUKPDDDIELFKNGRSS VSLGYGIGHELNILVGRDIGOELT KMNRALKOWAERTGAFASLYST PAENLCYTRFCKLDTEKYGSVKO VTDKGWYTNSFH/SYEENITPFE KISREAPYHFIATGGHISYVELD MKRNLIKGEAWWDYAQHLDYF GVNMPVDKCFTCGSTHEMTPTE NGFVCUSICGETDPKAMNTIRRTC GYLGNPNERGFNLGKNCMEKMR VKHQ | | | | | | |
| 109 | 64066 | 64536 | 332 | MYNDRFYPCDFVNGPGCRTVLF VTGCILHKCEGYCNKSTWNARN GIPFTGETLEQIECLANDYIEL TTGGDPLYFDNRDVHICVQTVK NLYPKNSIWLWTGYKFEDIKOLE MLKVDVIIIDGKTEKNLPTKWL RGSDNORLWSNTDGWWHD | 156 | Subunidad de ribonucleótido reductasa anaeróbica [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803017.1 3e-87 (155/156) | Subunidad de ribonucleótido reductasa anaeróbica activación de ribonu- cleósido reducasa anaerobia | TIGR0249 1 4e-55 |
| 110 | 64529 | 64642 | 333 | MILKINYIMDTINDMIFHFGPEFYS QYSLVILNAWLIN | 37 | Proteína hipotética RB32 ORF074c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803016.1 4e-13 (37/37) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 111 | 64652 | 64867 | 334 | MYKFRKGGLADFLTTVTFELMAV GAFLIPFIAFFVVISPERGLSSS EFNERLDKITKLNAVLDKKA | 71 | Proteína Gp55 & hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 8e-32 (71/71) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 112 | 64870 | 65181 | 335 | MISFERYYVYESWNGFDMFGNDY YFYECSLNPSEWAQREQDLEIN ARADLIGELPTTYFTFDESGFVI QVYFPEENSQEDSVNPYWAYQ GIISRGTKLKE | 103 | Proteína hipotética RB51 ORF079 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 6e-54 (103/103) 32.1 | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 113 | 65153 | 66476 | 336 | VEQNSLNKNIKEVYGPDEVGR PGCOSVTKLKLNAPEFTFYKV TNNGKEYDPLIVSLAKRAGFTS LNIRYPVIFINDSRKNIKHFKTL | 107 | Glutaredoxina [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 1e-55 (31.1 (106/107) | Glutaredoxina Glutaredoxina 2 7e-04 | plam0046 2 |

Figura 6v

| | | | ISLGYDRIED | | | | | |
|-----|-------|-------|------------|--|-----|---|----------------------|---|
| 114 | 65634 | 65816 | 337 | MVWDKEIKKGQYFYINGNVRV TYNGFVEYYILKLHKOMICDR AVFSSVAKEIKLHG | 60 | Proteína Gp55.6 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 07_1 | 2e-26 (60/60) |
| 115 | 65809 | 66102 | 338 | MGKTYRKDKDLYDFGKRK ADPGVSKHDKAVNEFNSDKNR MKGDSEVKDELNRQRLSERVKL KKSYYDDDFDNTSQRVAKRS NECYRYS | 97 | Proteína Gp55.5 conservada de función desconocida [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049684. 1 | 6e-48 (96/97) |
| 116 | 66110 | 66241 | 339 | MNIKRMLFKQGLYLTLNATPKGDT TKWSVNDWIKFIDENGNWEI | 43 | Proteína Gp55.4 hipotética conser- vada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049683. 1 | 2e-16 (42/43) |
| 117 | 66242 | 66442 | 340 | MNPESKLQSQIAEERAKFFONMI KHNGIEDEVFLNWFWNNKYAAC EQUALSLSVAMMYEGWKGAKKFS | 66 | Proteína Gp55.3 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049682. 1 | 1e-31 (66/66) |
| 118 | 66495 | 66821 | 341 | MTIQKNAINSYAYDKVVSLLKEKG DVTQPOILDWKWEELHQTMKQND QKIGRTVRELIVQYILSEFDVKA FGEVESKAYQIKHESDKTIRRMKAN ORKKKFADLKIKTV | 108 | Proteína Gp55.2 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049681. 1 | 6e-56 (108/108) |
| 119 | 66824 | 67039 | 342 | MNEALINDIIRLAGYEVNNTGIGL TQIEENGNGFILEYFSQNWLYANY NV | 71 | Proteína Gp55.1 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 02_1 | 2e-32 (71/71) |
| 120 | 67036 | 67305 | 343 | MKUNISIAIEENFGFYVDQYMKIS FPFNKITGVGWIESHVSLENESE YVSTHKKFLDFLYRADINHLHYDI HEFKKMMIEKVFDAYCerteria] | 89 | Proteína hipotética RB14-ORF65 [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028544 01_1 | 2e-41 (81/89) |
| 121 | 67384 | 67941 | 344 | MSETKPKVNYVINKELLOAIDW KTELANKNPKHVKVRQNDTGIA EMIAEGLSKRFNSGTYOSWIK EMIADGIEASIKGLHNFDETKYN PHAYTOACFNAFVYRICKER VAKKYSYFVNHYDSRDDMVA LVDETFQDQYDGMTHYEESTYRT PQAEEKSVVDDSPSLDFLYEAN D | 185 | Factor Gp55 sigma para transcripción tarde de T4 [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049679. 1 | 7e-106 (185/185) |
| 122 | 67925 | 68143 | | MRLTINLSGFLEEIPVEAIPYLK MLREVLAIDIIDPENPYOTAFK SNGVELNYRYHLTDDDFYFILEK | 72 | Proteína A-g1-5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049678 (7/272) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6W

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|-----|---|--|---|---|
| 123 | 68145 | 68462 | 346 | MTDKPEINDEVEKLISSEEEKNRL AQAAENNNAQAYEAKKSRDL KOPYNDIEULWKTRSQIEDMI DAYTRKIOAS | 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 | MLTIVKFKRUKINAAGFTESLNGH LCVKISEKEYHDSSIKEVNPPVR ADPNMKVWVDSYQVKKWWOL | 67 | Proteína hipotética RP320RF062C [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803004.1 2e-32 (67/67) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 125 | 68638 | 68811 | 348 | MINTOSEIDYNNKRSSKEEMARR FKESHOKAKAEGTIKYKRIFSS NEPLYGVLG | 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 | MKVCFMARGLEGGVTKFSLE ORDWFIKNGHEVTLYVAKDKSFT RNCAHDYKSFSPVLLAKEYD LKLVNDCDILINSVPATSVEDTI NNYKKUDNIKPSVRAVVOHDHS SLSLRRNLGLEETIRRADIFSHS DNGDFNKVLMKWEWPETVSLFD DIEEAPTYTNFOOPPNDIAKVREST YWKKDVSINMMNRWIGRTTW KGFYQMFDFHKEHLKPAGLSTM EGLERSPAFPIKEKGIPYEYRL HOVDQIKAIPNPLTOILDRYVNSE MLERMSSGGFGYOLSKLDKKYL ORSLEYTHELGACGTIPFWKS TGENLKFVONTPLTSHDSGIN FEDNDMESTFERIKLSSDRTL DREREKAYEFYLOHQDSSFCFK EFOFDIITK | 400 | Alfa-glucosil transferasa [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 18.1 0.0 (398/400) | alfa-glucosil transferasa | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 127 | 70257 | 71276 | 350 | MKILNGDWHLGKVADDEWQS IQLDGIKOALEYSKKNGITIWQY GDIFDVRAKITHKTMFAREIVQ MLDDAGITLHTVGNHDMHFKT LTINASTELLAKYPNVKYDIFT TVDFDGCLDILIPWMCCEANTGEIL EHIKTSSASFCVGMWELNGFFY KGMIKSHGLEPDLFLKTYKEVWSG IHFTHSEAANVYIGIFMNTLTA DENDPRGFWMDFTERMEFIP NNTTWHRRIHYPFKGKDYKDFT NLSRVVIVTEVKNLTKFESELK VWHSLRVVSKDNSESDOSEEV EVOSLOTLMEEYNAIPDTSDR EALIQYANOLYEAQ | 339 | Subunidad G4a7 de endonucleasa de recombinación [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 16.1 0.0 (331/339) | Subunidad de endonucleasa de recombi- nación | TIGR0061 9 5e-05 |

Figura 6X

| 128 | 71273 | 71536 | 351 | MTEDEFKNVMSOHECEVKDD IGHKENIYWFEPELEVDNCIKV TVCCTDWAWSNFNLNDTPKSL RDMAVSCKIDAYCEVFID | 87 | Proteína hipotética RB320RF057c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802999.1 9e-32 (87/87) | 1e-43 (87/87) |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|---|---|--|
| 129 | 71517 | 71723 | 352 | VKFSTFDINDEFIANIDYEDSR YGIYITSKTAGQVYCMAEFDEY FLDDOMIEWSKRYKRNLL | 68 | Proteína hipotética RB320RF056c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802998.1 9e-32 (68/68) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 130 | 71762 | 73402 | 353 | MSSVGGNPIDIQLDKVQTKLITGR NGGGKSTMELAITFGLFGKPFRD VRKGQOLINSTNKKELLVELMVEY DEFKKYVIKRGQKPNVFEITVNGT RUMESASSKSKDFQAEFEOLIGMSY ASFKQIVVVLGTAGYTPFMGLSTP ARRKLVEDLLEVGTLAEMDKLNK AIRELNSONQVLDVKKQSKSIQKI KHNNDVNERQIKLTGDNLTRLQN MYDDLAKEARTLKSEIEEANERL VNIVLDDEOPTDAFNKIGQEAFLK SKIDSYNKVNNMAYHEGGLCPTCL SOLSSGDVKVSKOKVSECTHS FEOLSTHRDNLKVLFDEYRDNIK TQQSLANDIRNKKQSLLTVDKA KVKVKAIEKASSKFIOHADELALL QEELDKIVKTNTLVMEKYHRGIL TOMLKDSGIGAIKKYPLFNKQI NHYLKIMEADYVFTLDEEFNETIK SRGREDFSYASFSOGEKARDIA LLFTWRDIAEKVGYKINTLILDE VFDSATDOVEGVKAISTDSLNT NVPVISHRDHPQAYQGHLOMK KVGRFTVMV | 546 | Subunidad Gp46 de endonucleasa de recombinación [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 90.7 (545/546) | 0.0 (545/546) |
| | | | | | | Subunidad de endonu- cleasa de recombi- nación | ABC_sbc CD, SbcCD y otros comple- jos Mre1/ Ra d50 (MR) están implica- dos en el metabo- lismo de finales de ADN | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 131 | 73458 | 73646 | 354 | MVEYSTGQHLLTIPEIKYLRNNF SNEEHIVTESMLRNAFKAEYTKI MSNRNEAMTVTDYYD | 62 | Proteína Gp45.2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049668. 1 (62/62) | 4e-29 (62/62) |
| 132 | 73656 | 74045 | 355 | MTKITVNYTVVKDIOPKHVSE SIPNONKIRRAWVLSLSDNAM EVIONKIKSAPARHAYEALIREV SNKWIELMRKHTEESLNAGAKFI MTSGGERLEDEYCGNADERLIV AAQVALETTAAADFNR | 129 | ARN polimerasa de unión [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 88.1 (129/129) | 5e-71 (129/129) |
| 133 | 47101 | 74787 | 356 | MKLSKDTTALKNFATINSGIMLK SGQFIMTRAVINGTTYEAANISDV DFDVAIYDLNGFLGILSVNDAE ISQSEDGNKIADARSTIFWPAA | 228 | Pinza deslizante de ADN polimerasa Gp45 [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802993.1 2e-129 (228/228) | Pinza deslizante de ADN polimerasa Gp45, temalC |
| | | | | | | ARN polimerasa de unión | pFam1078 9 pFam0911 6 | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6Y

| | | | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|-----|---|--------------------|---------------------|---|---|------------------------|
| | | | | | | | | | | | |
| 134 | 74839 | 75798 | 357 | MITYNEKEHILFEOKYRPTSTDECIL PAFDKETFKTSKGKIPHIILHSP SPGTCGKTTVAKALCHDYNADMM FVNGSDCKIDFYRGPLTNFASAA SFDFGROKVNIDEFDGRSLGAESQ GLIKPLOSRCSRVITFFGOPTDEKDI EMMKOMIRRLTEICKHEGIAJAD MKVVAALVKKNFNPIDFRKTIGELD SYSSKGVLDAIGISLVTNDORGAI DDVLESIKNODVKOLRALAPKYA ADYSWFVGKLAEEYYSRVTQPSII RMYEVGENNOYHGJAANTTELHL AYLFQIACEMQWK | 319 | Subunidad Gp44 cargador de pinza, proteína accesoria de ADN polimerasa [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049665. 1 | 0,0 (319/319) | Subunidad cargador de pinza, proteína accesoria de ADN polimerasa | La superfamilia de AAA+ (ATPasas asociadas con una amplia variedad de actividades celulares) | cd00009 5e-06 |
| 135 | 75800 | 76363 | 358 | MISLFEDDIOLNIEHOVAVYSKDW TAVQSAADSPEKEAENEFTEIGA INNIKTKCSIAQDKDYSKEMYENAL SQSPECIMPAYAMNLIGSSLSD EAHFNYLMAAV/PRGKRYGKWA LVEDSTEVIJILKAKRYQVNTND AINYKSILTKNGKLPLVILKEKG VTDDFLKVEYTKNVKEOKOKKK LEW | 187 | Subunidad cargador de pinza Gp62 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 07.1 | 2e-105 (187/187) | Subunidad cargador de pinza | No se han detectado dominios putativos conservados | PRK00440 1e-24 |
| 136 | 76365 | 76733 | 359 | MIEITLKPKEDFLKVKEITLTAGI ANNIKOKVLYQSCHLQKKGLYI VHFKEMLRMGROVEMTEDE YRHDIAVLLEDWGGLIEVPGQR TEMKDLTNMFRVISFKQKHREWKL VPKYTGIN | 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_1 eg. regulador de la traducción de bacteriófago | pfam0181 8 6e-46 |
| 137 | 76735 | 76956 | 360 | MTAITPOQEYMASLKEKYNLSATV TLFDLPENLQLKFQVEFQKLVHP EQKHFTAVVKSINADGMIIIFTRQI VLI | 73 | Proteína hipotética RB320RF047c [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 83.1 | 5e-34 (71/73) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 62

| 138 | 77035 | 79731 | 361 | MKEFYSISETVGNNNVERYIDENG KERTREVEYLPTMIFRHCKEESK YKDIYGKNCAPOKFPMKSKDARD WMKRMEDEIGEALGMNDFFKLAYI SDTYGSEIUVYDRKFVRVACDIE VTGDKFPDPMKAEVIEDIAITHYD SIDDRFYDILLNSMYGSVSKW DAKLAAMKLDCEGGDEVPOEILDR VIYMPFDNEROMLWEYINLWEQ KRAIFTGWNIEGFDVPYIMNRV KMVLGERSMKRFSPGRVKSKLI QNYAGSKEIYSIDGVSLIDYLDLY KKFAFTNLPSFSLESVAQHETKK GKLPYDGPNKLRETNHORYISY NIIDVESVOAIDKIKRGFIOLVLMSN YYAKMPFSGWMSPIKTWDIAIFN SLKGGEHKVPOOGSHVKQOSEPG AFVFEPRARRYIMSDLTSLYP SIHQVNISPETIRGOFKVHPHEY IAGTAGPKSEEYSCSPNGWYTO KHOEGIPIKEIAKVFQRKDWWKK KMFAEEEMAEAIKKIKMGAGSC STKPEVERYVKSDDFLNELSNY TESVLNSLIECECAATLANTNLQ NRKLINSLYGALGNIHFRYYDLR NATAITIFGQVGIOWIARKNEYLN KVGTTNGEDFHAGDTDSVVYC VDKVIEKVGLDRFKEQNDLVEFM NOFGKKMKMIDVAYRELCDY MNINREHLHMMDREASCPPLGS KGVGGFWIKAKKRYALVNYDME DKRF AEPHLKIMGMETQQSSTP KAVOEAEFSIRRLOQEGEESVQ EYKKNFKEYERQDLYKIAEVKT ANDIAKYDDKGWPGEKCPFHIR GVLYTRRAVSGLGIVAPILDGNKV MVLPLREGNPFPGDKCIAWPSGT ELPKERISDVLWSDYSTLFQKSF VKPLAGM CESAGMDYEERKASLD FLFG | 898 | ADN polimerasa Gp43 [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 82.1 | 0.0 (898/898) | ADN polimerasa | Familia B de la ADN polimerasa | pFam0013 6 | 4e-70 | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|---|--------------------|------------------|--|--------------------------------------|---------------|-------|--|--|
| 139 | 79913 | 80293 | 362 | MKIALVALGLTGCAOGPVNQ SDVGKIVNCSSKFYNPVNCYKE APKQTVEOMQANFDEAIRPDES AQAYRNISDVTREEKINCYCAEL WAHWWNNYQWRTGNAPEY VVSNSNCVKNLT | 126 | Proteina lmm. 1 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028540 02.1 | 3e-68 (126/126) | No se han detectado dominios pluritivos conservados | | | | | |
| 140 | 80301 | 80552 | 363 | METLVAGSIFIMVLVSGVLAIYML | 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] | (8/83) | superinfección de proteína de membrana | putativos conservados | |
|-----|-------|-------|-----|--|---|---|---|--|
| 141 | 80706 | 81446 | 364 | MISDMTVEEIRLHLGLAKERDF VVDKTVKTEILGASVADEPFIF GALNDIEYICRELEVVKSLSLFVK DIPGETPKWQVQVASSKGGEINSN YGWAWMSEDNYAQYDMCLAEIG QNPDSRGIMIYTRPSMOFDYN KGDMDFMCINTYOLURDKKV NAVVSMAERSNDCWAGYRNDYAW QKYVLDKLVSQDUNAGQDPSRQYK AGSINNNVNGSLHYYENOFYLVDH WWNTGETHIAKKDYTGWK | 246 dCMP hidroximelasa Gp42 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028539 99_1 2e-136 (235246) | dCMP hidroximelasa | TS_— pirimidina- Hmasa. Timidato sintasa y pirimida hidroxime -lasa |
| 142 | 81437 | 82078 | 365 | MEVNPHVYKYKHPKTKWYIG SHDGHNPNMVGSGAMWHVWAK KYGIKSFRKEILEYEGPMFPROVEI ILTCDAANCIPDSYNLKNEAWG GSFPGRGLNGMYGKRLSPGERYK CGNAFRGKRPDHSKRUMKGEGN PMYGNKEQAYGIRRAKENSGKT YEEIGVKEKAKETIMSKRKKGK PHNLIEKICPHCGLKGRGPMTTR YHFDCKALK | 213 Endodesoxiribo- nucleasa [Fago T4 de Enterobacteria] | CAA93271.1 (51/147) 7e-66 | Endodesoxiri- bonucleasa | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 143 | 82075 | 82917 | 366 | MIGFVPSYQRVGAVASALDMFPT DYEPIHVREHEEKAYYDAYGSK AKIGRMWIDDDTTIRMSSMWR DORRCYDKVQNLTREQFYELIQY VEDAMDGYYGHARLPFKITS SMGNYRENSYGFNTWYDLGK LTTGGIGYKIDCEDMYAFLNL NOGYPHLAFKLYVUSGKAQAP GGCSRSNSKHNRALEQINREF PEOARWKTTSNIEKRKSLGEED PLKVLRMCVSRKEKESEHKFN AIHPAVD | 280 Proteína RB32ORF041c hipóptica [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 77_1 5e-167 (278/290) | No se han detectado dominios putativos conservados | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 144 | 82996 | 84177 | 367 | MSIADLKSRLUKASTSKMTAELTT SKFFNIEKDVRITKIPMLNIAISGAI DGGMOSGLTIFAGPSKHFKSNM SLTANVAYLNKYPDAVCLFYDSE FGITPAYLRSMGVDPERVHTPIO SWEQKIDMIVNOLAEFGERKVA FIDSIGNMASKKETEDALNEKSV ADMTRAKSLKSLFRIVTPYFSKIN | 393 Proteína recombinante similar [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802982.1 0.0 (39/93) | Proteína recombinante similar a RecA | RecA es una enzima bacteriana que tiene roles en la recombi- nación |

Figura 6BB

| | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|---|--|---|
| | | | | | | homóloga repara- ción de ADN, y la inducción de la respuesta SOS. | |
| | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 145 | 84170 | 84508 | 368 | MSKDDLDLEIDESPSEGEER KERLFNEULIIKSAMENVIQEIVI KLEDGSTHIVYVTKLDWVDGKV MDFAVLQDQERKAELAPHVKEKCIT MQLQDAFNKRSKKKFKFF | 112 Chaperona GroE de ensamble del vértice de cabeza [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049655. 1 (104/107) | Chaperona de ensamble del vértice de cabeza |
| 146 | 84518 | 85945 | 369 | VVEILSHLIFDOAYFSKVKWPYMD SEYFESGPATKFKLKISHVNEY HSVPISNALNVALENSSFTEY SGVKTLSIKLADSPEHDHSWLVE TEKYVQORAMFNATSKIEIOTNA ELPPERKRKKMPDVGAIPDIMRO ALSIISFDSYVGHDWMDYEARW LSYMNKARKVYPFKKLKLNKIKTKG AETGTLNVLMAGVNVGKSLGLC SLAADYLQLGHNVLYISMEMAAE VCAKRIDANMLDVSLLDDGDGH SYAEYKGKMEKWREKSTLGRLI VKQYPTGGADANTFRSLLNELKL KKNFVPTIIIVDYLGIICKSCRIVY SENSYTIVKAIAEEELRALARAVETET VLTWAAQVGKQAWDSSDVNMS DIAESAGSLPATADEFMLAVIETEL AAAEEQKLQKIQKSRYGDKNKWK FLMGVQKGNOKWVIEQDSTPT EVNEVAGSQSOQIAEQNRQRNE STRAQLDALANELKF | 475 Subunidad Gp41 de ADN primasa- helicasa [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049654. 1 (473/475) | Subunidad de ADN primasa- helicasa |
| 147 | 86004 | 86186 | 370 | MELVKVFMGWFKNIESMFTKEI TMMKDDQWATTQYAEVNKALV KAFIDDKKKCEVDCRG | 60 Discriminador Dmón de la degradación de ARNm [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049653. 1 (60/60) | Discriminador de la degradación de ARNm |
| 148 | 86188 | 86430 | 371 | MHIVLFKPTPYNVRKNTOPFKALLA DTWELVLDIPAEESPFPGRVEFIK FAVRTRKRQCKYFRKIVKL EKOLLMLVK | 80 Proteína Gp6.1.hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | YP_0028543 72.1 (74/76) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 149 | 86494 | 86748 | 372 | MMLVNREYQFKSEEDLEKFAASG CELNRRTAKVIGLKPKFTVLDCEV | 84 No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6CC

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|--|---------------------------------|------------------------|--|
| | | | | | | | | | |
| 150 | 86813 | 86995 | 373 | MSKVSGYOLLGEORSEMDSLQ ERCOHNRNNALEDSFLLVEYENLC SRLEKEVYHQHEGGEE | 60 | No se encontró una similitud significativa. | | | |
| 151 | 87099 | 87392 | 374 | MKTFIAFAIFALSSCAAOAPAMAG YDKDCEWSMTADQTEVETQIE ADMUNIVERDRPEMKAEVQKQLK SGGMQNYVLYCDKNFNNKII AEVGE | 97 | Proteína Sp periplasmática de destello [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049651. 1 | 2e-49 (94/97) | |
| 152 | 87661 | 87762 | 375 | MLSDEINDLNDAAEKAIPSIDQ IFNAFMNRG | 33 | Proteína hipotética RB320RF033c [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028539 90.1 | 1e-10 (33/33) | |
| 153 | 87764 | 87928 | 376 | MKTKEFIKEDMVAQDGGGNPE NISTGTTSGAVVNKGPEQPKKK KEESKEKEE | 55 | Orf 61.1 [Fago T4 de Enterobacteria] | AAB25712.1 | 2e-21 (54/54) | |
| 154 | 87931 | 88959 | 377 | MSISPIDNEFAYRALAHLPKFT QVNINSTSKLRLFRCPVCGDSKT DNQNKARGWYYGDNNEGNIHCY NCNHYAPIGYILKEFEPDLREYI FEIRKEKGKSRSRVEPKELPKP EKHIIKSLPSCLRDKLAKEDHPIKY VKARCIPDKWKYLWFTTEVPK LVNSIAPGTYYKEIPEPLVIPYN ANGKAESFOGRALKKDQPOKYIT IKAYPEATKIGVERVKDGVYV LEGPIDSLFIENGIAITGGOLDLEI VPPFDRRVWLDNEPRHPDTIK RMTKLVDAGERVMFWDKSPWK SKDYNMDIRKEGATPEQIMEYM KNNIAOGLMMAKMRSLSKYKI | 342 | Primasa [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802973.1 0.0 (340/342) | Primasa (340/342) | Toprima N. núcleo - catálico de ADN primaria, dominio N terminal |
| 155 | 89156 | 88956 | 378 | MVQKLMALVNAIKGNKRNRAFTIS AMIGILLWNFVLSPVIAIAHGVSIP VITLDTFVDLAFALVGLI | 66 | Proteína hipotética RB320RF030w [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028539 87.1 | 3e-27 (61/66) | |
| 156 | 89228 | 89746 | 379 | MAYNECAHLIEGVDKANRAYAE NIMHNIDPLQVMILDMQRHLOIRL ANDKPETNRHPSLSLETAGEVLA WLRNQDDYIADETRELTYTSLG MSNGEKEASAVWPKWKKRYSE MOSKKIQDLSPEDQLEIKFELDQ FHFFMKNFIALGMSAEEIFKL.YL KNAENFARODRGY | 172 | dUTPasa [Bacteriófago L25] | AF374621.1 1 | 6e-98 (171/172) | |
| | | | | | | dCTP pirotostatasa | dUTPasa 2 | pfam0876 1 2e-18 | |

Figura 6DD

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|--|--------------------|--------------------|---|
| 157 | 89746 | 89946 | 380 | MARLNKRLKKAHKKRIOQLFKN YDKELVCELLSNCOLRAVDWVVE EGPDEFVSEEAKLJIEHSK | 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 | MKISKEEFLIRROKALINLHEWWAY EFIAQVFIED | 57 | No se encontró una similitud significativa. | | | |
| 159 | 90156 | 90392 | 382 | MGGFVNIIKTFTHPAGEGKEVKKG MEVSVPFEIYSNEHRIADSHYQIF PSEKAAYSTVSSDAADWIKTKNA AMFTPTQIGG | 78 | Cápside externa pequeña [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 64.1 | 6e- 38(76/78) | Cápside externa pequeña |
| 160 | 90491 | 90697 | 383 | MLNRWIKPNEDDLIIISRHVMKKY ELQPWSTEVVHVSFMAYADGSV EFNAEIRYDYGKQEVEFKRGEL | 68 | Proteína Mhh.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 | MIFINWFKSFFTDFFSTIPGEGV VIPISNDYLPLTWEVYMGDTV EAVMTYEEAQEYKKNPWRWS TPITSSNTONTAQSSTDSDYDINVP VHWWTGDSCGSSCDSSCSSTS CD | 113 | Proteína RB20RF026C hipotética [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802968.1 | 1e-58 (112/113) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 162 | 91047 | 91532 | 385 | MEAILFEMIYISSNSMSFAKDVPI VAIMIDKGYCDPMYLVENFVSM APVPEDEAIKKLKGIIETVPNIPFR AIEAFTRSEYIVMSAEQYNDP FYSYDSVSYWSKIDKGKFNFSED ALSFYISSIWNLSHPNLKIHED DAPTVVLGKTNESSEENV | 161 | Mhh [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802967.1 | 2e-86 (157/161) | Fosforilación afecta el sigma32 |
| 163 | 91507 | 91710 | 386 | MKVLUKKMFEWWSRPNSAYMDG SWEQJANKEMQNSEEWMKSMI SVEKEKLLERSALKLMRDYGDKS | 67 | Seruicio postulado del huésped sigma 32 [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802965.1 | 2e-29 (65/67) | Seruicio postulado del huésped sigma32 |
| 164 | 91707 | 91871 | 387 | VNRDMTLEAKAKANEALDLKK IGSKMAMEENEKYIQENKIPDGPL 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 | MIEVAKHYSLFMSKEGSVNTL DKKCSSLIUPILAENPDILKDKERY PENVILIKHTEDILQNTDSPSS EALTIGKGYKRAHEYGLFDLFED KVKLALNLAGQSSKSKTFLIEDIK DINAFVKAVWAHFDFGLRWMS EEERKHEANRYFGEYR | 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 | MDFEMLEDNHSTNIQNDSSDY | 60 | Proteína | YP_0028539 | 2e-27 | No se han detectado dominios |

Figura 6EE

| | | KKEYRIVLQNYGIEAPDALLEELA SYHLDPPWPAWAK | ModA2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | 78.1 | (60/60) | | putativos conservados | |
|-----|-------|---|--|--|---|--------------------------|-----------------------|--|
| 167 | 92605 | 93228 | 390 | MIILADVEQLSIKAEAESVDFQYDM YKKYCEKFDFEQSVLYQCMEA KKAKALHRQLNKKHKTSPYQ LYRGISKSTKELIKDLOVGEVFST NIRDSEFTSLHTACGFSEVYFT EILFRLKTKAFNYSDHISDILSSP NTEFKTYEDTDGLDSEERTDNL MMIVREQEWMPIGKYKITSKE KLHDOSFGTFTKVYDIEVE | 207 Enzima de adelinribosilante [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 56.1 | 26-117 (205/207) | Enzima de adelinribosilante |
| 168 | 93225 | 93827 | 391 | MKYSAMQLKDFKIKSMDSVRA KIPDOHSWLNNEIKSRLVPNDKPL WRGPVPEVKVQVLNQGIDITFDK VVSASYDKNVNELHFASGLEYNT QVIFEFKAMPVMNFQEVAKALAR CKEYSPSFKEPDPSHRYRNMELV SDEQEWMIPAGSVFRIADREYK KHSTYTITYLDFEGFNL | 200 Enzima de adelinribosilante [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028539 76.1 | 36-112 (194/200) | Enzima de adelinribosilante |
| 169 | 93943 | 94689 | 392 | MKLSKNOIRKTRLEHTDASAK RSKDFNLDFNEYKNIOLDKRYCA YSGEPFDNRIGEKEULSERFDIN VGYIGGNVIAVKKYNTRFSRSDYT EEIJEKRDLFALRIGRESSAKVHK LNLDERKWAIIKTYNOIKAQKK RENIEHISQLSKSKTSKTSOYVLTII ALKARDGSRIAEGAEVKLNVLL KGSDWKTVKKLSEAEMOYDMC DKIQGVYERQNLNSFIDKLKLKRG YPLNCSIFKLRG | 248 Sefuelo postulado del huésped sigma70 o sigmaS [Fago RB31 de Enterobacteria] | YP_802959.1 (243/248) | 96-137 (243/248) | Sefuelo postulado del huésped sigma70 o sigmaS |
| 170 | 94691 | 95002 | 393 | MYYYYAIVYRDKGFAV/PVPLDE HRPAVFFEREIADKVFTTLKEOY QALGMGIPRLVETPRKFWFNKI EVKHYKPVDTORLYRRLDTGR IVSIPAGNL R | 103 Proteína RB32ORF016c hipotética [Fago RS32 de Enterobacteria] | YP_802958.1 | 56-49 (96/103) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 171 | 94999 | 96318 | 394 | MTFDDOLTEGOKNAFNIVRAIKE KKHHWVTINGPAGTGKTTLKFIE ALISTGETGILAAPTHAANKKILSK LSGKEASTHISILKINPVTEENVL FEQKEVPLAKCRVLCUICDEVSMY DIRLKFILLSTPPWCTIGIGONK QIRPVDPGMENTAYISPFFTHKDF YQCELTEVKRSNAPIIDVATDVR NGKWWYDVKVVDGHGYRGFTGDT | 439 ADN helicasa [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 52.1 | 0,0 (438/439) | ADN helicasa RecD rel. recD/Tra A familia |
| | | | | | | | TIGR0144 8 | 36-24 |

Figura 6FF

| | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|--|-----|---|---------------------------------|---|------------------|
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| 172 | 96325 | 96585 | 395 | MINNSKYLNRLIDGIRKHTNQD NLDOVMTGAELLHKL YLISDITLAI KRIEKOSYHSNTDTVILDESVC LLIFKEEAFIRGNN | 86 | Proteína hipotética RB51ORF017 [Fago FB51 de Enterobacteria] | YP_0028539 72.1 (86/86) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 173 | 96572 | 96817 | 396 | VEITKDQFYLLQDKVSEYELAYS KNRETVKIESSKMLQLEEFIERDL LYKAIND | 81 | Proteína DexA.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028543 50.1 (77/81) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 174 | 96810 | 97052 | 397 | MIELSWCQFKSLMTNVKAVIEKN SGPENITIREKAKIYSLLEEMQD IESMAKFIDEPINKVYQDVTVGQI RDILARKI | 80 | Proteína hipotética RB32ORF013c [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_802955.1 56.39 (80/80) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 175 | 97052 | 97735 | 398 | MFDIIFDFETMGSGKEAAVIDLA IAFDNPNEVETFDELVSRSGIK FDLKSQKGHRUFTKSTIEMWIK QISPEARKNIAAPSDEVDSTIGIAK FNODYNAHNIDPWKSOGWCRCGM SFDFPILVDLIRDHQRLNGVSENE LDTFKLEPCCKFWINORDIRTREIA LLVDRDMTTCPKGTLDGFVAH DSIHDCAKDILMKYALRYAMGL EDAPSEEDCDPLSPLPTKR | 227 | DexA.2 endonucleasa A [Fago Tade Enterobacteria] | NP_049629. 1 (226/227) | DexA endonucleasa A DEDh endonucle- asas, parte de la superfam- ilia de exonuclea- sas similar a DnaQ (o DEDD) | cd06127 0.001 |
| 176 | 97799 | 98299 | 399 | MKIVRVESSFSILDYEDAITIRRNL CVQITPYRSIDSWSEEWILLHG YDRPNFMHHSDDNNKRIPHED KLIVKVNANIVINTKFKKDYVGVEY HIPGWFIAYHFAFEYDMMR WFTTREEREEELASKGEFYLAUYEV PDDQVIVGGHQVMFRKSHAEVL DFIEMR | 166 | Proteína RB32ORF011c hipotética [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_802953.1 4e-93 (163/168) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 177 | 98302 | 98847 | 400 | MKFNYNPEYTNPAAKLIDFDVV STYVCPVKPLEIKEPTMTTAIEG KTYKLVEPKIKTNALISGHKTLD VFGEGFVVEEFAKSEWFDSYY IHGRRLDNNKKKNNLYEDEFILF | 181 | Proteína MoB.1 hipotética [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_0029223 58.1 (168/182) | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 6GG

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|-----|--|--|---|
| | | | | | | | | |
| 178 | 98924 | 99412 | 401 | QEVEEQDPTDLLCAAWSIRRPFD NPICGWWVTDQWIEDGVELLNVV HAGDFSVV/PRSAVAILN | 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 | MKRKIVONCTNDEDEFVLFDPL VV/QKEHTKEFHLSVYYYERY GDQKPYGVFREITEGTTWKE IY | 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 | MAIKFEVKWYQFKMKQAOQENFI KDHTDNQIYARRLGMHFFKILDV DALGRPIKMSFAGNLVSSGKDI LDEDFIWLSNEAEFFNEVENPY QAAEEQEEQESAPITDQSKEPPVMKV TIENDEQAWSLYOMLKAHFKE | 137 | Moderador del metabolismo de ARN [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_8029491 1 | 7e-61 (112/137) |
| | | | | | | | Moderador del metabolismo de ARN | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 181 | 100218 | 100394 | 404 | MPLYDYKCGSKDCAKEYEKKIKI SERDTDVCPDCHRIAIRLVSAPK HVNGGFYDLKG | 58 | Proteína hipotética RB32ORF006c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802948.1 1 | 2e-26 (58/58) |
| | | | | | | | Proteína hipotética RB32ORF005c [Fago RB32 de Enterobacteria] | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 182 | 100397 | 100768 | 405 | MFKIGKYYRIREGEEXKYLFSAIY RNGSINAVISTSEFVEMKGNN VTMISTASGNDGKLHSFQSNVLI YDEEFFEEVPEPEGFAEFCITIM KSGDPLSSTVKDEGSRLRIILQ AIKFK | 123 | Proteína hipotética RB32ORF005c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802947.1 1 | 2e-58 (114/123) |
| | | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 183 | 100774 | 101034 | 406 | MKYINRSISIAALAVSLVGCTDAD NATKVLSSSGGFTNIEITGYMWFG CSENDFOHTGFRAGPTGQKVE GTVCSGLFFKDSTIREK | 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 | MIKNEIKLSDIEHKRSGMYIGS SANEMHHERFLFGKWEYSVQYVPG LVKLIDEDIDSDEGIRTRKFAN KINVTKINNOVTEEDONGRGIPQA MVKTPTGEIIPGPVAAWTIPKAG GNFGDDKERVGGMNGVGSSL TNIFSVAFVGETGDQNNIVRC SNGMENKSWEITPKWKGTRVT FIPDFMSFETNLSOYVLDITLDR LQTAVVYPDIAFTPNKGKVQGN | 605 | Subunidad Gp60plus39 de ADN topoisomerasa [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028539 58_1 | 0.0 (603/605) |
| | | | | | | | Subunidad de ADN topoisomera- sa | GyrB, topoisoma- meras tipo IIA (ADN girasol tipo II, topoisome- rasa IV), subunidad B |

Figura 6HH

| | | | | | | | | | | |
|--|--------|--------|---|---|-----|---|---------------------------------|--|--|--|
| | | | | | | | | | | |
| FKYARQYDEHAIVQEQQNSIA VGRSPDGFRQTYVNINHKTNG GHHIDCVMDIDCEDIQPKRKFK IDVTKARVKCETKLMFVYRDMKN MRFDSDQTVERLTSFGERSHIQ RLAKKISRAILNEAILMPIEAAALA RKLAEEKAETKAAKKASKAKVH KHAKANLCGKODATTLFLETEGDS AKYLDVNRKELHGCGYPLRGKV LNSWGMSTYADMLKNIKEFLDICA TGLVLGEKAENLNHYHNIAIMTDA DHDLGLGSYPSLLGGFFSNWPELF EOGRIRFVKTPIIQAQVGKKOEW FTVAEYESAKDALPKHSIRYIKG LGSLERSEYREMQNIPVYDVVKL PENWKELFEMLMGDNADLRKE WMSQ | | | TOPRIM_ Topolla_II ke: dominio de topois- merasa- primasa (TOPRIM) nucleotidil transfera- sa/ hidrolasa | cd01030 8e-24 | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | | |
| 185 | 102976 | 103179 | 408 | MKSYKVNILEDFKAHVREYRNQ R=FDMGEAEFFKNREFKDQKQ SDTATKDELLEVAEVIKRMNN | 67 | Proteína hipotética RB32ORF002c [Fago RB32 de Enterobactería] | YP_802944.1 1e-30 (67/67) | | | HipG. chaperona molecular, familia HSP90 [modifica- ción postraduc- ción, recambio proteico, chaperone] |
| 186 | 103190 | 105367 | 409 | MITTEKILTGNSKSKAFSITAS PKVFKILSSDLYTMKIRAVVRELIT NMIDAHANGNPKEPKHQPGRL DPRFVCRFDFGPQMSDFQIGDD NSPGLYNSYFSSSKAESNDFIGG FGLGSKSFSYSTDTSITSYHKG EIRGVVAYMDGDGPQIKPTTFVKE MGPDQDKTGIIEIVPVEEKDFRNF ADEVSYMRFPEKQDLAGNLDRF DIFPDFDQYDGINPERWYDPRG GLYAYVGVYIPDGVKDRNWLS IENEYVGVYIPDGVKDRNWLS | 725 | Membrana asociada a la membrana ATPasa del huésped [Fago RB32 de Enterobactería] | YP_802943.1 0,0 (717/725) | | | COGO326 6e-05 |

Figura 6II

| | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|---|-----------------------------------|---|
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| 187 | 105379 | 106317 | 410 | MNYIKCLTKNEQAEIVKLYSQGN YTOQELADWIGQSVSDTIRRVLK AIAEAKRSDIWINASKKFISTVD GVYNATPNTHSNFOEILNLVA DKIEAAQKINVRRAVEKYISGD VRIEGGSLEYONIELRSGLVDRIL DSMEKGENFFYFFLENLENP SQAKAVSRLFDFLVAVIDEITDGY FYAWKVURSMYFDCHSNTEDNS PGKVKKMPTRVRNDDOTOTCSR GLHVSCKSYIRHFGSSTSRRVVK KHPPRDVWSIPDYNDAKMRTQK YEVVVEDVTEQFK | 312 Protector rib de la lisis temprana inducida por prologo [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049889. 1 (310/312) | Protector rib de la lisis temprana inducida por prologo |
| 188 | 106346 | 106540 | 411 | MIGYOARYKEEYDQLMLKINALS NFLESTKFLTVSAVEQEILLSQFI SMKSYADCLEKRIAQFK | 64 Proteina hipotética RB320RF269c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803211.1 (62/64) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 189 | 106604 | 107161 | 412 | MQKTNPGLORLFQIPSFTLSNSD LTSEMVKVIAIDARTYSLKONPQN DKAEVIERCRAVYAEFFVAOWL RGYNNKGQEDVNDPYTAWDV LAHPKYCGLRREVKTHQTDSRW ISVTTGCGSEPYGSGGINLGILPN HQVADCIIFNTKEIHPGMVYTPK FIGDREDLRKVRKSNSYNGWYL SI | 185 Endonucleasa IV [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028546 07 (183/185) | Endonuclea- sa IV |

Figura 6JJ

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|-----|--|---------------------------------|---|---|
| 190 | 107235 | 107498 | 413 | MKFYYAKHKITGEIAFTTSTT DEGIFTAVFLSKWESDOPYLSS REDLORVNGEYNDWSYLHD CVKKAIKKHLIEVEIL | 87 | Proteína hipotética RB51ORF272 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028542 25.1 | 9e-22 (49/67) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 191 | 107578 | 107676 | 414 | MKILNSVLIACAWWVAQVSAAVV 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 | MKIKVKAIVNNVIIILSIFPIVLM 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 | MKRKSAFTIEWFFDNIFPALFI FMLIFALGSVYVGILMTVVGIDH QNLGSVETIWNGVK | 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 | MMNLISGWYIIMFYIGANFPY WMGWSTTAFFGFYTP | 36 | Proteína hipotética RB32ORF262c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803204.1 6e-12 (36/36) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 195 | 108176 | 108391 | 418 | MKIFKVKGFEIFCLONGDOLIRI SPLKTSSEKPTVNATLANNNSNER 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 | MKYMTVDLNNAAGATVGTIKNG EWFLGVPHKDLSKPGFYFLVSK LDGRFFSNPCVYSARFYVGNGRS KQGFSAVLSHIRQRKSQSLARTIA NNNPYTVFYL PASKMPLTTGF GKGQLALAFRNHHSEYQTLEEM NRMLADNFKEVLOAY | 152 | Interrumpe el nucleoide del huésped [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803202.1 149/152) | 3e-84 | Proteína de interrupción de nucleoide |
| 197 | 108998 | 109156 | 420 | MNIAKLLGVISFICWIVACVLTICID VSSVFSQALAQGMCAYLTVLLS TND | 52 | Proteína de resistencia a acridina [Fago RB14de Enterobacteria] | YP_0028545 97.1 | 3e-20 (51/52) | Proteína de resistencia a acridina |
| 198 | 109294 | 110622 | 421 | MOLNIRQLSIDNEALAYMT VENRAIPNMIDGFKPVOREVJAR ALDLARGNKDKFHKLASIAGGVA DLGYHGENSAODAGALMANT WINNNPLLDGQQNGFSRVTQK AAASRYIFARVSKNFFNVYKDT YAPVHODKEHIPPAFLPIIPTVLL NGVSGIATGYATYILLPHSVSYYK | 442 | Subunidad Gp52 de ADN topoisomerasa [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028542 15.1 | 0,0 (442/442) | Subunidad de ADN topoisomera- sa |

Figura 6KK

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|--|---------------------|---------------------|
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| 199 | 110619 | 110768 | 422 | MSPIGITSAALVSGGILLA GLV Q | 49 | Proteína MoA_1 periplasmática predicha hipotética [Fago T4 de Enterobacteriia] | NP_049874. 1 | 4e-16 (48/49) |
| 200 | 110903 | 11130 | 423 | MFKIENEVKAANNLTANKLWD GIEYONGGREKXPGLTFTMIF LNK | 75 | Proteína hipotética EpS10_0253 [Fago JS10 de Enterobacteriia] | YP_0029226. 02.1 | 5e-34 (74/75) |
| 201 | 111236 | 111871 | 424 | MSKVYIKAASNDVNEKTAALITI AKKDFITADEVREVHPDGLNAV NSNIGVLIKGLVEKSGDGLITG EAQDISMAATLYQAQENAPELLKK RATRKARBTSDEEEDKDLMLKL LDENGFLVLUKVETYRSNLYALEK RTHGIRNFENNINGNMRIFGYKM MEHHIQKFTTIGMSCKIAKGANGNV YLDIKRSAENEAIVTAYSEL | 211 | Promotor medio activador [Fago RB32 de Enterobacteriia] | YP_803196.1 | 7e-117 (210/211) |
| 202 | 111882 | 112211 | 425 | WYHGAYLRLRCVPEPTQEWID KODAPVGIRNNMMAISSFTDAAY EIYLADYREFEQESOPVIRSIVGNK AQKQTIVQRKGNFK | 109 | Proteína An.4 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteriia] | YP_0028545. 92.1 | 8e-58 (107/109) |
| 203 | 112208 | 112669 | 426 | MNPFINRLLKMLNPLSRETPESL VEKFKAHGKCTEEDILKEPEIC WQTYAWDENOKYORRIVCAAN RFALKDQRTLIIPGARHYSKDMA EVLDVVKPQLVTQQVCDQGF IDQSYNWYWTREFAIMIATYAGQV RIERGSEKELYSEDLY | 153 | Proteína An.3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteriia] | NP_049871. 1 | 4e-84 (151/153) |
| 204 | 112669 | 112965 | 427 | MNIKKFQDITNQKALEYANKM MSTNWGIYANEPAFKFCDEMEFT KKLVGKDHNCPESSPUNGMLKP ALRDYHANNEEMIKELTKQLKVI | 98 | Proteína An.2 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteriia] | YP_0028542. 10.1 | 8e-50 (95/98) |

>Figura 6.II

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|--------|---|-----|--|--------------------------------|------------------------------|
| | | | QFGQGN | | | | | |
| 205 | 112949 | 113167 | 428 | LAREINSKSDYFNSLNQDKDNLIR HFVEMGYTDTHDREHIFECGV AKRFSFKCKLRLREVHQHYEQFSR KT | 72 | Proteína Arn.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861950. 1 | 16-22 (52/72) |
| 206 | 113251 | 113529 | 429 | MILDOSVQVYQTKIDILEKLKYKFL PNLYHSVNNEELHLGNNDFLI GTYKDLASKGAYFYIAPGKSIDO VLKTMIVYHDYEDYFE | 92 | Inhibidor de la nucleasa MrBC de restricción [Fago RB5 de Enterobacteria] | YP_0028542 08_1 | 8e-44 (90/92) |
| 207 | 113526 | 113678 | 430 | MSHLEVKVIEHNVAQERKSKEF VERKEEENTTDDQFTNQASDDITK STN | 50 | Proteína Asia.1 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049867. 1 | 9e-19 (48/50) |
| 208 | 113691 | 113963 | 431 | MNKNDITVREUITYVASLUKSFREDI VENRAFNIAFLNEIGVTHEGRKL NONSTRKIVSELTODKRTKLIDEF NEGREGVYRYLEMNTNK | 90 | Proteína AsiA anti- sigma 70 [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049866. 1 | 5e-44 (90/90) |
| 209 | 114620 | 113964 | 432 | MAAPRFSFPSPSDILFGVLDRLFKD NATGKVLAISRVRAVVILFMMAV WYRGDSFFEYKKQSKYETYSSEI EKERNARAFES/VALEQLQVHISSE ADFSAVYSPRFKLNLYNFV/DIAYE GKLPTSEKSLGGYPV/DKTMDE YTIVHLNGRHYYSDSKFAFLPTKK PTEPEINYMSPCPYFLDNYIAGT1 TMYWYRNHDHSNDRLESICAOAA RILGRK | 218 | Holina [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803187.1 | 7e-125 (216/218) |
| 210 | 115433 | 114651 | 433 | MAV/GVPGMGISSAAANETGQR WMSQAAQGLQRLGPCWMSQFA GRSEIIHTVGANHHNFNGQWFR DRCFEAGGAPVFNNGGDIVSYSK DVPLFFMAYGDTPNEYVQLNIGHV TMYGRGGNGGSNSPQSGAGGHC IONDGGRLRINNGGAIAAGGGGG GGGGYSPFSOMRLTFGGGGG RPFQAPGGSIDMOSGATGGTIS APGGSSVNGYNGNGNGEVGSA GGRCNHRGQSGSEYNGGAQYA VIGSAPTWQVNGAYGPVR | 260 | Proteína de fibra de cola [Fago KEP10 de Enterobacteria] | BAF95751.1 (254/260) | 2e-107 (254/260) |
| 211 | 118418 | 115470 | 434 | MATLKQIQFKRSKTAQGRPQAASV LAEGELAINLKDIFTKQDGSV IELGKQYGTGTINGSLVEENIT LIGNSSATKALQTPRKINGISFDG SKDITLPSDINVNNTTTIKNNGE LERTDQVQEVCIQHEVCIQHANGE | 982 | Proteína de fibra de cola [Fago KEP10 de Enterobacteria] | BAF95750.1 0.0 (921/982) | Proteína de fibra de cola |

Figura 6M

Figura 6NN

| 213 | 120255 | 119140 | 436 | MEKEMAEFGQGQVWOTPESESNSVRYKISIAGSCPISAGPVVKFQDNPV/GNOTFSAGIHLRVEDPTSGALVDSKSTAFSASNNNTSAAFVSEMNLSNMRVLAITSKGVNFPEEVWSWLRGAGTSVFPDSVL | 371 | Bisagra de fibra de cola [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803183.1 (365/371) | 0,0 |
|-----|--------|--------|--------|--|------|--|------------------------|--|
| | | | | SREFDVSYAAFEYTSSKRAIALEHVKLSNRKSTDYOTILODVDFSLDVGATGFPKRTYESVEQFMSAVGGTNNEARLPTSAASIKLSDYNLIPGDVLYKAQLYADADLLDOLGTTNISRFYDASNGYISSTQAETFGQAGSWELKEDYYV/PENAVGFTYACRTAQAGQQGMRLNLSFSESVSRNGGISKPAAFFGVNGIRVNYCESASPPDIMVPLTOASSKTGVFGQEDEV | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | 437 | MAEIKRKIFRAEDGLDAGGKILINVALADRTVGTDGVNVYLIQENTVQQDPTRGYLKDFVIIYNRFVAATDNIPKPGAGFNRIURWKALRTDAVTTTVSSGPYOLKSGEAISVDTSYGNIDIEFTLPPSPLDGETVIODIGGKPGINAVKINNSNQISIVNFRGEQVRVS/LMTHPKSONMFNNRLWQMYVADYSREAAIVTPSTAYQAQSNDIVRRETSAAPINKLPRFANHGDIINFOLDKLNPLHTIVTYDETTSOEVGTHSIEGRTSIDGFLMFDOINEKLWRLFDGDSKARLRIUTTNSNIRPNEEVMAVFGANNGTTQTELALPTDISVGDFTVKISMNYMRKGOTVKIKAAGEDKIASVQLOFPKRSEYPPEAEWVTVQELVNGETNYYPVLQLAYIEDSDGKYWVVOQNVPVERVDSLNASTRARLGVIALATOADANADENSPOKELAITPETLANRTATETRGIARIATAQVNONTTFSEADDLUTPKKLNERTATETRRGVAELATQQETNTGDDTTITPKKLOAROGSESLSGIVTFVSTAGATPASSELENGTNVYNNKNTNNLVSPKALDQYKATPTQGAVILAVESVAGQSQEGWANAV/PTLHKKTSSTDGRIGLIEATOSEVNTGIDYTRAVTPKTLNDRRATESLISGIAEIAUOVEDFAGVDDTRISTPLKIKTRNSTD | 1289 | Subunidad Gp34 de fibra de cola proximal [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028545 (1280/1289) | 0,0 |
| | | | 124133 | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 600

| RTSVALVSGLVEESTLWDHYTL NILEANETORGTIRVATOVEAAA GVKIVATQSETVTGTSAINTAVSP KNLKWMVSEPTWAAATTIURGFY KTSSGSLTFVGNDTGSTQPIESQE YKNGYAVASPYELNRVANLYPL KAKAVDSNLGLDLSLQFIRRDA OTVNGSLTUTOOTNLGAPLVSS TATFGGSYSANISTLTISNTGTT RUFEGKPQTGTNPQAOTMIVRV WGQNQFSGESDTTRSTVEVSDE TSSHFYSORNIKAGNITFNINGTV TPINVNASGTLNANGVATFFGNSV TATGENISRSANAFARINGNYGFI VRNDGSVTNFMLTASGDOTGGF NGLERPLAUNNASGQVIGESLIJK GATINSIGGTVNSRURSOQTKTS DLYTRAPTSDTVGFNSIDINDSA TYNOFPGFKMVKEKTNEVTLGP YLERGEEVKSPGTLTOFGNTLDS LYODWITYPTPEARTRWTRT WOKTKNSWSSFYQVFDGGNPP QPSDIGOAIPIVNGNKLIRDFLR IGNVRIPDVNKTKVKEFVEVE | | | | | | | | |
|---|--------|--------|-----|-----|---|---|---|---|
| 215 | 124238 | 125155 | 438 | 305 | YP_803181.1 (305/305) | Ribonuclease H | RNasaH C. RNasa H T4. terminal C | 9e-40 pfam0929 3 |
| | | | | | RNasaH [Fago RB32 de Enterobacteria] | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 215 | 125164 | 125433 | 439 | 89 | NP_049858. 1 | Proteína de unión de ADNac | Proteína de unión de ADNac | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | | | Proteína Dsba de unión de ADNac, transcripción tardía [Fago T4 de Enterobacteria] | | | |
| 217 | 125411 | 125749 | 440 | 112 | NP_049857. 1 | Proteína Cpx33 accesoria a la transcripción del promotor lardio | Proteína acesoria a la transcripción del promotor lardio | No se han detectado dominios putativos conservados |

Ejemplo 6PP

| 218 | 125746 | 126399 | 441 | QFAKFISGIIKIOSEADENLLR PSV/RCIEKTNTLDFLL | I[Fago T4 de Enterobacteria] | 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 14. terminal C | pfam0899 4 | 3e-35 |
|-----|--------|--------|-----|--|---------------------------------|---|---------------------|---------------------|---|---|---------------|-------|
| 219 | 126500 | 127408 | 442 | MFKRKSTAEAAQAMAKLAGNKG GFSSEDIKGGEWKLKDNAANGK AVIRELPSKANDEQAPFALLNHG FKNGKWKYIETCSSTYGDYDSC PVCQYISKNDILYNTDKKEYSLVK RKTSYWANILVVKDPAAPNEGK VFKYRFGRKKWDKINAMIAVDE MGETPVUDTCPMEGANFVLVKK QVSQFSNSYDESKFLNQSAIPNID DESFOKELFEQMVDLSEMTSKQ KPKSFEELSTRKSQVMGTAAMG GAATAAKKAADKVADOLDAFNV DOPFTKTEDDFMSSSSSSSSSS DDTLDLDLNDL | 302 | Unión de ADNmC, reparación, recombinación y presintesis de ADN [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803177.1 | 4e-172 (296/302) | Unión de ADNmC, reparación, recombinación y presintesis de ADN | Similar a proteína Gp32 de unión de ADN | pfam0880 4 | 6e-41 |
| 220 | 127553 | 127783 | 443 | MAYKIDIDOFFYIEEIRNRYPEL SITSIHDPNYCNFSIVIEGPLEDL TRFMANEYCDGMDSDAEY'M GLIEQ | 76 | Proteína Fid.3 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_002854.1 94.1 | 1e-36 (76/76) | Proteína FRD3 de bacterió- fago | pfam0579 8 | 3e-33 | |
| 221 | 127829 | 128194 | 444 | MYIGKKYELVPRLLDTFINYRPRF NSSINKIQOENGGWFEVKEAFFV DGFRVIKHECANGKHFYFNVCE DEFHCFREYKEPTSEEDGAEDIV SGVTKIHCIDENVDEIELLRKT FKK | 121 | Proteína Fid.2 hipotética [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_002854.5 71.1 | 6e-62 (118/121) | Proteína FRD2 de bacterió- fago | pfam0319 7 | 2e-36 | |
| 222 | 128333 | 128575 | 445 | MRLQRQSIKOSERVGKVVYNIIG KOSSELVKEAHLRDMGWDEC DGCPLYEDGESAGFWIYHSDDV | 80 | Proteína Fid.1 hipotética conservada | NP_049851. 1 | 3e-39 (79/80) | No se han detectado dominios- putativos conservados | | | |

Figura 6QQ

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|---|---|--|--|-------|
| | | | | [Fago T4 de Enterobacteria] | | | | | |
| 223 | 128586 | 128918 | 446 | QFKADWKVK/KSV | MSGHVVTGIAVNIRCOLFTKTPGV VTHITLSDHPYRGRQLTGV/KFF GGIGGSEFTIGDDEVGCKLKVQ KGVLIELFSDDEVFDEISRAVNGM LTJUKMIASGYVTDFF | 110 Proteína hipotética RB51ORF237 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 90_1 | 2e-34 (78/116) | |
| 224 | 128930 | 129175 | 447 | MIFVLFEMNDFDYAIFNHLNP DLSEFNFEMPSDALSMASEFYCGE CQRVCVTFENKEKTYELFDDA NKATEWFVERGEFA | 81 Proteína hipotética RB52ORF231C [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803173.1 68_1 | 7e-39 (79/80) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 225 | 129175 | 129756 | 448 | MIKLVEFAYSPKTKTVEGENELAEG LGDLGPWGRKKDKLQNLKARTIE GTILIMGAKTFOSLSTLPGRSI WVCDOLARDPYPTKDGDLAHFYT WEQYTYSIGEIQVSSPNAPE TMLGONSKSVIGGPALLYALP YADEVUVSRVKRHRVNSTVOLD ASFLLDISKREMYETHWYKIDEV TTLTESVTK | 193 Dihidrofolato reductasa [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028545 86_1 | 8e-109 (190/193) | Dihidrofolato reductasa DHFR_1, dihidrofo- lato reducta- sa pfam0018 6 | 2e-30 |
| 226 | 129753 | 129959 | 449 | MSNKLKVKDYNAMALFICROM HOGPMTPKOYLGERSLGFTRK AKQMYVKGPNFAKYPSYSTSW MN | 68 No se encontró una similitud significativa. | | | | |
| 227 | 129959 | 130510 | 450 | MKOYOFUJKDILENGYEIDDRTG TTGIALFGTKLRMDLTGFPAVT TKKLAWNACISELLWFLSGSTNV NDRLIOHNSLQIGKTWIDENE NOAKDOLGYHSGEGLPYIGKQWR DFGGVDOIIEVIDRKKLPNDRRO IVSAWNPAELKQMALPCHMFY QFNVRNGYLQDOWYQRSVDVFL G | 183 Timidilato sintasa [Fago RB23 de Enterobacteria] | AAP86753.1 2e-101 (177/183) | Timidilato sintasa Timidila- to sintasa, thyA | PRK01827 6e-67 | |
| 228 | 130639 | 131376 | 451 | MKSGIYQKNTLNQVYGSAKD FEKRWIKRFKOLEKGCHSSKL QRFSENKHNFGNFECSILEEIPYEK DLINEFENWIKELSKINGYNIAD ATGDTCSLTHPLKEIJIKRSETV KAKMILKLGPDGRKALYSKPGSK YTCISKCRNIRSGENNISFFNKHHS DITKSKESEKMKKGPSPNICKSC DGVIDFCAADAARHF-KISSGLVT YRKSDKWNMWFYINA | 245 Endonucleasa buscadora I-Telv [Fago 14de Enterobacteria] | NP_049849. 3 (245/245) | Endonuclea- sa buscadora I- Telv | TIGR0145 3 | 5e-39 |
| 229 | 131521 | 131835 | 452 | MLPENIASYATLVHVAKMCNLI GDLIFSGGNTHIYMNHVEQQKEI | 104 Timidilato sintasa | AAP86755.1 7e-55 (103/103) | Timidilato sintasa Timidilato sintasa | PRK01827 8e-26 | |

Figura 6RR

| | | | [Bacteriófago RB3] | | | IgA | | |
|-----|--------|--------|--------------------|---|---|--------------------------------|---|--|
| 230 | 131859 | 132122 | 453 | MILRFKDTSGAVLFLPINPSELEY PGPNQPHIVGKYYTHMATEYF DNKISTVKTSSDCYYDITVLEKQ YDELSPRGPGPSMPGSE | 87 NrdA.2 [Fago T2 de Enterobacteria] | AAP79917.1 2e-43 (8e87) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 231 | 132076 | 132402 | 454 | MTNYHAGRLCQVVKYKSDFD AIELFKKDFRRIKSGEITKAHLPE LRGMRLLGCTCKPKPCHGDIHLHI VNRLFKDDQVEDLCN | 108 NrdA.1 [Fago T6 de Enterobacteria] | AB148941.1 5e-57 (106/108) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 232 | 132393 | 134657 | 455 | MQLINVIKSSGGVSQSFDPQIKIV LSWAAEGTSVDPYELYENIKSYL RDGMTTTDDIQTIVKAAANNSIVE EPDYQVVAARCLMFALRKHYG QYEPRESEIDHISYCVNEGYDPE LLSKYSAEEITFLESKIKHERDME FTYSAMOLKEKYLVOKTTGQI YETPQFAFMIGMIALHODEPV RLKHVIREYEAVSTROISLPTPM AGCRTPTQFSSCCVIEAGDSLK SINKASASIVEYISKAGIGINVGM IRAEKGKIGMGEVRHTGVPFMK HFQTAVKSCSQGIGRRGGAATAY YPMWLEVENLVLKNNGVVEEN RIRHMGYQVLNDLMMERFGKN DYLTLSPHEMGGELEYSSYFKDQ DRFRELTYEAEEAKOPNIRKKRKA RELFFLMTERSGTARIYVOFIDN TNNTYPFIREKAPIRQSNLCEIAJ PTNDVNSPDAEIGLCTLSAFVLD NFDWQDQDKINELAEVQVRAOLD NLLDYGOGYPVPEAEKAKKRRLN GVGVNTYAAWLASNIFASYEDAN DLTHELFERLOGLIKASIKLAK KGPCYYSQDTRWSRGELPIDWY NNKIDQIAQPKYCDWSSLREDL KLFGRNSTL SALMPCCESSSOVS NSTNGIEPPGPVISKESGEGSF NOVNPNIENHIDL YDTWKLAKK GNKPYLTQVAIMLKWCQSASA NTYDPOIFPKGVPMISMIDLL YFWYFGKNAFYVHNTRDGSGT DDYEIETPKAEDCSSCKL | Subunidad de ribonucleótido reductasa A 83.1 (753/754) | YP_0028541 0.0 (753/754) | Subunidad de ribonucleótico reductasa A Subunidad alfa de ribonucleo- ótido difosfato reductasa | PRK09103 <1.0e- 180 |
| 233 | 134709 | 135887 | 456 | MSTVFNTNPVDLKEPMFFGSG LGIAIARYDIORHKVFEIDL TEKQSF | 392 Subunidad de ribonucleo- ótido reductasa B | YP_0028545 0.0 | Subunidad de ribonucleótido beta de | PRK09101 4e-141 |

Figura 655

| | | FWRPEEVNLMDAAQFNKLPOY QNFNTNLYKQYOSLDSIOGRAP SAVIMSLISDPSLDTWVATWTF ETIHSRSYTHIMRNLYTDPSKVF DEIVLDEAMKRAESIGRYDDVL IKTRYWENAKADIEYOKEINADE DVIEDAEIHETYWKRELMKSLY CLHVNALEAIRFVVSFACTFNFH KNMIEMEGNNAKMKFIARDEOLH LKGTOYIRQLQLGTGDEWVKI AOECEOEAVDIFEMVNROEQKIV AVHLFKDGDVPGQLNTSMWSFI DYLTVSRMKOCGLPCPTIDAPVK HPYPWIREYLNSDNVQSAPEV ELSYLVAQIDNDVDDKVMMSFK KF | [Fago RB14 de Enterobacteria] | 62.1 | (387/392) | reductasa B | nbonucle- ótido difosfato reducasa | | | | |
|-----|--------|---|----------------------------------|---|-----------|---|---|--------------------|---|---|---------------|
| 234 | 135915 | 136325 | 457 | MKEIATEYSFIKYTELEDYNGSI KTKNLRKINYYRTAINRDKT DSTKSAUHALKEGSKVEFYAR QCFLNLSMTNELLGTMNTIALEEP LFIRLFNPPWNQHKK | 136 | Endonucleasa II [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 81.1 | 7e-73 (135/136) | Endonucleasa II | smart0046 5 | 1e-05 |
| 235 | 136378 | 137502 | 458 | MOELFNLMLCOKSORKFFYS DDVSAASGRYTRFSYNYASYSD WILPDALECRGMFEMDGKPV RIASRPMEKFFNLNENPFTMNID LNDVDYLTKEDGSLVYSTLDGD EILFKSGSINKSEQALAMANGILMN INHHRLDRDLKELAEDGFTANFE FVAPTNRIVLAYQEMKUILLNVR NETGEYISYDQYKAJALRPYLV RYEDSPKWKVEEAKNAENIEGYV AVMKDGHFKKSDWYVSLHST KSSLONPEKLFKTIIDGASDLKA MYADDDEYSYRKIAFETTYLKYL DRAFLVLDCHNKHCGKDRTKY AMEAQGVANGAGMDHLEGIMS LYQGYDSEKVMCEIEQNFLKN YKKFIPEGY | 374 | ARN ligasa [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 80.1 | 0.0 (373/374) | ARN ligasa | TIGR0230 8 | <1.0e- 180 |
| 236 | 137567 | 138070 | 459 | MDQLIITTEMVVEAYGDTTDGIS VFKGNRRVYITDQLKOLAKQVK RKTIIKEYMRRLQEDARDMLPDA VEEMKVFLENQLAKYDCDFVFINQ TOPNVHNSCKCYIVNP LTGKH LGISPNRNSASDIMAEDVEACFKI SKSPAERHILLINGLSQDDIIEVIKT LCM | 167 | Inhibidor Alc de la transcripción del nuésped [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049838. 1 | 3e-93 (164/167) | Inhibidor de la transcripción del nuésped | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 6TT

| | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|-----|---|---|
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 237 | 138061 | 138414 | 460 | MIVSNFTAGLLLVIAGGTSILK NKKVERLETSVTEITKTANENALAL ERENEKLRDKAKKADEVYAHKPG LVEKQINNSNFKFAEDIQDLSK | 117 | Proteína PseT.3 de membrana predicha hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049837. 1 |
| 238 | 138411 | 138710 | 461 | MILKSAVILSIGLLVGCGSTKPLEVK KETVHPNWPOIISYDEAKLSSW QAVKVIDGKAWVGMPPFEDSQEPR IWLDVYKRYVHDQTMICYYRQ ELKEDCK | 99 | Proteína hipotética RB32ORF219c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803161.1 (99/99) |
| 239 | 138707 | 138937 | 462 | MISWYQFEHLKGLYESEMAAMI YGRQIORLESIPLPTNDVILLAOSR ANLKNYEYONKWKASKDLDHYI QSLVEKHK | 76 | Proteína PseT.1 hipotética [Fago RB51 de Enterobacteria] | 1e-51 (99/99) |
| 240 | 138934 | 139236 | 463 | MKTLLERYIECSDRYIDVCHDNA SSISEDIEHAKALDDAGKALARKEA KARGFDMYQLQKHNMKFISSNVQ SKSVNQSTAEL YKGRREHNIRIL EVFLGIK | 100 | Proteína hipotética RB32ORF217c [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028545 55.1 |
| 241 | 139233 | 140138 | 464 | MMKKII1 TIGCPGSKSTWAREFI AKNPGEFYNNRINRDYQSIQMAHEE RDE YKTKNKEGITYMHQHDA NMIL CODATKGIVVSDTNLNPER RKVWEFFAKELGHQIEYKFDFVP VTELVRKNSRKGRTKAVPIVDLRS NYKSMREYLGLPVYKGTPGPKP AVIFDVDTGLAKMNGRGPYDLEK CDIDINPMVVELSKMYALMGYQI VVVSGRESGTEEDPTKYFMRTR KWWEDIAGVPLVMQCOREQGDT RKDDVVKEEFWKHIAPHFDFVKL AIDRTIQVEMWRRIGVECWQV ASGDF | 301 | dN 3' fosfatasa [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 74.1 |
| 242 | 140158 | 140334 | 465 | LGFIVVNSGLVGTNSNGQFCVFTS ENRAWEECLKLRKNPDPVELVV KTKTLPLPWKTYE | 58 | Proteína Cd.5 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049833. 1 |
| 243 | 140327 | 140527 | 466 | MNNLEK1YRLCDKIEKEKKYLFCL WPIVDGRYGLDVLDYTEDKV GATFDNAFLDVIDWLEENYR | 66 | Proteína hipotética RB51ORF219 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 72.1 |
| 244 | 140530 | 140805 | 467 | MFPTYSKIVEVVFQSIIANNMFEK LDNAEELRIHAQVTWLNALLPD | 91 | Proteína hipotética RB32ORF215c | YP_803157.1 (91/91) |
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6UU

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|--|--------------------|----------------------------|--|
| | | | | | | | | |
| 245 | 140668 | 141395 | 468 | QVDSIATLYPGSAHIIIVFGLDAE LVKGDIRFESQTSEKFKA | [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803156.1 | 5e-95 (173/175) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| | | | | MSEWFEEDKVYRFKAGYKDFN ETCGANRKAQFIGENFSKYKIDP AKANVSKIPREIDCVKAYAVD/MG ESYKVSPLFSIAYMALLEYSFFEEV QKDDSV/SKEIKTDEKIKWVG TGCMFYIYAQTDTHKEFAKKKALE YLEEHEEGPVMITQDAELVS/KL VKNVESKELGSTC. | Proteína hipotética RB320RF214c [Fago R632 de Enterobacteria] | | | |
| 246 | 141389 | 141625 | 469 | MLESKEPTVKEFOEKVKLFAQEL VNKVSEREPETSVRVITETPRSV LVVNPGDGDQISHKLDFDGLV EAQRVYGV. | Proteína hipotética RB320RF213c [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803155.1 | 5e-37 (78/78) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 247 | 141622 | 141960 | 470 | MMNLTDIINDCLENNTGDHRA SETAFQFRITLMNDLVNSIHPSV YDAINT/KYPVELHKMUTGAVFID KKNRFKDQNITTSVKSITKLRH EIYRVETAKSAYLIMK | 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 | MKASTVLQIAVYLSQESKCCSW KVGAIEVKNGNRUISTGYNGSPAG GVNCDYAAEQGWLLNKPKHTII QGHKPECVSEGSTDRFLAKEH RSAHSEWSSKNEHAELNAILFA ARNGSSIEGATMYVTSPCPDC KAJASGJKLVYCETYDKNKG WDDILRNAGIEVFNVPKKNLNKL NWENINEFCGE | dCMP desamirasa [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803153.1 | 3e-110 (193/193) | Desoxicitiolato desamirasa cd01286 |
| 249 | 142538 | 142774 | 472 | MKFRVLUKLTIAISSYNNENISAVE YKKYFFSKWKOYYKTDWTSIDR PYSWKSDLEKCOQLLSTLKERG TTHIKTVIGK | 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 | MKLTEOKVVAIREILTKLMSGIS NVMQFTGKLTTESTKESTDMLIPV DVELGAWRGFSIDKLISYNGMKV EHLLOFIGK | 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 QAGDEEVTESGLIIGKRIOGEV ELCVWHSVGPDPVPEGCEVGD TSLPV/GQIRNVPHPFVALGLKQP KEIKQKFVTCHYKAIPCLYK | Chaperona Gp31 de montaje de cabeza con GroEL [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049825. 1 | 1e-56 (110/111) | Chaperona de montaje de cabeza Chaperona en subuni- dad 10 Kd |
| 252 | 143623 | 143871 | 475 | MIKQLQHAELORNAWNNGHEN YGASIDVEAEALEEILRYFKHLNPA | Proteína accesoria de inhibición de lisina, NP_049824. | 6e-40 | Proteína rili accesoria | No se han detectado dominios |

Figura 6vv

| | | | QTALAAELQEQDELKYAKPLASA ARKAVRHVFVTLK | fenotipo de lisis rápida [Fago T4 de Enterobacteria] | 1 | (8/182) | de inhibición de lisis | putativos conservados |
|-----|--------|---------|--|--|---|--|------------------------------|---|
| 253 | 144226 | 1444444 | 476 | MPISPAFSKREFIMAKQVKAKK AVEKKVGDSKRAGYKGSNSRI NQTVKIMRRARAVLRRDASRF GKOKA | 72 Producto de proteína [Fago T4 de Enterobacteria] | CAA3653_1 2e-32 (7/172) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 254 | 144555 | 144920 | 477 | MNVIFEFKVV/SNGIAGSIDIITC WKHQNGSVCEIDQYMTPNYY MREFENGIVSITKEGSNFKIALD DFERDLGTHPCWNGVHRLKL KTWRHLSNKAKPEHLAEIFDV LNEFDI | 121 Proteína gp30.7 [Bacteriófago K3] | CAC42995_1 2e-64 (116/121) | | Gp30_7 de fago T4, proteína Gp30 de fago |
| 255 | 144949 | 145236 | 478 | MFMITYFDTRKNFCEVVFSAKP KDPAHLOPTSEISKNY/NVVC LEFRTYNGRDTLAITKLNRIDID PSIAREINSSDDINGGNVKGFGQ 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 | MKEFLGQTVELKGIVGIPGLISKV PPFKWSGIOKEAYIVSWWDGNE OLRMGDELSPYGLKELV | 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 | MNIUHKFGIQYVNTYKUTOKNRY TDEHEEPQVKSIIILEKSDWPVIE FRLPNQGHWADEVIIENV | 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 | MSELEIJSNFKWPSCALSNFAQ WPFWMDGIOFGLEGFLQGCKV KNEVQQRIFGLSGLAQQAGR SYARAQDRGTLFWLGVPFSRS PAWKELYTNAFYFEAAQNKGRFD ALHASKGVLKHSMSAGLTKD TILTEAEFIDVLNLRDSDL | 152 Proteína Gp30.3 [Bacteriófago Pol] | CAD30242.1 5e-85 (152/152) | | Proteína GP30.3 de bacterio- fago |
| 259 | 146084 | 146923 | 482 | MKPTILTIDGVCLSWQSGLPYF AQKYNPLEHLKIMODEKFISPG KLFINCDEELGVKJIEKY(NRSDFR YLSPYKDALCVINKLKEDYNFA VITALGDSIDALLNROFNLNALFP GASEVLMCGHDSSKELFKKA KEKYNMICYIDDIAHHCDHASEIL NVPVYMMARGERDOSPKTAQRV YTWNIDVENKLFSPKENKESFDS EKAIKDVIEMKMKIDSFPWNTTV RTGFNPYNHLYHPYQTHPQFT | 279 Proteína hipotética RB320RF_19c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803141.1 2e-163 (276/279) | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 6WW

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|---|---|---|--|---|-------------------------|
| | | | | | | | | | |
| 260 | 146923 | 147192 | 483 | WNYIKPGGIEYLYNRPRTSGDNIF QGAF | MFVHITYENEGNTTRDYGHVN QFFRCNPFFRAQDERRIFKKCVE LTELNDIELYNNRAN/NOTLDEO | 89 | Proteína hipotéctica RB32ORF198c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803140.1 1e-46 (89/89) | |
| 261 | 147189 | 148652 | 484 | MILKILNEIASGSTKQQAILEKN KDWELLKRVYLTSRGLOSSYIK KWPKPGIAQSFGMLTLTDMDF IEFITLAKTRKLTKNAEIELTGYTD GKKDDEVLRVMMRROLECGAS VSIANKVWPGLIPEOPOMIASSY DEKGINKNIKFPAFAQLKADGAR CFAEVRGDELDVRLRSRAGNE YLGDLIKEELIKNATTEARQIHE GVLDGELYTHEQVEKEPEGLDF LFDAYPEISKAKEFAEVAEERTA SNGIANSLKGTTISEKEACQCMKF QWMDYVPLVEIYGLPAFRUYKD RFSKLEOMTSGYKVLIENOVV NNLEAKVYKKYIDQGLEGILKN TDGLWENARSKNLYKFKEVIDD LKIVGYPHRKOPTKAGGFILLESE CGKUVNAGSGGLDKASVSKHEL DRTRIMENONYIGKILECEFNC WILKSDGRDTYVQLFLPMAIRLD KTKANTFEDVFGDFHEVTGL | 487 | ADN ligasa Gp30 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 54_1 0,0 (482/487) | ADN ligasa ADN ligasa_A_M | pifam0106 8 3e-26 |
| 262 | 148649 | 148837 | 485 | MKAYLETIVVAOKEGGDVTSVS QVILEFDVDAYAYNKFETFDAYE KGPKFEVRTLPLDY | 62 | Proteína Alt.1 hipotéctica conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049812. 1 1e-26 (57/52) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 263 | 148890 | 150983 | 486 | MELITELFOEDTTLPITNLNPKKI PQFISVHYDDAIEQPQPFRLCTYT SGDTNRDLKMGDKMMHIVPFT LTAKGSIAKLKGLOPSPINYINSV FTVALGTMROYKIDACMRLRILKS KTAGOAPOLIOVIADRURSRSGG RYVILKELWDYDKRYAYLIRHKVN VSLEDIPGVPEISETELFTKVESKV GDVYINKDTGAQVTKNEAIAASIA QSOSSLSSRFSESELQKYESTAA NFNIKPATAPLIPAEEMKIGINSASKTAAKIIKEGTIADELHYDKF FPMQSQGEVSEKIEKVFNAIKNE PTTSKCLEKYAANQLFEYK DNWLDKHNKTRKGQPDVEWEE | 697 | Proteína empaquetada de adenosilribosil transferasa [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028545 31_1 0,0 (682/697) | Proteína empaquetada de adenosilribosil transferasa VIP2, una familia de toxina ribosilante de ADP de actina cd00233 1e-36 | |

Figura 6xx

| | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|-----|--|--------------------------|--|
| | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| 264 | 150987 | 153044 | 487 | 685 | Proteína hipotética RB320RF194c [Fago R32 de Enterobacteria] | YP_803136.1 (679/685) | VIP2: una familia de toxina ribosilante de ADP de actina cd00233 6e-11 |
| | | | | | | | |

Figura 6YY

| | | | [Fago T4 de Enterobacteria] | | | |
|-----|--------|--------|-----------------------------|---|--|-------------------------------------|
| 265 | 153105 | 153395 | 488 | MKSSLRFGLQELVVEGVIPADNA FNEAVYNEFIFIKGTDKKFGIFPS ENFSKPEQTESIFQGVVTGKFES EAPVKIEVIEDSLVASVAAFISSRK | 96 Proteína Alt.-3 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049808 3e46 (95/96) |
| 266 | 154389 | 153424 | 489 | MYSLEEFNNOAIAADFORNNMF SCVFATTPTSKTSSLISSISNFSY NNLGLNSDWGLTQGDINQGTT LITAGTOKLJRKSGVSKYLGAMS QRTVQSLLSGSFTVGTYLIDFFNM AYNSSGLMYISVKMPENRLSYET DWYNNSPNIRITGRDPLVISFR MDSEACNYRAMODWVNSVQDP VTGLRALPDVDEADIVNLHSRN GLPHHTAVMFTGCIPISVSAPELY DDDNQITTEFDVTFAYRWMOAGA VRDQAALEWLESAAINGQSVLG NSGGVTGLSNSLSRLSRLLGCTA GSINNINTMTGIVINSOKILGA | 321 Iniciador del tubo de cola de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803134.1 0.0 (320/321) |
| 267 | 155483 | 154389 | 490 | TKEVAKTAKTYTAQOPTGRASGN DTTGDFQVTDLYTKNGLLTAYN MSRDOSGSLSRTMRSNYSSSSS ILR TARTNTISNTSKLSNLGSDIN NGTISKVPAANILLPRSKSDVDT SSHRFNDVQDSLITKGGTATG VLSNMMASTAVFGALESIOTGIMA DNEEQYTTERSMMGGAAENRTK VFTWDLTPRSTEIMAINIYQF NYFSYGETGKSQYAAEIKGYLDE WYRSTFIEPLTPEDAVYKNKTLF KMTSSLTNVLVVSNPTWMVKNF GATSKEFDGKTEFGPCQIQSIRFD KTPNGNENGGLAIPNLPSTFTLEI TIREITLNRSAYAGTF | 364 Placa base Gp48 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 0.0 (358/364) |
| 268 | 157264 | 155492 | 491 | MKPKQEMQTMRKKVSDNKPKTQ EAQKSASNTLSGNDISTKLDDA QAQSELIAQTEEKSNIEIGAIDN VESAVSDT'TAGSELIAETVEIGNN INKEIGESLGSKLDKLTSLEQKI QTAGIOQTGTSLATVESAIPVKV VEDDTAESVGPLLPAPEAVNNID PDADFFPTPQVPEPKQSPEEK QKKEAFNLKLSQALDKLTKTVD GFKKSISISDKISMLFKTYSAI | 590 Subunidad Gp29 del centro de placa base, determinador de longitud de cola [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049805. 1 0.0 (567/590) |

Figura 62Z

Figura 6AA

| | | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|---|--------------------|---------------------|---|--|
| 271 | 159663 | 158911 | 494 | MANIRKULPOGHIFRKFPTVNDYDYLVRNDEIHRSPQEOKEITDILDDYFGDYPKTKWOPFLQFVGSIKGATKVPYKTVFUCPKCKEKTVPFYZQELKEPFDVANVRIKIKPSSEFYENKAAMMITENHSQVDEWYDNKEISESSQIYELDAIEIETLEKIDAMAPNLTHASCDCDYZAKTTOLOVKLLVNPDEFITYQINHTLVSNYSNSIMPAPERGFVLUKEKDHO | 250 | Catalizador Gp51 del montaje del centro de placa base [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_0028545 23_1 | 3e-141 (2477/49) | Catalizador de montaje del centro de placa base | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 272 | 159714 | 160340 | 495 | MYEYKFDIVRGSKINCRAPFLKELYLTANNNGSVEVINKOILKCTNAKLNRCDESELLNLWAHSLEGVNHNHNSWKCICGTEIPTHNLHITOIAPELWYTLGDIKIKFRYPAKFDKNNIAHMWSICETHANGESPIVEDNEKELEDLYSITESDVAJAKMLKPTYLAVPKCPEGKTHAHVIRGIKEFELL | 208 | Subunidad Gp26 de la 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 | MANINKLYSQDIOPEMKDNWKOVSRSLGURSNSLGLITTRKGSRPFDPFEGCDLSQDFEFAETPLTADTYVERNESSAVNTYEPRIODLAVINPVYDDTIVLNUFBSVDNPDIDEQIKQLASSNRV | 132 | Subunidad Gp25 de la placa base [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049800. 1 | 2e-70 (132/132) | Subunidad do bisagra de placa base | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 274 | 160905 | 161218 | 497 | MRLDQEELKVKOVIDSTKLOYEAAANNMLYSKWLNKHSSAKKEMRLEAOQKVALAKLDYNSGRGDGEFSUROYKSENKMTVLSADLDAKSRSRGAIIKHOOMRAFEAGK | 137 | UvY [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_0028541 41_1 | 3e-73 (137/137) | Proteína de bisagra de placa base | Proteína de bisagra de placa base |
| 275 | 161218 | 161442 | 498 | MRYNDDAFAKYYEEEFETEIQFLMKKHALKRODILRADHPGCEDLVYIKGPAGYLDETFYSKDMGIDNMARVV | 74 | Proteína UvsY-1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049798. 1 | 1e-35 (73/74) | Proteína de bisagra de placa base | Proteína de bisagra de placa base |
| 276 | 161471 | 161638 | 499 | MISDRICVCKTPIDSALVYETDKQPVHGPCTNYKELPVSESEEQLNETOLL | 55 | Proteína UvsY-2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049797. 1 | 1e-23 (55/55) | Proteína de bisagra de placa base | Proteína de bisagra de placa base |
| 277 | 161924 | 161694 | 500 | MILEKOFLYEASIDEFMGKASCQTLEGEELEYAKKRYKETELKDODISVRLAAGKRAELEDSDIVEEESF | 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 | MTDIKVHFYDFSHVRIIDCEESTF GHWDGRILRDYNRLLPGLVG QIKKFCDFGFGYKAWIDPQNEKE ELSRKDODFEVLSKLEIYSGANKRI EPHNYOKDAVEGLVNRRILN LPTSAGKSILQDALLARYYLEYE GKLILMPTTALTTOMADDFDYR LFSHAMIKKIGGGASKDDKYKND APV/VGTWOTV/KOPKWEWFSQ FGMMMNDECHLATGKSISIISSG LNNCMFKGFLGSLSLRDGSKANIM QYVGGMFGEIFKPVTTSKLMEIDG QVTELKINSIFLRYPDEFITKLKG KTYOEELKIKITGLSKRNKWKVAKLAI KLAOKDENAFUMFKHVSHIGKAIF DLKNEYDQYYVSGEVDETTRN IMKTLAENGKGIIVASYGVFSTGI SVKNLHHVLAHGVIKSKINLOI GRVLRKHGSIKTIAWDLIDDCG VKPKSANTKKVHVHLNLLKHGI DRIORYADEKFNYV/MKTNL | 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 | COG1061 | 8e-27 |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|--|-------------------------|---------------------|---------------------------------------|---------------------|-------|
| 279 | 163512 | 164192 | 502 | MIDKDYIAEKLAKDONKEAKAKLA EYAEQFGIKVKKNSFDNINDIE EAOKLASERMPME TOGL SIKOLD AADAEGLYKDDEEVNPPEALLI DSPVKSIDIKEVETOKIPENTDV LIEDTPFVEERKEFQAAVEIESEK SVFTLPEENPSNOLQIGKNGF TVPWWIYQMAETPDWKSHPSTS FEHASAHQTLFLSIYINRQGSVL IRETRNSSLVTLK | 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 | TIGR0043 7 | 2e-04 |
| 280 | 164202 | 165620 | 503 | MIFTYDITPKTPGVIDETKQFTA TPSGETGGTTIYTAWTVDAPQ EETSATFSYVLIKSPAGOKITKVV ATNCVAESEPETAEISTITVQNK TOITTLAVTPGSPDAGVIGTPIEF TAALASQPGGANATQWV/DGS PVGEATSTFFNYTPDASGVKTIK CVAQUTATDYEKTSNEVSLT VNKKQTTLAVTPDSSPAGVIG TPVOFTAALASOPDGAASATYQW YDDSOQVGE TNSTFSYPTTS GVKRKICVAQVTAENYNEKEVTS NEVSLTVNKTKTMNPQVTLTPPSI NVQQDASATFTANVTGAPEEAQI TYSWKKDSSPVEGSTNVYTVDT | 472 | Proteína Hoc de cápside externa [Bacteriófago RB30] | AAM52483.1 (428/472) | 0,0 (428/472) | Proteína Hoc cápside externa | Dominio PKD 1 | 0.001 |

Figura 6CCC

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|--|---|-----|---|-------------------------------------|----------------------|---|
| | | | SSVGSQLTIEVAVV/TATDYSKTI TAEGQVQVTDKVAPEPEGELPY VHPLPHRTSAYWCGWWVMDEI OKNTEEGDWKWTDDPSKYYLH RYTLQKMMKQYEVUDVQESRN GYHKTAKLEGTGINTYP | | | | | | |
| 281 | 165722 | 165925 | 504 | MRTEV/VFTLHESGKSFIELAREL NLQAKEAVLWARAMTAKNKF TREKVVYRKRRHINKKKNGTV | 67 | Proteína hipotética RB32ORF177c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803119.1 4e-30 (67/67) | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 282 | 165912 | 166190 | 505 | MEQDLYENESFAINQLREKALK SKFKLCECFIKDFSELANKAAEQ GKTHFSYYCIAQRKLTEEIGDWL RKEGFSFKVNSDQRDGDWLET 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 | MFKYYSSLHENHNSKFIKL YSL GLTGEWEVAREKHGTNFSLIER DKVTCAKRTGPIL PAEDFGYEII LKNYEDSIKAVQDQIMETS AAVSY QVGEFFAGPQIQNKVNDYGDKDF YVDIVTTESGDIVYVDDYMMEE SFCNTFKFKMAMPLLGRGKFEELI KLPNIDLSVQ/QDYNFTVDHAGL VDANKCWA/KA/EAKGEVTAEGY VLKP/CPSWLNHG/NRAIKCKN SKFSEKKKKSDKPIKAKVEL SEAD NKLVGILACYTULRNVNVIISKIG EIGPKDFGKVMGLTVODILEETS REGITLTQADNPLSVKKELVKM QDYLRPWIELVS | 334 | ARN ligasa 2 RnIB [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049790. 1 0.0 (329/334) | ARN ligasa 2 RnIB | pifam0941 4 4e-132 |

Figura 6DDD

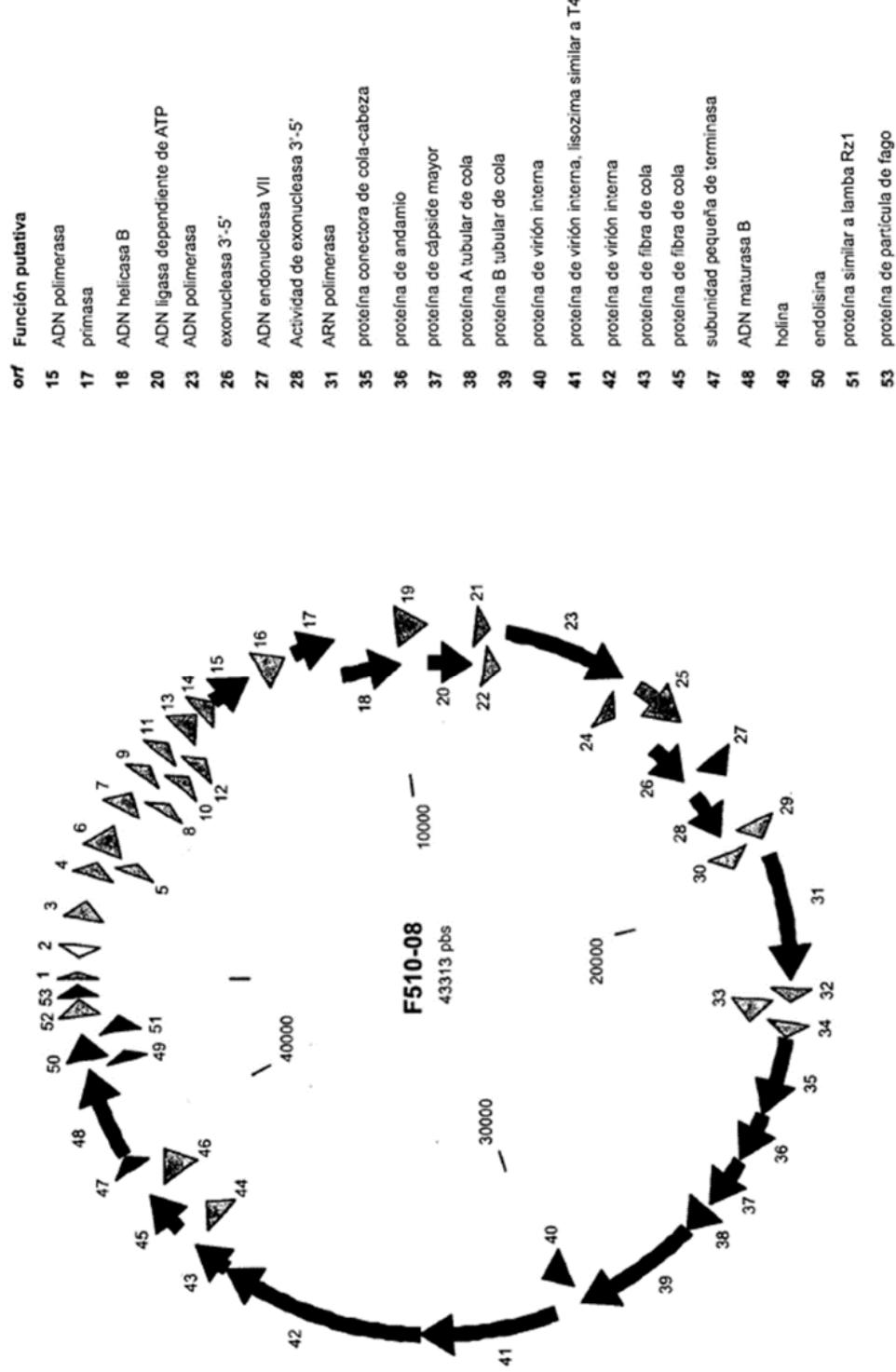


Figura 7

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

| ORFs | Posición de inicio | Posición de detección | Secuencia de aminoácido | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/ similares | | Dominios conservados | | | | |
|------|--------------------|-----------------------|-------------------------|---|--------------------------------|--|---------------------------------|---------------------|--|--------------|-------|
| | | SEQ ID NO.: | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E o identidad predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 1 | 1 | 124 | 507 | LLNEAVASKVINSRLG WSAVGEVLFNRTQ SRVAGLPE | 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 QDAAWORQIATVAQQ DHRHYAAPWRKRDAS QEYAVALTKHREALER SRHYGGPKG | 69 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 3 | 1175 | 1528 | 509 | VGSRSVEFAASSRNNAA RVRSONDGRLOPSKR GTSHRRKGHGKLGG EPOCVRPAGITEGIDTV QDTRYSSHHLMATQQ KGLCORTGRTNPRQRI DKTSAASL | 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 | MAHFKA KAKPSPF AAQ VAYW RDWEAKRTK LJA QDNVEGRKEI LKMRD VRYATDPEPA PGRYHN PEOKAFVKGSSEGKAR NILKGWNARKSQKGGL | 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 | M P R V N E L T P R O R K A A K A R R O K A R R I D L A H R M P K G A D C P I F R K A E Q A Q A K O P R Y D T L I T P R S A G Y L A A A Y L N K S I | 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 | M T N A I S K T V I A F R G T E E I N R A I D A I R V R G K E L D E A I O L T G L S I I H H I D Q C G D V T V V / K A L Y E A M P K G S R R N A L V E W I V L H G K V Q V N T D K S N K D O L P F L Y N K F G K T D L V G A T N S P W Y S F K P E R A L D Q E P N I L A A A L A T I K K V I Q A Q T K S K V I V G M I L L G D L E A A K A A P I A E Q S K R A A A H | 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 | MQALNTLIAIPKDKTA -GMHAADKVLCAGGFR VIGAGVTNRYDEAY RMISRNLDSEGFDVLL QGSPLSGRVTCQAYG WINAEYHKGCAANGRPI FDIAGTSYH/VIA | 122 | Proteína hipotética: PPLUZ19_gp4 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71946.1 (120/122) | 2e-65 |
| 8 | 3796 | 4020 | 514 | MSSRDPYRIGHRYGLV NYSDRYLGADAAGTK GILEAITRPSRCMTVYH VRCERTLRLIEAARNV REIRQRRAER | 74 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp5 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71947 (72/74) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 9 | 4199 | 4459 | 515 | MTLVATVDSAHNLEV DOLTAGNLYAAASSPG NMFIIVVGNHNNGRRLP VVLSSIDTRIGDVISN TGFRYSEIAGFSVNL QGDYD | 86 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp6 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71948.1 (86/86) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 10 | 4459 | 4749 | 516 | MVTRTVVYTPEDPTPPI LSVGRLLAPGELYKVA PSAEGIIVLATKQTPA LAQAAVVLHSMPNPAQY PAGSAILNTAWKCRRL GVGEYVKLVQGEED | 96 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp7 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71949.1 (96/96) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 11 | 4749 | 4988 | 517 | MAVAILLAVWLLGALL FLPFDLVSPRLSDE ALNRTALTYTVLWPVTL PTLIAITVVMLHSAYR GAILEYQEMKS | 79 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp8 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71950.1 (66/69) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 12 | 4985 | 5278 | 518 | MIRTHITHNVERTPHRL YRHTELASGELYRVHQ PDSKRGTLLVGVAAW DSGCRPAVLPVHDD GDAKVTCARPTVRND GWRMVLADKGTVTL TAE | 97 | Proteína hipotética phikMVp09 [Fago phikMV de Pseudomonas] | NP_8774 48.1 (80/97) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 13 | 5357 | 5773 | 519 | MTNVNTTETTAAVL GAKLUKKPATVEDFRN NVFHHSALTKLTEVY NEAVAALQTAERSSL VAGDVTFDHGKGKEKA EVLSGEVISVVAQVYQ VLVRFSDSAPARLVD KASAIRAVQSSAAAQA TLDIAQGE | 138 | Proteína hipotética PPphilkF77_gp11 [Fago philkF77 de Pseudomonas] | YP_0027 27830.1 (114/123) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 8B

| 14 | 5842 | 6201 | 520 | MISKRNPEHINGTVRSV SVOKLAATOEDLEDRLE AALAVCOQRAEIDLL SRRLOAAERARRWEID EIRNHOATRILLQNDLN AAHDAHEAQRERRARK ATIMAWWVCLLTAGLAV TLKLAGV | 119 | Proteína hipotética PFLUZ19_gp11 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71953.1 | 2e-60 (119/119) |
|----|------|------|-----|---|-----|---|--------------------|---|
| 15 | 6204 | 7013 | 521 | MDCKLYTINLASGMF NPVPCSQVTPEMRVVA KSRAFAAHYTPKKQAS GGTYTARVSGVTCG GKVEVRLDNVERVSTF DYELETRVAAISLCQA DAKRAAEYEKLLKAF PSVSPKDGPLSAKDFE LRLHDOLCSTKLVVLRAL RDAGIEMIDGPRLRSRV KLADRNINVGAELFSL KOELAQQLVAVGOKAGL NWIDGAETORLLTVAPT KALCRULSALTGVRYTH HTVYVAKAEAEARERAK AEAKDSLQATAATTAAA GGVVGSALMFLLG | 269 | Proteína hipotética PFLUZ19_gp12 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71954.1 | 3e-145 (260/268) |
| 16 | 7284 | 7826 | 522 | MISKTSYPLNLHPGLIQ IRTHVFSIOAPSNAEN WWQWFLWORKYHPL RESI SPAGEL SASIAEC VHLRRNGWQDSIW RKKGGVIALGAFDSL LM/GSCLV/VGEUKAL CVDDRHSHROQIGAEVL RAEELAGAEYLTCEEF LEPFYADLGWSTTHRE ANWTAGEPDPVHIMA 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 | MALRDSWLKQAQSL AVGQAGFRHRVHVGCO SMRSRGGTNMTCKNL DRWVAYCYSCQEGGV VEKTHVRRV/QCDQDE RFMPWPEDASDWTOA DCYOSLYGLLSKGIDY NVMTPGLPLYSERQH RLFPTDAGWIGRATAD QNPWKWVGTVGPAPDY HGWPOQELSMGRPWVL TEDYLSALKVRWACPE VFAVGLNGTRLRDRLA AIMLQQTCRAFLQFLDG DRAGVRSAGVMRRL RSLLIEGOVPTPDGF PKDLTREQIRSLVIGRI DASRT | 274 | Primata [Fago LIZ19 do Pseudomonas] | YP_0016 71958.1 | 2e-158 (271/274) | Primata | Primata similar a DnaG putativo | PH402031 | 6e-148 |
| 18 | 8805 | 10073 | 524 | LDVTIHALSDRDRF TLRSV/PEGIMMGPET CFV/DWIEOYMKVYPA HQKVDOPOALREJKLR GGYOPCQLAVLNLVN QLDKPVDPDSLOGVVS QLENELDFSGRVYDALLA QYNQGEDIDLAYELRR LSEEARRGGVSTPTD YTDDVFDILAEQQGD HGIKLPGLVLPAYMKG LHAGASVLAAPDAG KTSMIAWIAVHIAPOLK RYFDPCRILWLNNEG KGRRIKPRLYSAALGM TGEILALDPEEV/RM YAEKIGGDSELIRKDF HGGSLAQAEQVIDAMK PSVVFIDMMIAHVKG QRKDQNRTDEMEYKV AEVREMARVHDIFSEM TWQISNDGHDOFLFPO SCKDOSKTA/CGAVDV QIHLGRNLNGADQVM RGLSLPKNKFMODGK PSNVEAMINFDAARCR FFESVDHAS | 422 | ADN helicase B [Fago LIZ19 do Pseudomonas] | YP_0016 71959.1 | 0.0 (395/397) | ADN helicasa B | Dominio terminal C de DnaB helicasa | c000984 | 2e-06 |

Figura 8D

| | | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|--|--------------------|---------------------|---|-----------|-------|
| 19 | 10063 | 10683 | 525 | MOAKHSRIVVLEGTREIP LGSIPLLGSVAGLLC FPRDLMHGATPKDQDV ALYSMTWGRAEHLIQK ALPVLNPIFVRDGKWR SDYADGGGGIFKGV MSLVGCRCGLNGMQLD FNYDADSLGRVAMESF DFTINGVGIAYNWDP EGGPRLGAVLHKDVT WGVNKEVGAGSRPVE RCEKMRAKAYYGWE NV | 206 | Proteína hipotética -PPLUZ19_gp16 [Fago LIZ19 do Pseudomonas] | YP_0016 71960.1 | 7e-111 (196/206) | Proteína hipotética | PHAO1806 | 7e-92 |
| 20 | 10683 | 11630 | 526 | MSKRDVNLIEKGIMR GVQNDIKAVIAIRKK GYVNEPKIDGCRANG AHGVVRSRRFPALD GLEDRERLARPGLDS GLVDCEMYLAGMPFS EATGRMSKSTPLTEFF LECHFAVDATHIDVL RKARTSHLYYEERRAM ASSLLAACRISDTPIFF QVGFYVCRMNSDVR QYKFNRREVGYEGSME KDPSLVYRNKGKVAGCY KRPGITYDGRVGVY MGKTKGNVGRVVGYR VELEDGSSTVAAATGLS EEHQILLTYAHLNAHID EAMPNPyGRIVEVSAME RSANTLRHPSFSRFRD LASNPGVKU | 315 | ADN ligasa dependiente de ATP [Fago phikF77 de Pseudomonas] | YP_0027 27838.1 | 5e-159 (275/315) | ADN ligasa dependiente de ATP | PHAO00454 | 1e-99 |
| 21 | 11627 | 11911 | 527 | MKIRKSERNRYNPEDMV YHATNRDSLULYKYYM GSVFSODGDTFRICVM AGTMHDHVGESEVLHHA MRRIURRNLOQVGVKV | 94 | Proteína hipotética -PPphikF77_gp20 [Fago phikF77 do Pseudomonas] | YP_0027 27839.1 | 1e-46 (91/94) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 22 | 11908 | 12243 | 528 | MIRMPTEETERIRCILLA DIHEPINLLFGIGRVKA ETIMPLGWGDSCIALV RVSYEHLTGLEYMH EVPIHLISOWGRDGLL QHLMNEIPRVDGML ROAQKYSQSNNWYSK | 111 | Proteína hipotética PT2_gp22 [Fago PT2 de Pseudomonas] | YP_0021 17801.1 | 4e-58 (109/111) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 8E

| 23 | 12240 | 14663 | 529 | MTRIDOLETESTEYHK GRKASPFDPRNIVMA GWRDDV/DGKV/GOKVE HFRFSRAEADPNR WFNLGV/DVIVAHNAM FESNWFFTRYRDEYLA FLRRGGGRWCTQAE YLLSHQTWLYPALDEL APKYGTHKV/DIKML WDQGVLTSEMDQDL SEYLSPGPGDIENTAL VFYQOLMKLOARGMW AGYLERCEAULGFSAM ECAGLKV/DLEVAK/NH AKQLEEVAGIEAEKLKL MPDPEYFEFKYTSLY HMSAWLYGGEVRYKG RVPYEDGRMEKADEFV RGTAKGRTPIESTSV RVPHHEVTDQGEWHW PTTEELATKHIGPVUTFSA GKNKGSVKVFREDTDI PATKWDODQRFRFPG LINLTNLPEVREKFGLG KRPEFOQCALTLADGSP VFSTSGDAKALELKOG FEAAKLMRLAELHKD NSSP/THTYKNDGTIK DTKGMLQYVDDDGHH HSLNNTTATTPLSSS RPNIQQLPSKDEDPDE AGSRVKEMFV/SRFGA DGMIGETDYTALEVVM LAALKSKORNLLAKLMA GTMHILYRLAGKHNN WNGFDYDOLVAIKDOP NHPWHGRMMQARKNNI PKPKFAQSQYGAASAAGI AFNTGCTVEEAQEFLD NEAALFPESKAFRQIVR DSAETATSLWYKAEDQ MPAGAFSEMGPDGWN RQYRRGFWQOAPGTC YSFRQOERWDKEQRK TVMDFKDQJANYNMNO GEAGFMMTVSVGRIFR WMLHRPGEIAVTEFLIN NVHDAVYTDCHKDTAA EVNKGVRDIMAARY MSERLGYDIAVPFFA | 807 | ADN putativo dirigido a ADN polimerasa [Fago phikAV de Pseudomonas] | NP 874 58.1 | 0,0 (806/807) | ADN polimerasa | Familia A d0 ADN polimerasa, dominio de polimerasa 5'-3' | cd06444 | 2e-20 |
|----|-------|-------|-----|--|-----|---|----------------|------------------|-------------------|---|---------|-------|
| | | | | | | | | | | | | |

Figura 8F

| | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|--|-----|---|---|
| | | | | | | | |
| 24 | 14660 | 14971 | 530 | V A E M G P N M F N M E V I Q V K E L H P L H T P E F V K T F L D O T S C L P G V R V T G R T T G I A L O A I G M A L S H P R E T L T F V D H P D G S A A A L V A S I E T I L A T L G Y K N V L R P T T R A D G R S V S I V F K T L P H A | 103 | Proteína hipotética PPphikF77_sp23 [Fago phikF77 de Pseudomonas] | Yp_0027 27842.1 (102/103) 2e-52 |
| 25 | 15026 | 16075 | 531 | M T Q Q L N A Q Q A L A L A N K A A E T A T D M S E T S G G G G G R I F F P A G T A M G R F C Y I E L G D H A K E F Q G K L K N P A P Q I R L G F A L W G D V N P O A G N P Q S R P D D L F H T Y E A D G S I R K P G L F R T F E M T L G N N E K S K T K L A F D K M I N W S G Q H T H A Q M L G Q A F I P I K R T K T K G N N A G K E R N D I D W G G I M R P Y N P V D G S P Y N V P E L P M D I L L Q Y F F D A P T K E T V D A L Y I E G T S D N G K S K N F L Q E T I R S A T N F P G S A L H I M L G G G D D L I K P T S Q O A G G S N L P A V P N V A D A G V A A P A V P A V P Q A V A Q O T A P S V P Q V A N V A P V V G T A E A Q N V L P D V P Q V A Q T A A P A V A E V P A V P V / P A V P Q V | 349 | Proteína hipotética PPLUZ19_sp21 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | Yp_0016 71965.1 (347/349) 0,0 |
| 26 | 16075 | 17016 | 532 | M R L P S E E F L A G L S A Q F D R S M A G G I T L V C D A D G P A V Y A A T A K T I D T A L R P E F V K L I E Q O F F L A H C T G T R V H L I A Q G G A K A Y R D T Y P T M K P Y Q G Q R K G K A K P A L L E P L R R A V A D V H E R G G A P E G I D V I L .H T F E A D D G M M M D A Y A M Q D K A I I R S D D K O L R M T I T P Y W E I D T A C V S R I E G G F G Y L K E A V T P S G Q F K L K G H G R K F F L A Q W L G G D T A D N I R G I D R F N G K L C G M K T A F D I L H P T D E D E A D M I L E A Y A K I K O N P L A E A E V L W M R R R P T D N A A Q Y L L S P D L R P A F | 313 | Exonuclease 5'-3' [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | Yp_0016 71966.1 (313/313) 0,0 |
| | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 8G

| | | | RQWIIELDAYHEALLQK RRESDYDE | | | | | | |
|----|-------|-------|-------------------------------|--|-----|---|--------------------|--------------------|---|
| 27 | 17006 | 17446 | 533 | MTEPKVYQIPRSQQR TFTKLWAEONKLCP CGKPIDISVKGEAVMD HDHETGLVRGVLHRSC NTAEGKITNAAGGSWGC KSNIKYSDIIPYLRLALT YLEGPKHPLIYPLHKT EEKHEAKLAKRROAAA KRKAAMAVAKHNARN V | 146 | ADN endonucleasa VII putativa [Fago pNIKF77 de Pseudomonas] | YP_0027 27845.1 | 8e-81 (144/146) | ADN endonu- cleasa VII |
| 28 | 17443 | 18489 | 534 | MSKLKQFTNEYLRNV YVELGLKKGAELTHE SFGFEVSROCFRNVICI KLGFHDSSRTGMYAK KGAMHNLGRKAAEVV RHPGAVGNVVGQGP KVLSLDIETSPIEGWVV SLWIKONVGLNQIKRD WTLSFCAKWMHSDEV IYMDCQGDPLDDMHL VALHKLLDEADIVONG KRFDVPKINARFFFLNK MPPPRPFKVIDTLIAKQ QFAFTSRKLEYMTTHKA CTIKKRLHGKFPGFDL WAACLODNPEAWEM RLYNIDDVRSMEELYL MRPIWFVGHPNNAVYF NDAEPTIRCPKCGDTD VQEGRMMVHTQTGKYE HYTCGGCGGGWWSRGR YTRNTSEQRKALLSN | 348 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp24 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71968.1 | 0,0 (346/348) | Actividad de exonu- cleasa 3'-5' |
| 29 | 18499 | 18870 | 535 | MSLAFTPSEYSTTTEP YRKKGASLEERKVKGKLP MHLLVEGFPLLKRELA RMIMQWAAEVKGYLPH DNIKKMTVGEFKSAGH RHESKRLLDGPLODES NLMHLVHEAFNAMAAA EVALMDREKGNE | 123 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp25 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71969.1 | 2e-66 (123/123) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 30 | 18863 | 19213 | 536 | MSKICWCCTRPHETDEG VRYIWAFNERGIGVNY VTAITPAMVSHRDWS DVLPDILREMAERLER EVKKLVELRWFAEILSC GENRDYRAMTLEGAV | 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 |

Figura 8H

| | | | SLAEAEWGPEDIGRVI ERR | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-------------------------|---|-----|--|--------------------|-----------------|-----------------------------------|-----------------------------------|---------------|---------------|
| 31 | 19222 | 21672 | 537 | MDLIQQQIAHEEALVG AANDARIALEKAIAOG SIDRIPRARIMLMRLP VTEAIFAHQEAQAAQGP AAKLRHLLRIIDAOQLA VMAIRAGLSMLINQYPTI TATKYUTHMIGKILCREI EVRLAFKVNQIPYDRT LDYLTTSRTSYRHIOK TMDALLDAVLPEEARID LPDGDDYLRLGKFGIDPL IQCGLFEPNRFTGRGG TSVHLEPSPEAKEFLQ DPSAAAMTWGGPGRSV MLAPPRPWNWDWCDG GYSSAKAOKHHVLYRR TKHQTKAROMOJURH LGRDKMPRYYEAVNAL QSWAYEINHDVEIEIR VFTSGGGVGLGIPORTY PDKEPEFLGLDEWAKE NASEQELEAFNRWKWR SVHRWYTGEREHTAK LREFAAALYRVREHKG KAVYFPMHVDSRGRM YWWTGPNPQGSIAKA CLRFHEKRALGKGRLY WLKHVANSLGCDKV YFDRAAWYDERWDD FQRALDEPENYPNLF PEDIESPCLAAGLLEUR AAYASGNPEGYASGF VHMIDATCSGLOHYSAI LRDEIGGAYVNLLPPGL AKADYNSRVLGLVINESL ERDRAEGADGEARGY AILWDKAGLTSLTKKP CMTLVYGTTFKGIVYDH CLDYLDSEGVIEPEGV PSYRLGSMATLILDAI RETVPSAVFAMEWILQ RLARALPDASKOLHLWT TPLGMQVFOSYPKTEE VRVRLRAEAEVYTLY EADDELDPVRNANGIA PNFVHGIDSSHGLTA LACAAEGIPQIAHDSM | 816 | ARN polimerasa específica de fago putativo [Fago phik77 de Pseudomonas] | YP_0027 27849.1 | 0,0 (799816) | ARN polimerasa similar a T3 | ARN polimerasa similar a T3 | PHAO452 17 | <1,0e- 180 |
| | | | | | | | | | | | | |

Figura 8I

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|--|---|-----|---|---------------------------------|-------|---|
| | | | GYAADVDRMHVHIRE GFTAMYSGPVCVELA KOLGIEATPPRGSLN LEAVRDSWAFC | | | | | | |
| 32 | 21845 | 22096 | 538 | MATMKTHRPTVMSPT VEGSRTGKGTAARPVT TSQQIEWLEAQTPPEHQ IGPGTTMEDIOFOAGR RDV/RAVRLRRDAIA VELK | 83 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp27 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71972.1 (83/83) | 1e-40 | No putative conserved domains have been detected |
| 33 | 22096 | 22569 | 539 | MNKSIMWRVHAKAGTPS ELOGLCWLAICQELEEF TLFRSKDIDALNAMLDI EGNDRTTELLVRFDGQL AGGACIVFEDOPHVGP CYTAQWQYVLPYRN TGVVREFIRELHRQAG WGQIPILYCWSHRESD SRYTHYRRAKPYGQE SKEGAGQDIIHQTR | 157 | Proteína hipotética PPLUZ19_gp28 [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71973.1 (154/157) | 5e-88 | Proteína hipotética PHA01807 2e-70 |
| 34 | 22514 | 22810 | 540 | MGKKVKKVVLGKTIIGKL ADGILGTDLSGAQSDA RKMEEQNRLMIOQAD QIARNOQVDLTAEVNA QVDLGAMADATGT FRRRNQAGTVSQT GINY | 98 | Proteína hipotética PT2_gp34 [Fago PT2 de Pseudomonas] | YP_0021 17613.1 (98/98) | 2e-47 | Proteína estructural putativa PHA01808 8e-14 |

Figura 8J

| | | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|--|--------------------|--------------------|--|-----------|--------|
| 35 | 22822 | 24354 | 541 | MKTTAAMLWEKL RDG MNDPMASGRGVWEND FQSAGALLVNNLAALK ARSLFPFTGIPPFSELT DAIRREADSRDTOITEV TAALARYDRKATORLIF QNASLAVLTQVKLLIVT WSLRSYAVRRDATGR WMIDIVLKQRYKSKOLD EEYKODLMRAGRNLIS GSGSVOL YTHVORKK GTAMEYAEYLHEDIGV RVGKEGRWPIHLCPYI VPTWNLA PGHRYGRG HVEDYIGDFAKSLLSE KLGLEYELLESLEVNLVD EAKGAVVDDYQDAEM GDYPGGAAEVRAYE RGDYNKMAIOIOSLOA VWRILNQAFMFGANO RDAERVTAEEFRITAE EAENTLGGTYSLLAEN LQSPLAYCCLSEYDDA LLOGLITKQHKPAETGS LPALSRSAAVOSMLNA SQVIAGLAPIAQOLDPRI SLPKMMDTIWAFSVD TSOFYKSADLEEAEE QQRQQAAQAOQAQQT LLEGASDMTNALGY | 510 | Proteína conector cabecazo- cola [Fago Ll/219 de Pseudomonas] | YP_0016 71975.1 | 0.0 (510510) | Piuellina conector cabecazo- cola | pfam12236 | 5e-103 |
| 36 | 24358 | 25326 | 542 | MITOPNDQOLPGLAN LYANVPAAAPTSHV QVLPNPVQPOQPVOP QKVQGAPOQQLAIPQQP QIVPTSAMTPHYQPVA VPVAGQPVWPQAPAQ PAPVAPPAAAGAVLPEN LEV/PPPAPATTNGEVG TLAGNILEGDPOLAPSIS YLEAFSDOKLDTVRAFG KAAXENRDPRFIDEHYL KEVLGPQAOQHVINVVA KGVLTYDQATKAVLN QTYAAVGGEAVLKQAA GVFNQHADPATKAG RLMDSGDAQAMQYAA KQIVAFAGSGAVVQA TGQPLGAAAPALAALS | 322 | Proteína hipotética. PT2_gp37 [Fago PT2 de Pseudomonas] | YP_0021 17816.1 | 4e-174 (316322) | Proteína de andamio putativa | PHAO1929 | 2e-92 |

Figura 8K

| | | | AEQYRLEVSKLPLNAS EAEMAALRRERRAGM AGI | | | | | | | |
|----|-------|-------|--|---|-----|--|---------------------------------|---------------------|------------------------------------|---|
| 37 | 25379 | 26386 | 543 | MSEFLNDLTPRNAYAGKN ADVDIHLLEEHILGIVDKH FAYTSKFKAPLMNRDLR GSNVVRDRLGRVKEAK GRAGEFEIERSRVVN DKWNLTYDTLLYLRHQ FDHQDEVNTOSFDMRK EVAELDGQELARKFDQ ACLOVIKAAMAIDAPVD LEDAFSPGVLEKLDLT GLTAKOQJADKIVRMHR RVVETFDIDLGDAVY SEGTPMSPRVSLL EHDKLMMVEYQATGAT NOYVKSERVAILNGVVK LETPRFATKIAAHPLG RHFNVAKEESESERQJL FLPSKTLITAOVAPVOA KLUEDNEKFWSWLDTF OMYNIGARRPDTAGAI ELKGIGAFADETA | 335 | Proteína de capsida mayor [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71977.1 (335/335) | 0,0 | Proteína de capside mayor | PHAO02004 3e-177 |
| 38 | 26483 | 27037 | 544 | MULLDAVNVLRKIGEL PPSMIDETYPTMAIALP ELEDORIQLLTGGWWF NTWIKHKLTPDQGR INPKDTLAFYDPOSQDL QWDGLGVDRDANTGDD RIGKSVVEGRVLVLSREV DRIPEMAVRIAVHOAAL AYTHEIGPDETAQVIA QELOQAYONELSRNHT RSRPLNTOAKRSFSR WRHSLSRT | 184 | Proteína A tubular de cola putativa [Fago LDK16 de Pseudomonas] | YP_0015 22825.1 (183/184) | 2a-102 (183/184) | Proteína A tubular de cola | PHAO0428 7e-66 |
| 39 | 27040 | 29520 | 545 | MSYKQASAYPNLLMGV SQCVPFERLPGQSEQ IMVYSDPVSGLRRSG IELMAHLLHTDQPWPR PFLYHTNLGGRSIAML VAOHRGELYLFIERDG RLLMGQPLAHDVYKAD DRQLRAATVADDLIA NLSVKPPEADRTDKVG DPNKGAGWLYIKAGQYS KAFSMTIKVQNATGT TYSHTATYVTPDNAST | 826 | Proteína B tubular de cola putativa [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71979.1 (821/826) | 0,0 | Proteína B tubular de cola | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 8L

Figura 8M

ES 2 956 367 T3

| 41 | 30065 | 32761 | 547 | GLMSAGSLYASQYKF GATPGGN | 898 | Proteína de vifión interno [¹ -ago LLI-719 de Pseudomonas] | YP_0016 71981.1 |
|----|-------|-------|-----|---|---|--|--------------------|
| | | | | MAESORASQELQINGV QTQLQPQGSARRGVR DSEVNYSGPVGSSQIL DGILGAGQOQIAKGWE HNVOQEVLGERARM AGEAEAEAVDSNLAKP FUKGGWRKQDYRIAQ ADFSLKMORFIANKGR EMTPFEFKYLSQEAT HVLDSTEGMNPNDAL QALAQQKAEEQOLFG MQAKAYMDWSIDAA RGFRTQGNSILAKAVQ AQATGDELRSQISSLF AGLFYTNIIMTSEDIPLLE VRDKVGMQFLAASLD MNQRIGYEGSLRDAGFL DSMSFDRRALINGLYE KSKAQTRAKESMATLR ADADFQRVANGAID LAEVIAYSRGMVVEEG RWSDAOISFMTKAMT GLGNAORMQGIMMAL EAGDINALHTLGNTVTE ALEQWDIKMQAANGSS LTDRLVQGTQLGLRLG TFPKTYGESVGSAVRM IOAAKEGEANPELINTL NSIFEEVASAQEINPSA GNVIALSGIPEAEQGAV AWALKQMKMGIAPAO ALREFSANAEEVKOMD EFEKGQNTIKAFKONLG KOVDNDFVNINIFGRAW NMLTGESDLSNNEAVL SMYFRATIDEANWLAS DRKHAGLLTSDTGREA LLEIAAANVRNRTIOVG EGRNLKEGDLFSRROS APLIPRGTTAEQLFEGT NDTETGTYLAEQHKP HVEGLLGYKSVVAFY DRTGSSLAVEYDENG VALDRTRYDPOAVGNE VLKRNADKLNAMRGAE YGANVKVSGTDIRMNG GNSGAMI | Proteína de vifón interno, lisoína similar a bacteriófago T4 | cd00735 | 2e-10 |
| | | | | 0,0 (885/898) | 0,0 (885/898) | Lisoína similar a bacteriófago T4 | |

Figura 8N

| | | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|------|--|--------------------|--------------------|----------------------------------|----------|---------------|
| | | | | | | | | | | | |
| 42 | 32765 | 36778 | 548 | MAKOKIGRMTPKYPL AVPTVGFDALTGEGI ERNVAAGQRANAREL ERYADQELPALDRAS ALWINOSTLVGRWDA LQLDAULJANSTGEVD PNFDAGTYGVQALQAA GIOPTDNYLOIMARAG NAEDAAYLLSRIQRYE QDEGIVRDNIPYNNFAV GMILDPAALAVIDAVTFG AGRALRLGRAIGMAAA GGAGSOVGYVAGLDAA GADYDAGTYIVAGLG AGYGALLGSAGRIAA EAPTOPHYPVEAPSPTV GLPEVAMTAEEAAMRG FKAGDVVDLLEDEGTVL SRVSARVEQAEPPAIRP ROTAFGDELHSLSGRK LSEVLDHDKTHAEVKP LOGIAAKVADTIRTELEG LGORTAFRVVQGGDT ASSAFLKPKGTAGIHST QIGLDLTVORGSTAPG RV/GTNPVTVLHEAVHA ATVGUIMMAHLRPG MSPKVQAMOTLENV RGNVLNALKODRAAG RQLSEFETTLAGNSN TLANVKELVAVGLTDT REFORTINRLYSDDGP GLWSRFVEGIRTLGL RSADATLSRVLAASE TIMEAMPGYTKAOAKW ANKGAPVTEASLETIV RSTRERAREGAGFVN RFSEADLLAOPGEGA RRLLSRUDDPVRROG | 1337 | Proteína de virión intacto [Fago L1219 de Pseudomonas] | YP_0016 71982.1 | 0,0 (1327/1337) | Proteína de virión interno | PHA02006 | <1,00- 180 |
| | | | | | | | | | | | |

Figura 80

| | | | | | | |
|--|-------|-------|-----|-----|--|---------------------|
| | | | | | | |
| FSTNDNAASYLRRYN EFEFGYKSYDEMMAK RRAAMAQVGVLTARALNS RELLRRDREWTAOGS VRDPNLPPPTIKALADR SDEIIGLMGQBARAEAG VRGFENFAPRPGYHR SWNWSKMAQMDEAA PGLARRAISEAVFRGIP GLERADADTIAQAOIVR ARDRATGIRSEFMGAM GVQADTAFIROALEAN VSOAKEDSIMAKIEOK OSDGOTVKYKGKGRIS LDMTAEINHNGTVYRV ODLIDRDLRUMIENYA GSMGSRSALARAGMP GDSEIEAFIREYQREAA HLGTIDKVOELTGQLRG VFGDFGTGNVPREHOL GPVAQRASGLTSATML GFSGVYQOLAEALATMAH ROGYFNVNKAMLNISR LGDFYVGAMIRRDPDLA DEMOTVLGLNLANDIR MKPWKRQFDTFLVSQ DTFMADRELHAGKQAVP VLNGMKFHWWQSRM NANLTLNKVVARAQGD EAALRVLQOQYGRDID WTPVLARYVRGYVTTR GRNARSAMNWGAWSQ ADVNTVNTALRIMDD SLLYGRVGGONSFGFARS PVGQILGQFRSFVAAFA HNKLRLGTYENSGV/LG VASLIAFQYPLTALMM GAKAIAKGKFDTSDIEGI RKMDIGIGYTAGLGET ADMWGVITGHSRMSA PVFGLAEHSNVEYFRGV KDLVTDODPAATAITGDI VNGAAGALPFVNYPFA TKLLEISKIE | | | | | | |
| 43 | 36780 | 37535 | 549 | 251 | Proteína de fibra de colá [Fago phiKMV de Pseudomonas] | NP_8774 77.1 |
| | | | | | Proteína de fibra de colá | 98-144 (248/251) |
| | | | | | Proteína de fibra de colá | 98-05 pfam03906 |

Figura 8P

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|--|--|-----|--|-------------------|---------------------|---|
| | | | QGIPFLPRYIDANKQL LYAVQEGINANTNLAD GVLDARIAEFAARRLAQ EALDAANEALRRALGF AEIRTYTEDDIDPSWR GYNNRCITSEQSULT MQMEOPDEPWNIESE VHFEDQAGIRDLNIVAGP GUTINRLQNTMQLYG ENGWICLKLRLGPNNHWI IFGAMEDD | | | | | | |
| 44 | 37535 | 37975 | 550 | MRGIAAVVASQIRRKP PVLTTYPQSSDRG GMIFFHAIGIQLDTYKF ADSKGDSYEMVRDA TLKSMVITLTYEKDSS WSMGVLSAIIKSVVF LTPVEEKSLDSMSIHG EHKOSVIPSRSWAEG SLSMGITEGRKYYP | 146 | Proteína hipotética phiKmV/p39 [Fago phiKmV de Pseudomonas] | NP_8774 78.1 | 3e-76 (142/146) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 45 | 37985 | 38843 | 551 | MYH8STRIGFDLEVR PDGTVRQHILHPKNLT DIALEAMISKGVPSGG WTNNFAGTGNNRTPVF ADVSLYAVPANASASL NYGNRAVNDSTTGEK VHTGTGTRAGSFQG QSLAEVIGRVSLEY SRSLIKDANGDIPTTIV LVEDELRVTTTTRIAPP ASSEVKITMKGIEYTLS MRDRRTFRDLSPPEAA EFGTRGSLSMSASAP DSNGQTKTANLSGDA GTGIIQVPAQSAQIMRI QPADANMTEGIOYL WEITPAGRELEIKLDP LYKNSLERVDITYTHIF NRV | 292 | Proteína fibra de cola putativa [Fago PT2 de Pseudomonas] | YP_0021 1785.1 | 4e-164 (284/292) | Proteína fibra de cola putativa |
| 46 | 38840 | 39430 | 552 | MIQKFGDYRTVPFQ GARDRRDINDRSYD GYVAQDPSQGLYOE WHAEELDGIYLPEK ERVUTTRIGPINEGVAS MAVTFDQMINYVLYT KQGEGFDIFDSATEE RNVIANLGPDYIKTDL DDRRPEGSGWAQVLV CYTROQNFYVRASSTR | 196 | Proteína hipotética phiKmV/p41 [Fago phiKmV de Pseudomonas] | NP_8774 80.1 | 1e-70 (129/130) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 8Q

| | | | FTEEELIVGTGVKVRPI VKCGMAANWRFQVLF RGRM | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|--|---|-----|---|--------------------|--------------------|--------------------------------|--|----------|-------|
| 47 | 39430 | 39735 | 553 | MSKKOTASAKERGLLH ELVCTAIERNFKWYMD NDIPASDAAATKFKL DNEITCDPSDTINIDRL REEMROAQAEENRRIAL EGFIAGETIDEMERLY TH | 101 | Subunidad pequeña de terminasa [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71987.1 | 2e-53 (101/101) | Subunidad pequeña de terminasa | Proteína hipotética | PHA02046 | 9e-36 |
| 48 | 39745 | 41550 | 554 | MTPQERFQIAHEVRDM YPRERDFCLDAMFLG FMTKWMQLDIADFMQ DSPNIKAMVAQARGEA KSTIACIYWWCITQNP ATRAMILVSSESGDKAE NGOLITKUIMHWDLAY LPPEARMGORTSATSF DVNWALKGIVEKSASIN CIGITAALQGYRADNLIP DDIETTKNGLTATERAK LTROSQEFTSICTHGKI LYLGTPQSRESYNGLP ARGFLMRIMPGRFPITL DEQERYGDWGLAPSILA RIARLEEKGHMPRTGK GLDGTRGWAQDOPRY NEEDDLKEDLDQGPPEG FOLQYMLDTSLADEQR MQLKLRDLIFIDATES VPEQVAWAADERFKLK FDahrFPVIRPELYPA LMAGGGWAPLQQMTMF VPAGDGGDELSYAV GGTLGPYIHWSIGGW KGFAAEENLEKCIALAA RYGUKVYVKEVNLAG AVGOLFRRNHRISIDP TNKPRYEGIGVVEDROK SGQKERRIIDLTPIMQ RHRLLFHVSAMDSDH ACOQYPADKRNERSV FHQHNNTTDRGSLPKD DRIALEGLVRELAPLT VKDDEAATRAEEAK KEWLNPMPGYTKSVL RSLGMGRERRGRPK GRRL | 601 | ADN madura B putativa [Fago PT5 de Pseudomonas] | YP_0021 17769.1 | 0.0 (597/601) | ADN madura B | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 49 | 41547 | 41747 | 555 | MMLDTATEAGKGTAV | 66 | Hollina | YP_0016 | 2e-29 | Hollina | No se han detectado dominios | | |

Figura 8R

| | | | | [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | 71989.1 (66/66) | | putativos conservados | |
|----|-------|-------|-----|---|--|--|---|--|
| 50 | 41744 | 42226 | 556 | TGVGIAVYSPYEASLC AAVLTALYVGQLLTL PKMDSIAELRRFKK | 160 Endolisina [Fago LUZ de Pseudomonas] | YP_0016 71990.1 2e-89 (159/160) | endolisina Endolisina_ autoisina | |
| 51 | 42184 | 42513 | 557 | VNKPLRGAALAAALAG LVALEGSETTAYRDIG VPTICSGTTAGYKMGD KATPEOCYQMTLKDY QRFERVLDALKPINV NEQTALEFFCYNYGPV CTTSTAFKRNINQGRAT EGCQALAMWINKVUTIN GOKVVKSGLVRNRNA EIKQCLEPSSQYSLL W | 109 Proteína Rz [Fago LUZ19 de Pseudomonas] | YP_0016 71991.1 2e-55 (108/109) | proteína similar a lambda Rz1 de fago | PfA020 47 3e-32 |
| 52 | 42603 | 42917 | 558 | MPRIVNALVAVVALG ASYGFVQSYTRALGIAQ EEIKROTARAEEALEVR YATLQRHVKVEAARTN TORGEVDRAUDONRP WADRPVPAAVYDSL NRPGARCAVRPTD | 104 Proteína hipotílica PT2_gp53 [Fago P12 de Pseudomonas] | YP_0021 17832.1 2e-52 (104/104) | No se han detectado dominios putativos conservados | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 53 | 42967 | 43212 | 559 | MANTREQYLAGRNTG LTFYQVCOPGTDRNIA LHMDEADWAKATAV IAAATAALGGEGGATPP DPLTAYKVKNGDTLPV DGGGSVVKTVANGAIT KVYYTAPAG | 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

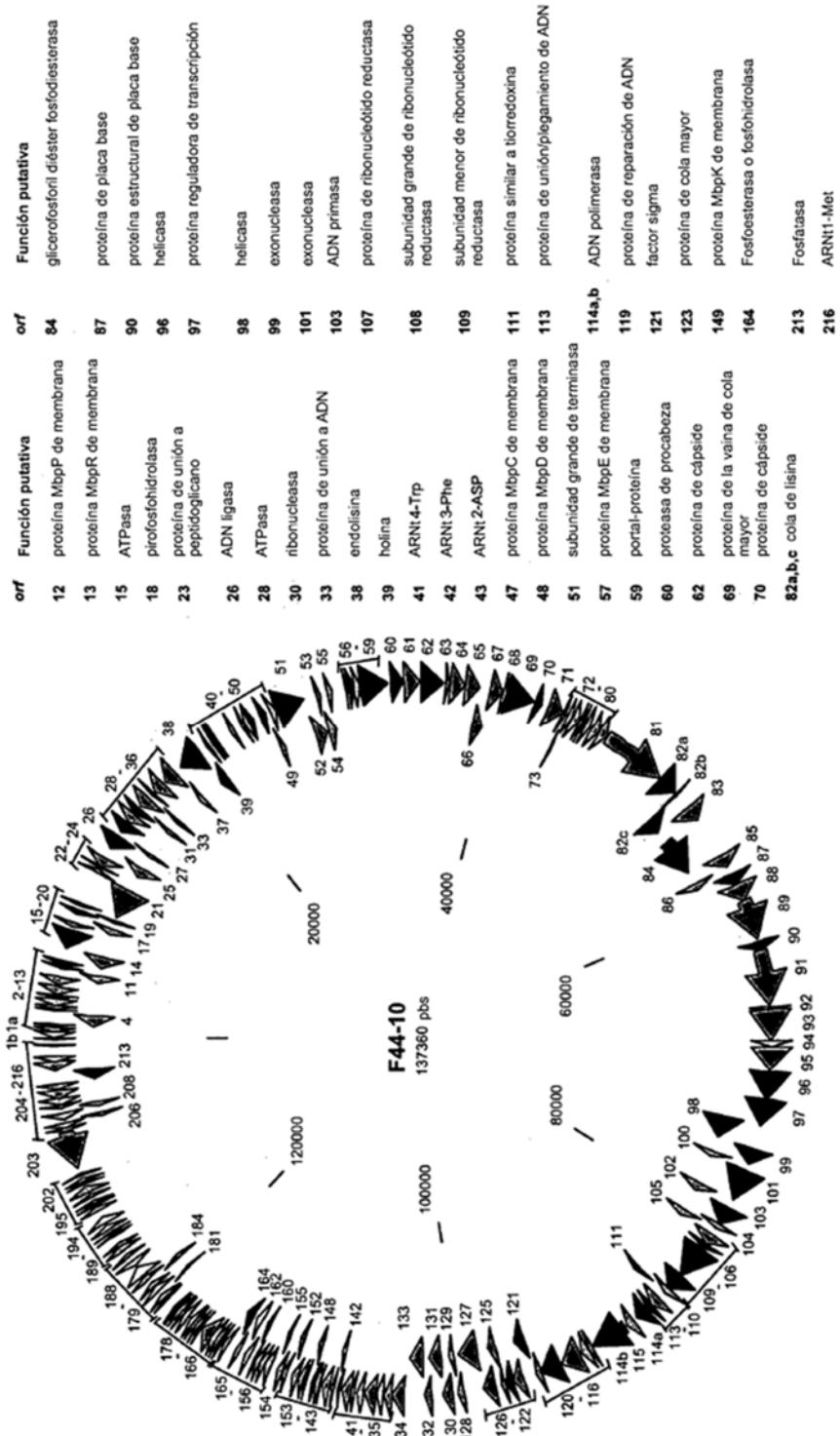


Tabla 9 - Características de los productos del gen fago F44/10 y asignación funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|---|-------------|--|-------------------------------|------------------------|----------------------|---|--------|------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 1a | 467 | 1 | 561 | MKKNYLEEEIEEMDYLWEEEDT VYTSEVLGYTSDLEDAEYIK NNYGTSPNIPFINEYPYLTKDKL EEQRYYRNSAIELKRVGDFYE VYEINDLNVTECFSIKDDISFD CPSIDMFSIDRSNISIFMMY SEYDNKOTIEKERSFLNK | 155 | Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024439.1 | 2e-62 (131/155) | | PHAO2241, hypothetical protein | PHAO22 | 8.06e-17 |
| 2 | 689 | 471 | 562 | MKKNFLVDYNNFSYSEDSLNN VMGANSYLVDKHKGTODYEIGNY GHITGVFSYQTEEVEIAKLKNLI GWWE | 72 | ORF201 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241058.1 | 3e-31 (68/72) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 3 | 894 | 690 | 563 | MRDKRHSSELLYNICKHQEE NITPYEAIVYDMMNIIVVETYFYN ENOTRNLGQYPIGEVM | 64 | ORF218 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241059.1 | 7e-28 (62/64) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 4 | 1611 | 874 | 564 | MNLEKSFLLSTIEFGSTYQGTS DEYSKDLYNSLWVQPLSDTFR NSEKASAKHTEVSRYYAVERFIS LVLKGSGFONVUNLCAQLEQANN TRFNKTIVLDLFYDQFFLTYVRA NFKPKIAYSVIGNINNIIKEELAG KOLVKVFTYHNHLEYNDLLO LDNLNSVSYKOFAKVYKMPKEVL DNKRSNSVIENKNDLVTKVEPLI OEYKDKLKSNESENKHYKDAM ELVEKSUKDKTVSFLTEVYNER | 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 | MKYILGLITLGVLFKYEFYKIQ 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 | MDFYOFLNHENVRVNSTPSQ KQAKREKIEKIRTKNEEYDMA MDALSGWEG | 75 | 9p ORF020 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89011.1 | 4e-29 (6/173) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 7 | 2415 | 2029 | 567 | MIFGKAPHEIMERIDKEIDNILED LTNUIDYKGINLTYKRPHSQHL NGYINPNTNIKEOFINSIEDCSH GGTYDEHEGODYRVLGFDCAH YSDMTPYAVISFSDSYYRDLKY VLNTLKMADCLKEGE | 128 | 9p ORF021 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89012.1 | 4e-39 (79/130) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 8 | 2085 | 2512 | 568 | MEKVNEHEFLAEIASKNSPVLNS | 57 | ORF245 | YP_241064.1 | 3e-26 | | No se han detectado dominios | | |

Figura 10A

| | | | | | (55/57) | | | putativos conservados |
|----|------|------|-----|--|--|------------------------------------|---|---|
| 9 | 3208 | 2726 | 569 | KPLQDDGYNIEFDYDGFFFEFS QKNGYWQWKYNAAK | [Fago G1 de Staphylococcus] KgORF11 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024442.1 56-78 (144/160) | PHAO224, Proteína hipotética | PHAO222 43 5,15e- 24 |
| 10 | 3800 | 3258 | 570 | MRIIGKHNLTODLRIGDKVEV YDAHKFNEKGDFGTDGKNTSGLVTLDS SEEELIGEHNFKLIEGGLNLQAV YDSVSKNKVESLSEDYDMYRK LLGVKSGELEDISYERLIMEY NKKVDNYNGLLTLSKEKARELS LLTGDKRMMPHMKNKRLEGE ADF | Proteína hipotética KgORF12 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024443.1 16-188 (166/190) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 11 | 4333 | 3800 | 571 | MYDSIISRTMAVSILNKWIAEL TVDVOLDKCKFTEEYGGVVTN SINKIQDVLIEKNYEVTDGELYDI VCTELNPKNNTTEEEKHNEKN DILLEHDLAFRHDIDLGIVSD GSYNLTVTHWLMQDEFDTDVN KVNKDDEFYTITIPESKIFWLPI TKENLEMFLTQDPINGKEIE | Proteína hipotética KgORF13 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024444.1 16-95 (173/177) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 12 | 4500 | 4336 | 572 | MKNIKIKFLSMVVVTILTSLYVI LKKETRNKRNGVAPPDFSLED HIHLNEIK | Proteína MbpP de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89017.1 56-20 (50/54) | Proteína MbpP de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 13 | 4781 | 4503 | 573 | MVNNIVAWVLLIIIILWLF RKKVNGGSSKRNVEIOKAEEGN DNKEQEVEEAQYRELNEEEKE KNESSKDYKDKEKVKNKL ELE | Proteína MbpR de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89018.1 56-24 (89/92) | Proteína MbpR de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 14 | 5626 | 4781 | 574 | MGRRLIDNSLNVIKYDGLPDF FSALKKRNVRSGRENSDTGSY DFTGTHSFQEAYNLMKGDR SYDMVAKLKKMTDAFLRMIDKS VKRKPVVAPEGYQPYPVNAIK GLPNSSIMMSQRVKAEEKKVIDV FYNSSSIMSMEDPENLAYRGAIM LSAIQTLTKGYSINLYLGKSN SEYENKLTKGFVVIKHSYORLN VFKSSSYLVNPSFLRRISFRVLE | Proteína hipotética KgORF14 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024445.1 56-160 (277/281) | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 10B

| 15 | 6756 | 5638 | 575 | MAKQDTIERLERLVEQMETT ADLAKKLGKERNNSNPYEQANDA IVEKAGTESREIIITDVKQIEEY VEEQLSNLPIVKIELQEQGKTIK DISGIFHYRQDILKLVNQNPV FLKGAGSGSKNHVLEQVAEAL DLDFYFSNAITQEFKLTFGLFIDAN GKFHETOQYKRAFTKGGLFFLDE MDASPEVLILNSAANKYDF PIGRVTAHEDFRVSAQNTMG TGADHIVVGROLDGATLDRF AQVEFDYDTKVEHOLSSNEDL VNIFVQLRLHENDERGLPYVFS MRAIJNGSKLDGVMEDEFVVES IIFKSVPKDENOIFSSLPEGNRY TEATKLGMQEQPKOEPKRKS NSTSKDSMDFDTIMDKLGE | 372 | ORF15 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024446.1 2e-109 (193/194) | ATPasa | Proteína similar a ATPasa | PHA022 44 2.63e- 175 |
|----|-------|------|-----|---|-----|---|------------------------------------|-------------------------|---|-------------------------------|
| 16 | 7233 | 6907 | 576 | VSKRTDNFVYFCKYKSEYLPS LGVEVLNH-NETSHGTMEGVRK YYANILYEGQELTVTIDLEEFN NATSHNMHEIMNSHTYNCMF MYDMDTGKTDIDFFKLMYF | 108 | ORF134 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_241072.1 3e-55 (105/108) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 17 | 7642 | 7226 | 577 | MNAKEFMKTOAQVEDYLDLK VTIHDALSYSKWEWSNDNLG YALSSLGESIGLLEDYYNNQVDA HLPEHYKGSKDVSFLEEHFSY DGFVDSMFINVKYTTRLGRKD AVDKEVQKIKTYYVRLENKIY GDSTRV | 138 | Proteína hipotética KgORF16 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024447.1 2e-74 (138/138) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 18 | 8077 | 7775 | 578 | MEKVELKWAOKDRNLQTGKP EGOMAKLLEEAEGELASGIKSN DHVTRDSVGDIFVVLTVLCQL DIDIECIDMAYDEIKERKGKLIN GVFVKEEDLK | 100 | Proteína hipotética KgORF17 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024448.1 2e-49 (99/100) | Pirofosfo- hidrolasa | MazG pfam03 819 4.19e- 0.3 | |
| 19 | 8265 | 8077 | 579 | MEKFQDYVNIDIRKAYVRVG YRYEEIDTNILHELVENDLNVT SDSDNLIJKDTEIKGDIIE | 62 | ORF228 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_241075.1 2e-26 (62/62) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 20 | 8470 | 8309 | 580 | MVKPVTILEPEDVKVLLDYSFL EDDMRNYESGMRELYEELHKKY QLAKGNYS | 53 | ORF259 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_241076.1 3e-22 (53/53) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 21 | 10518 | 8470 | 581 | MAITYQKGLTEQEINLPVNK GCIYIGEEDVFLKKKNINLG | 682 | Proteína hipotética KgORF18 | YP_024449.1 0.0 (639/682) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 10C

| | | [Fago K de Staphylococcus] | | | | | | |
|----|-------|----------------------------|-----|--|--|---|-----------------------------------|--|
| 21 | 10596 | 10859 | 582 | | | gp ORF038 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB889029.1 8e-41 (85/87) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 22 | 11049 | 10876 | 583 | | | gp ORF039 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB889030.1 9e-24 (56/57) | Proteína de unión a pentodíglucano |
| 23 | 11634 | 11056 | 584 | | | gp ORF040 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB889031.1 13-93 (183/192) | lysM Proteína hipotética |
| 24 | | | | | | | | PHAO02246, 46 |
| 25 | 12250 | 11627 | 585 | | | | | Proteína hipotética Proteína hipotética |
| | | | | | | | | YP_024451.1 6e-92 |
| | | | | | | | | No se han detectado dominios |

Figura 10D

| | | | | | | | putativos conservados |
|----|-------|-------|----------------------------|-----|---|------------------------------------|---|
| | | | [Fago K de Staphylococcus] | | (172/209) | | |
| 26 | 13139 | 12243 | 586 | 298 | ADN ligasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024452.1 5e-169 (296/298) | ADN Igasa ADN ligasa dependiente de ATP COG14 23 9.05e-03 |
| 27 | 13363 | 13139 | 587 | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 28 | 14172 | 13432 | 588 | 246 | Proteína relacionada a PhoH putativo [Fago K de Staphylococcus] | YP_024453.1 8e-144 (245/246) | ATPasa Proteína similar a PhoH pfam02 562 1.46e-21 |
| 29 | 14838 | 14224 | 589 | 204 | Proteína hipotética KgORF23 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024454.1 3e-113 (204/204) | PHA02248, proteína hipotética PHA022 48 9.28e-98 |

Figura 10E

| | | | TGEYIGN | | | | | | |
|----|-------|-------|---------|--|-----|---|--------------------------|---------------------|--|
| 30 | 15279 | 14854 | 590 | MODSVNIYTGGSSSYNKGKVG SGAVILSKEGNIISIISKVODKPG GLIKYNNVAGEILACCCYGGEEAN KLGYNOAIVYDYLGHLYWEGT WSARNILSKTYINMIREYQKVID INFVKVKSNSNDKWDYDNL AKKSDI | 141 | Ribonucleasa putativa [Fago G de Staphylococcus] | YP_024455.1 (141/141) | 5e-74 (141) | Ribonucleasa RnasAH |
| 31 | 15460 | 15269 | 591 | MKKGVFTVIADGFKFNVIAKDK KEVQEHCFCRGDFNYISVSPCR EVYSDCEFFOFMEDYKYAG | 63 | ORF222 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241086.1 (63/63) | 1e-28 (63) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 32 | 16124 | 15483 | 592 | MENNVLNFEMLTTDDDDITEM ITDSFLQDINKVUGEDTFLTIMIE ITDSFLPONQYKVNLLSLDKLN TKRKELVEYDEEFFPTIRKHVS ELKRDTYNSVDSYMTNIEILY TEYTISNSYVVDSVKVNTL YIIESKNGKIEATLSEDGEIDLHE YSEEGYSVTDLNKFDVEDLF DEDDSLNFFPSDIDEGKNTIKS FIELVNLK | 213 | Proteína hipotética KgORF25 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024456.1 (212/213) | 7e-113 (212/213) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 33 | 16344 | 16114 | 593 | MDEKKESKPLNLQKIRVKEKGHT LRSLASIEGVHYSLSIYWEYGK KKPRISANLMLREKALNTPKEL FKELEEDDGE | 76 | ORF187 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241088.1 (76/76) | 5e-36 (76/76) | Proteína de unión a ADN smart00 530 |
| 34 | 16574 | 16347 | 594 | MNKFKRWFRINVLKKETLFLKV YWRYVESPSLKKPHVFHIELYAK SKAEARNKNSCEYILKNAKESED FKFLKVEEK | 75 | ORF190 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241089.1 (74/75) | 6e-34 (74/75) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 35 | 17375 | 16683 | 595 | MKKTIFATLALGTAITFGGATN EASADEIDYNLKLAQAKNSAE VNTKPIQEGNYDFSFSDGEFTY HFHYNYNGNFGYEYHSGSTOVD NTVSRLAGEQTPEQKVIDQQ AQFDTQNQKDTKKEVQTTSAP VOKETKOPTOSTSSTGGSVAE QIROQAGGDEAMIEJAMRESTMN PNAVNASSGAOGLFOGLKS WSGGSSIAEQTKGAQKQMDRY GSTSGALAYHNAHNSY | 230 | Proteína hipotética KgORF26 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024457.1 (229/230) | 1e-130 (229/230) | Transsilicosi- lata lírica LT_GEWL y dominio de lisozima blanca de huevo de gancho cd00254 03 |

Figura 10F

| | | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|---|-------------|---------------------|--|---------------|--------------|
| 36 | 18367 | 17573 | 596 | MIRKSVVISGVIGFLAIGFILLM CITKIPQGHVGVYSSNGVKED TRSPGMWHTAPFDKVNKYPTK TOTHKYKOLNVAATSDGKNLQM DIDVSYKVDATAVDFLNRFGS ADIEEL EKGYLRSRVODVNVR AVSKYKSIDAFGAKTGIEIKKDTL DSIENDNEEKQSFVIEDIALSSPK ADRNTOKAIDSRYKANQELERT KVDKQAEQNAAKKEVEANGD KHANEIRESSLSDKILRQOLIEK WDGKOPIQIGGDGTIVDTGK | 264 | Proteína hipotética KgORF28 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024459.1 | 2e-133 (229/261) | Proteínas si- miliares al do- mínio de ban- da 7 de flot- ilina (reggle) | pfam01 145 | 5.79e- 24 |
| 37 | 18675 | 18367 | 597 | | 102 | Proteína hipotética KgORF29 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024460.1 | 1e-50 (102/102) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 38 | 20276 | 18789 | 598 | MAKTOAEINKRUDAYAKGTVDOS PYRKVAKATSYDPSFGVMEAGAJ DADGGYHAQQCDOLIDYLVWL TDNKVRVTWGNAKDQIKQSYGTT GFKHENKPKSTVPKKGWIAVET SGSYEQWGHIGHIYDDGNTST FILEONWNGYANKKPKTRVD NYYGLTHFIEIPVKGATTYKKET AKKSASKTIPAKKKATLKVKSN HINYTAIDKRGKPKPEGMVHND AGRSGSQQYENSLANGARY ANGIAHYGSEGYWIEADAK NQIAWHTGDOTGANSGNFRFA GIEVCQSMASASDAOFLKNEAD VFQTTAEKFKEWGLTPNRKDV RLHIEFVPTACHPHRSINVLTG FNPTVTQGRPSQAMINMKDQFY KQIKNYMASNGTSSSTVWIKGK TSSASTPATRPTVGTGSWKKNF GTTWYKPESATVNGNPVTR GSPEFLNAPVGGNLPAQATVYD EVCIQAGHIWIGYNAVGNRYY CPVRTCQGVPPNQIPGVAWGV FK | 495 | Lisina putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024461.1 | 0.0 (491/495) | Endolisinina CHAP | pfam05 257 | 1.22e- 15 |
| 39 | 20779 | 20276 | 599 | | 167 | Holina putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024463.1 | 6e-89 (162/167) | Holina 1 de fago | pfam04 531 | 3.49e- 25 |

Figura 10G

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|---------------------------------------|---|-----|--|-----------------------------------|--|
| | | | VPAIEDEIDGGAPSQDEEDTE EHGKVFAEEEVK | | | | | |
| 40 | 21049 | 20864 | 600 | MASKAKLYTESLVLGKAIINNK VSNKEEVWDKLELLPTEKLEDI DNKOMSEVIKKLNQINE | 61 | ORF233 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241098.1 9e-26 (6/161) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 41 | 21282 | 21211 | 601 | ACACCCUUAUGUAUAUUAUGU AGUACAAGGGUCUCCAAAAC CCUAGUCUUUGUGCAAUC AAAGAGGGUGUG | | ARN14-Trp | | |
| 42 | 21361 | 21289 | 602 | GGUUUCUJAGCUAGAUGGU AGAGCACUAGCUAGAUGCU UAGAGCUACAUUGUCAAAU CCAUAAGAAACCA | | ARN13-Phe | | |
| 43 | 21441 | 21368 | 603 | GGCUCAUUGGUAGUAACUGGU UAACACACUGGCCUGUCAGC GCAGAGAUACAGAUUCGAG UCUCGUAGUGGGUC | | ARN12-ASP | | |
| 44 | 22812 | 22594 | 604 | MKQRKAMPSSLICKECGNFK VPRKRANKREEGHIIYDICKCK CTTKHIEDNRSEAERRWDAIQ 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 KSYNRODIDYMLRGMDETSIVK YTESAITSPQVYINPNRIESFKV 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 | LDKEINNLVSQETKSKIQEGN YIDRGTFKDLEVEAELRKMV SIDKVAVNSEKQSAYVOLER LDEKISELAGSTKTDTKKKD TEKWLVLGAILSVFNKFA | 110 | ORF209 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241101.1 3e-52 (107/110) | PHAO2414, proteína hipóptica 14 |
| 47 | 23857 | 24183 | 607 | LTKYDILKLEFKDALAHFKDR RYFHVYRIDRVLNGSINYDFY YLPSDDPNIVKELDQSFGLR FLENDYHSSESETVRP | 108 | Proteína MbpC de membrana hipóptica [Fago AV5 de Staphylococcus] | ACB89047.1 4e-53 (105/108) | Proteína MbpC de membrana No se han detectado dominios putativos conservados |
| 48 | 24623 | 25009 | 608 | IANNIAIFIKTLVIIFLLISVN SLSLYSIRPSVVMTYIFGGVS NVALTVTOKFLKKEDPLPEV LRKVEINDEKEIILKIESNYGIT AEEKVKRAKAQRRIEEDSKKD YDENKERN | 128 | Proteína MbpD de membrana hipóptica [Fago AV5de Staphylococcus] | ACB89048.1 4e-48 (125/128) | Proteína MbpD de membrana No se han detectado dominios putativos conservados |
| 49 | 24987 | 25265 | 609 | MKTIKEIKEORKELKDIGATSVS LVKGDKDRIASPSCLCGQQ LSGMINYTGKALKSKVNHFIQ | 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 | YSKYIYFDICADINNNCYKNLKRKGMD | 136 | ORF133 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241105.1 2e-71 (135/136) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 51 | 25687 | 27504 | 611 | MDGKEI IKIAQEFTOTEKITREQ IDHNMNLPNSTYMLKHTLRGH PITTSIPNRDRSKAQAHRPWT RIVNDTHPNKAVIDKSRLSQLGLSE MGVMEMVHFADMMHSYANAKC LYTFPTNEOMIKKFVIQSRLNPVL EKEYFRDIDWWDKDSLGFKIR NSSLFFRTSSKASTVEGYDIDY LSLDDEVDRUNLAESSALESMS SSPFKVIRRWSPTSPVPGMGIHK LYQQSDOWYYGHRCQHCDYL NEMSYNDYNPDNLLESGNMLC VNPEGVDEQAKTVONGSYQFV COKCGKPLDRWYNGEWHCKY PERTKGKNGVURGYLITQMINAV WISADELKEKEMNTESKQAFY NYILGPFFEDVKLRVNEEDVYG NKSPIAETOLMKRDRYSHIAIGI DWGNTHWITVHGMPLNGKVDL IRLFSVKKMTRPDLEADLEKII WEISKYDOPDHADNGDSGNINV KLINHFGKDVKFGCTYKSSPKS TGOLRPEFNENNRRVTDKLM QNKRKVQALKTKDISYVSTDD DLKTFKLKHQNQNVIMDEEDEK TGEMYQVIKRKGDHYAQASY YAYIGLTRIKELLKEGNGTSGS TFVSTDYNOEGNKQFYFDE | 605 | gp74 [Fago A511 de Listeria] | YP_001468454.1 0,0 (308/503) | Subunidad grande de terminasa | GpA terminasa 876 | pfam05 4,8e-22 |
| 52 | 27497 | 28318 | 612 | MNRGEIDLTDKLIFYGTISNEEIN KSVLNLLGEELSLDYVSKNSD TLDVKYEHYKSLGDNFFDCF LYANREPEVHKGGDKNLGGI NKVKRTVRNGKEMEMTYED GNKENDSKKEOEKGEEVSRSA VGARAISNGEEGKVNPKVYAN SLSNLSKKGVDVSHINTNSSL KEFVDDNGDTLGLTSFKRTEND IILESYASSHDSDGVGARAIMEL | 273 | Proteína hipotética KgORF36 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024466.1 3e-153 (273/273) | No se han detectado dominios putativos conservados | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 10I

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|--|-----|---|-----------------------------------|---|--------------------------------------|
| | | | | | | | | | |
| 53 | 28296 | 28478 | 613 | VIVILFSTIVIVSIVFILYVLTIVI KSNMSRIONTTELLKILQDIEG KIKKEGRNK | 60 | ORF235 [Fago G 1 de Staphylococcus] | YP_240894.1 3e-23 (59/60) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 54 | 28475 | 28954 | 614 | MTEEENKLTEESITPLSKEEKE DSIKEFSSILLCCMNRLYKSYN VRFDOPMDETORLDGLSLAVFQ SRUNDPLTGOLDHKMYKLAFS KRIDFEANKKDFRKDVVEAGKAE LGDIVAIIIDTAISNLSGNEFQGSI SFMLRKDFEEERKIRKEEEKL NINL | 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 | LKKKPQGNEVIIITIVMAIVFVI MTIFFNKKYQDAKEKDQDRYQRL VEYKKADINDGETKKKYVKRL NKAEEELKKVKKQKIIIRSQV KROKKKKLKKERKYM | 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 | VDEEDKNEDTTDKQKPTEQPD DNNNDNEKDTEE | 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 | MNITSLSVVFTCISLLTMIFVH SKFESSKKNVFLVLYAANIGTYI VLTMFQTTSVLKNDVIDSENT EHYIGENDPILIFTISFIGAILGGI WYKMMKIKKSNSFKOKK | 113 | Proteína MbpE de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB88055.1 5e-56 (113/113) | Proteína MbpE de membrana hipotética | PHAA0226, PHAA022 6.49e- 28 |
| 58 | 30665 | 31036 | 618 | LIFSKDKKWDKEAKDFIKGQGM QDNWIEV/DYRQIGKHAVF IAJNKV/KYMLEATKONKVILD KDNILLEDYOMMESKKMFYYI EEPEPKVNPQHIRDVTYNTV VLTVVRGSGRGD | 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 | LADLFKQFRLGKDGYGNISTIAQ VPIDEGLOANIKKIEODNKKEYQ DLTKSLYQQQAYAEPFIEMM DTNPEFRDKRSYMKNEHNLD VKKFGGNPNPILLNAILTRNOVA MYCQPARYSSEKGGLGFEVRLRD LDIAEPGRKEKEEMKRIEDFIVN TGKOKDVRDSFQTFCKKIVR DTYIYDOVNFEKVFENKNNIKTKL EKFAVDPSTIYATDKKGKIKG GKRFVQVVDKRVVVASFTSREL | 563 | Portal-proteína putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024471.1 0,0 (562/563) | Portal- proteína fago | pfam04 860 1.13e- 13 |

Figura 10J

| | | | | | | | | |
|---|-------|-------|-----|-----|--|------------------------------------|---|---|
| | | | | | | | | |
| AMIGIRNPRTTELSSGGYGLSEVE IAMIKEFIAVNNTESFENDRFFSH GGTTRGILQIORSDDQQSQSHALE NFKREWKSSLSGINGSWQIPV VMADDIKFVNMTPTANDMOfE KWLNLINISALYGDPAEGFP NRGGATGSKSGGSTLNEADPGK KQQQSQNKGLOPLRIFIEDLN RHISEYGDKYTFQFVGSDOTKS ATDKLNILKLETQIFKTVNARE EQGKIPIEGGDIL DASFLOGTA QLQQDKOYNNDGKOKERLQMM MSLEGGDNIDSEE GQSTDSSN DDKEIGTDAIQKGDDNVYRTQT SNKGQGRKGKEKSSDFKH | | | | | | | | |
| 60 | 32925 | 33698 | 620 | 257 | Proteína hipotética KgORF42 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024472.1 9e-147 (256/257) | Proteasa de procabeza Pepidasa _U35 | pfam04 586 8.72e- 05 |
| 61 | 33717 | 34667 | 621 | 316 | Proteína hipotética KgORF43 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024473.1 4e-170 (316/316) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 62 | 34783 | 36174 | 622 | 463 | Proteína de cápsida putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024474.1 0.0 (463/463) | Proteína de cápsida | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 10K

Figura 10L

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|---|---|-----|---|------------------------------------|--|---------------------|
| | | | KREDVNLQDPIKYVNDGIEEDL EIQVDDPKASANPSNLGGFF GGAFK | | | | | | |
| 66 | 38375 | 38995 | 626 | MIVHGKRPNLFKNKKNYKQVGK RTIDGMRSEVLDKLOATAQKV ENTSIKRMPYTLQITEKKLEKEG WVDLKFAHSSKKKTSKDG WYLTVIRIKTSRMANNISTYQDM RTLKVDKGTGSVSKITDYLEGR RKNVSHPSMKPEPMTHNMITKV KRGQSSYFIFRTVSSKSPASS WILNRDKVNEDNFSKTTLKVK QLNNWAKMNLN | 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 | MAITSVDSYLSEIKPRINTVLE NCYIDIDEVLKDFFDYOTRESFKF AFCGKNAQHEVTGFNKFK NNYEAHYUOLGQGQETKNSL GSIQSSYFEATGDLVESSTAIR EDDKLUVFTVKPIGEULKVEDIE FAXYDNLOVEGKVKVSFKYQTIN EDYENYNANIIFTEKNDKNSKGL VKGFTVVEQUTVGLSFNVDV ARCLDAVLMKMLISMRDSDIEEQQ TFLQNLNSFGDQAPIEDGDSMI FGRPTIUKYTSSLDYTTQDIN KLTKERKOWK | 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 | MARKKIPENNTPKFNGVYHDT 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 | MAVEPFRPRPITRPHASIEVDT SGIGGSAGSSSEKVFCLIGOAEQ GEPNTVYELRNAYAOAKRLFRS GELLDIAELAWGSNPNTYAG LAMRIEADAKPASAEGGLKVTIS KIYGVANNIQQVGLEKNTLSDS LRLRVIQODDRNEYYDIGNIF TIKYGEEEANATSVHEDEETQ KASPLVLKVGDQEVKSYDLTG GAYDTNTAIDINQLPDFEAKL SPFGOKNLLESSKLDKIANANIK DKAVVVKAVFGDLEKQTAHYNGI VSFEOLNAEAEVGPNSNVEAG EESATVTAISPKTIEPPFELTKLT GGTNGEPPATWADLDFKAHE GGYIVPLSSKOSVHAEVASFV KERSDAGEPMRAIVGGGFNES | 587 | Proteína de la vaina de colá mayor [Fago 812 de Staphylococcus] | ABL87117.1 0,0 (583/587) | Proteína de la vaina de cola mayor Vaina 1 del fago 984 | pflam04 6.04e-09 |

Figura 10M

Figura 10N

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|------|---|-----------------------------------|---|
| | | | | | | | | |
| 76 | 44856 | 45050 | 636 | MGLTIVNGYF LSSNIFIVSILN GKGTVTRESLAMSQALVITSIQ FLAFLINGIYSSLKYM | 64 | ORF215 [Fago K de Staphylococcus] | YP_240914.1 4e-19 (49/64) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 77 | 45066 | 45218 | 637 | MEIYIVDLRGSTEETSMIDKA FRKLODAITYVVDGNGNRDLHIP LELE | 50 | No se encontró una similitud significativa. | | |
| 78 | 45286 | 45597 | 638 | MSQDKLKRATYTEMKVELHKFPK EVODVTSKSTAMAINQILDKFRTLT EQAGKITRKYLEGQEILTIDYEY YDSLOQYYIYLRLRNSEKIEQLSLQ ETIKRTGEVVK | 103 | Proteína hipotética KgORF52 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024482.1 3e-51 (102/103) | PHAO2265, proteína hipotética 65 |
| 79 | 45730 | 46188 | 639 | MAEEIIKEKEDVOETTEEEKKDVK SKMTPPEIDKLYQDQKEEKF VINKVKGVDNTWEKEYNFEEEL DLRPFKVKIKLPMAREOGNIFALAR SAYLGGMIDMYQTQDVIRAYQIM LATLQEYVGIEVPKEFQDPDIY NLVPLTYMVEDWLGFLNNSRY | 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 | MESMKPLSRNLWAIMKEFNV LPTEQRFKOLDYDQIEFIQNMN RDYVYEHNIKQLKQAOQKGKFDS QFEDDDSSWNESEDDFPV PFDLADDLQAOMEAKLSRD KEERAKRNDAAELNDETEGLTT QHLMAMEYIROKOQELDDEVG NGKTSSEDDATISQDSWNAKLED LDDDWYM | 178 | Proteína hipotética KgORF54 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024484.1 8e-99 (178/178) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 81 | 46821 | 50879 | 641 | MMAMNNDDYRVLVSGDSSLDEN SLKAIELYMDSLESKNIDAPLDN FLKKLKVIKIAKEV/KVNQNAMDKQ DGKSVISSKQMDSEKISTQSAT KNINELKKALDDLOKENISKIGIA PDPEVEKAYAKMGKVVDETQE MKEKMSQKIGSDASIQNRIKE MKTLNNOVTEYKIKSKSSATK DYTKRLRANRNMTRGYMERSE GTGRLTYDQGARYVSELGRVS SYESOKRQNQNLGQAREQY SNYRNQOOLTKRASGQNK AQYEQEELASIKQEMKAREELIS NYEKLGAEIQLKTVQYYKGSVQ KDFGSRDVQQQRGTFGRMVQ ERLPSIGSHAMMGTТАМАТГЛ YMKGASLSETNRPMVTSLGQN | 1352 | Proteína hipotética KgORF55 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024485.1 0,0 (1343/1351) | Smc, cromosomas de segregación de ATPasas 96 |
| | | | | | | | | COG11 8.71e- 06 |

Figura 100

| Proteína hipotética | Cola de lisina | No se han detectado dominios |
|--|----------------|------------------------------|
| SDNNMIDDSVRNAYGDSLSDINKL GYNSTDMLKMATSYEASVGHK SDEDTMAGTKQLAIGGRSLGK DQEAVQESMQMGIHHTGGVNS DNMKEMQDAFLGGIKOSGMV GRQDEQLKLKALGSAEAEQSGEGR TLTKQMSNLTAHQSTFAESG SKGLQGEQGANAINSIDQGLKN GMNSYARIAMGWGWTQYQGL EGGYDLQRKMDEGISNPENLT DMADIMATOMGGSEKEOKYL NRSMKIEGANLTMEOSEDEIFKD SKEGLUSKEELAKKAKKMEKE GKKGEGDNATDYKEKSKGKD QNKSXTDDKAEDTYDMAQPLR DAHSALAGLPAPIYLAIGAIGAF TASLIASASQFGAGHLIGKGAK GLRNKFGRNKGSSGGNPMA GGMPSGGGSPKPGGSPKG GTRSTGGKILDSSAKGLGGFLVG GAGWKGMFGGESKGKGFKOT SKEAWSGTRKVFNIRDNGRK MDKSDIAKGKGTGSGSLKDINYDS IFGKEFRQNLGEKAKFGGGKA KGLYKGKFADKFGGGKGNILS QSPKAGGSGIGKLGKLAGLG KGAGVLGVATSALSLIPALASG DSKAIGGGIGGSMGGGMAGASA GASICALFGGYGAIPGALIGGA GSFGGGAVGEGKVDGMAMKKAN TKEGWNLGWINGDKDGKNAF QDSLIGKPKISKAWSGITGLFDN DAEASEENSKDKKKGVVKVKG DTKHEKMTAEQLREKNINQE TKNLKYSQDLDRAQKIIIESAKGI NIDGTSDSGSDSGGSASASDVG GEGAERKMYKFLKGKGLESDNQV GAVMGNIQOESNLDPNAKNPVS SGAFGIAQWLGARTKGLDINF KSKGKXSSDLDVQDOLYWKEM QSDYESKLNKNAQWSKGGSLE QNTKAFATGFERMGANEAMM GTRVNNAKEFKKKYGGGGGG GGGGAMISSTYQEAAMSNPVLT GSNYRGNSINDASNAATTNRIV NVNVQGGNNPEETGDIIGGRIR EVLDNSMIDFANEHKRSY | 400 | YP 024486.1 |
| MKRLLRPKVRIETVDDNTFL | 642 | 82a |
| 50957 | 52159 | 82a |

Figura 10P

| | | | KgORF56 [Fago K de Staphylococcus] | (390/400) | putativos conservados | |
|-----|-------|-------|--|---|---|--|
| | | | | | | |
| 82b | 52258 | 52368 | 643 | LTKDKLKSILKEKFKTQDDFFNN SKKKKKLQMHLLN | 36 | |
| 82c | 52365 | 53381 | 644 | LTTKYRFGNKTHATTLLDEIYKY KGEPPNIDEAFDKYLKAIEGVSN IATDTGSDASDPLVMSRMLF NWYHGPNPNEYAGDIVLGDPKY DLGRKLIFIEDKGQGDWTWEFYIE SVEHKFDYKOGYYTTVGVTTRG LKDAILEDKGSPHFRAGLWN QSSPEMAGGLAMGEDTSKEIK GVSEKOSGGDKDGGSDSGGA QDGGSLSLKKYNGKLPKHD SFVOPGNRHYKYQCTWYAYN RRGQLGIPVPLWGDADWIGG AKGAGYVGVRTPKQGACWV QRGVQGGSQAQYGHVAFVEKV LDGKPKIFISEHNWATPNYGT RTIDMISSAIGKNAQFYDKK | 338 | 7e-04 (23/23) |
| 83 | 53395 | 54282 | 645 | MATOKEAKDVIDKFKDNVFNFDD VLTMERVKEDKEEIKTTDD YEKVVYIRPYVGVVIOSLNQHV QYESFSNINGYDIBAEISFRKVS YLVDKGSIPTDSLSTLTVHLVER NOELIDYFDEIODVLYGEYME EEYVFDDEDVPLSTILALDNDL KSLSNIKYMFKGAPKENPFGTD KOVIDTYNLLYWLYLGEDEEL AYPMNNINYFFTEGRFFFTIFGKG HKYKVUDVSKFINGDILFFGRSD | 295 | Proteína hipotética YP_024487.1 9e-166 (29/295) |
| | | | [Fago K de Staphylococcus] | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 10Q

| | | | | | | | | | | | |
|----|-------|---|--|--|---|---|--------------------------|---|---|-------------------------|-------------------------|
| | | TNIGIYVGGEFISMIGKFPKOE TPIGKYKLDYYWNEFGRVMR FDEEYVI | MVRFQSSMGRSLKRV/DSDL NVKGVLVATVKINYKYQSVEV KVNNLTGSRGDDGSLAVPYP KSFIGRTPEGSVFGTPLUTEGS WLIGFLNDINSPIILSVAYGDN ONKMINNTNPLDGKFKDTSVY KYSSALYEILPSLNKYKDGGEG TSIKTYNGKSFSSMTSGEEEEKP QATDFYTGTTEYQDLFLTSYGN KTLIEPRIOKAPNMFLFHQQGVF YDGTPDNHITTLFISERGDIRA SVNLNTETKRITQEMSSDGSY RVIKODDMLMDEAQVNWEYGI SEDNKFYKNDKHKFETTDEGI YDKKPMLENIDESIAEAMKNL NEIOKELDINYLLEGVKDNL EELIESTKESIEASKAKATSDVNR LTTCIAEVSGRTEREGITIQFQKFR DETFKOFYEDASTVINEVNQNF PTMKTDVNTLTKIVDNLEKTEI PNIKTRLTELENNNNADKISD RGEHIGAMIQLEENNYTVPTRN MPPWSKVYNNAEFWDNSNNP TRLVVPHGKTVVRAGANVLWDS NATGQRMLRILKNGTYSGLPY TRDAVSTAPOONGTSGVIP/KE GDYFEFEAFODSEGDRQFRAD PYTWFSIAELETETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIGYQMA LDKGADYIELDQLTKDNKLLC MHGSTIDORTTGTTGKV/GDMTL SYIQTNTFTSLNGEPIPSSLQDVLN HFGTKVKKYIETKRPFDANMDK ELLTQLKAGKLIGIGSERFQVIQ SFARESLINHNQFSNIPPLAYLT STFSESEMDDCLSYGSYAIAPK YTITKELVDLAHSKGKV/HAW TVNTKEEMOSLIQMVGDFFT NYLDEYKKI | 848 | Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa putativa [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024488.1 | 0,0 (838/848) | Glicerofos- foril diéster fosfodiesterasa | GDPD_SaG IpQ | cd08601 1.70e- 60 | |
| 84 | 54282 | 56828 | 646 | MVRFQSSMGRSLKRV/DSDL NVKGVLVATVKINYKYQSVEV KVNNLTGSRGDDGSLAVPYP KSFIGRTPEGSVFGTPLUTEGS WLIGFLNDINSPIILSVAYGDN ONKMINNTNPLDGKFKDTSVY KYSSALYEILPSLNKYKDGGEG TSIKTYNGKSFSSMTSGEEEEKP QATDFYTGTTEYQDLFLTSYGN KTLIEPRIOKAPNMFLFHQQGVF YDGTPDNHITTLFISERGDIRA SVNLNTETKRITQEMSSDGSY RVIKODDMLMDEAQVNWEYGI SEDNKFYKNDKHKFETTDEGI YDKKPMLENIDESIAEAMKNL NEIOKELDINYLLEGVKDNL EELIESTKESIEASKAKATSDVNR LTTCIAEVSGRTEREGITIQFQKFR DETFKOFYEDASTVINEVNQNF PTMKTDVNTLTKIVDNLEKTEI PNIKTRLTELENNNNADKISD RGEHIGAMIQLEENNYTVPTRN MPPWSKVYNNAEFWDNSNNP TRLVVPHGKTVVRAGANVLWDS NATGQRMLRILKNGTYSGLPY TRDAVSTAPOONGTSGVIP/KE GDYFEFEAFODSEGDRQFRAD PYTWFSIAELETETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIGYQMA LDKGADYIELDQLTKDNKLLC MHGSTIDORTTGTTGKV/GDMTL SYIQTNTFTSLNGEPIPSSLQDVLN HFGTKVKKYIETKRPFDANMDK ELLTQLKAGKLIGIGSERFQVIQ SFARESLINHNQFSNIPPLAYLT STFSESEMDDCLSYGSYAIAPK YTITKELVDLAHSKGKV/HAW TVNTKEEMOSLIQMVGDFFT NYLDEYKKI | 848 | Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa putativa [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024488.1 | 0,0 (838/848) | Glicerofos- foril diéster fosfodiesterasa | GDPD_SaG IpQ | cd08601 1.70e- 60 |
| 85 | 56935 | 57726 | 647 | MPOSQDGISNLHRIALRFPKEGG GYDMYRFKVNPENTIDSPQR TTAIKTKSDIVIEDYGDIEVINF TGTGFRPVREADGLKTGKQK MEELOSRVSEYAMQQGSGNV | 263 | Proteína hipotética KgORF59 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024489.1 (262/263) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Figura 10R

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|--|------------------------------------|---|
| | | | | | | | | |
| 86 | 57726 | 58250 | 648 | MNNFIPOPOGLLRFINALDADLTSSHMMILDEEVFSVSKFYTPQLQISELAKKVLTNIKTTDDIPVLEREFNDINTIHKANDTILKVOAPRMYMILOSIVLEAYAIVNCFVENPSSLKYLTEEDVSITRENLYVADYLGNYDDYNSVVLDRLDLCFSAILQLOPLIKKEANV | 174 | ORF078 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240925.1 8e-95 (173/174) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 87 | 58250 | 58954 | 649 | MRFKKHVVQHEETMOAIAQRYYGDVSYWIDLVEHNNIKQPYLVETDEEKMKOPERLASTGDTLIPIESDLTTDVSAKEINSRDKDVLVELALGRDQUNTADEKFYNNEHGTSDNILAFSTNGNGDLDTVKGIDNMKQQLOARLLTPRGSLMLHPNYSSDLHNLFGLNIPQAATLIEMEVLRLLTSDNRVKSANLWDKIQGVNVSGQFSVEIKSVEEINFVLGQDEEGIFALFE | 234 | Proteína de placa base de bacteriófago putativo [Fago K de Staphylococcus] | YP_024491.1 2e-134 (234/234) | DUF1371, proteína de placa base |
| 88 | 58969 | 60015 | 650 | MKTRKLTNLNSKLIDKTMAHTSKITDFTPGASRSLSLEAVSLEIEQFYLTKEIDWGIQEGLIEAFDQKROSKRAYGQDVTQYFOPIDMRMYPAGTTFTSTREYQPQQFETLVDDYAEPDSTEWVEYCKETGVAQNVPEGTINTIASGSSLRSVNNEYSEFTGTTKEESQDFKRRFHFSYEVSRGRATNIKSVRYGALQIPDVEGVYYETGHITVFAHDRNGNISDTLKEDIDIAQDYRPSGIMLDVTGVEREEUVNSATVTISNIKSRIQDTLOKHIEGVIRSYLNNIKTSDDLIUHQIAIMNDDVLYDVSFDNLDENIVPPQGIIRAGEKVELK | 348 | Proteína hipotética KgORF62 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024492.1 0,0 (347/348) | XddT, homólogo no caracterizado de la proteína gp47 del fago Mu |
| 89 | 60036 | 62600 | 651 | VANFLKNLHPILLRRNKKDNQDPNFALIDAENEEMNOVEKDAAIESKQLOSSLKTSTSEYLDKFGDWFGVYRKTDENDDQYRARIIK | 854 | Proteína hipotética KgORF63 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024493.1 0,0 (498/545) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 10S

Figura 10T

IRYONDSSV/KIT/GVGKETIGK
LTERIV/PDEDASLLDQTSGV
SYFSKGMDRFLYIOTNAA
DKINKVLAERTYDESSGYKNG
FELSEGNAGAEDDHV/SVAVDA
GKAVY/KGFKVDKPVSTRISVP
SYDGLTAENESTNSINNSIL
ANSVFKERRV/TGOVIEKERY
TRGAOGDQGVUTTKEKYKODEE
KAWTETSPGVUTTKEKYKODEE
RLTDQTDWSPQGOEPSSGT
SYWVSYKXNKRMVEGKDYEVET
TQGEGLSUSWVHNTPTENGKA
PIDQTVWLVDYTLYLARKDSVFI
NKYGDIALPGEPNIMRLVTPL
NTDPENDNLQLGTQVLPDSDEAV
CISFAITRSLMEDLOKVKTRVD
NILEYNOAVNALDGMAGEQN
PLTTSVSESEGFSIDKADITHP
DFGIVFSFEDAAETLAYTEAVN
OPKUGDGTDAHHWGRULISAPFT
EERTTYQGQASESETLVWPNYP
NKQKGWKLTPSEDNWIDTENVY
ITEQKTKH/VTMKRFWRHNNE
YGETEHYLYSNLQLDQGKWK
GETYAYDREHGRGTGLLESGG
QRTLEHQFIRIRDGSFVEKGK
NPNDONNLYLFFDQVRCPITPA
GYRNGSEDGTIMDAGTAG
KETIFAGIRCNGNREBTLKNANS
TSATTITYAOGRKKVQDIIURTR
VTUNVLPDLAQOSQFYDENRNT
SLGLYFASKGDKQSNVVIQIRG
MGDGQGPKNTIYAEVMNADD
IKVSNMASAETTRYFDDPMMA
EGKEGYAIWITENSDTMWWG
TRTPKPKDCKPNEVISGNPYLOG
VLFSKSNASTWTHPSNDSLKF
GIYTSKSFENATIEFEPKDVSA
DRILMLSTYTPRTGCTWEM
KULDMDMASSTTFDOLKWPKWEPIG
NYQDOLVPLMSLARQYKLRATE
SNRVSIPMLVMSLDTFTLTEL
TGSYVGRAIDMTAEPNTVFRS
TWCFTPKGSKPTVPRANNEFTRY
IDEKVKSSGINTKLQVRLDLST

Figura 10U

| | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|--|--|-----------------------------------|--|-------------------------|
| | | | | | | | | |
| 92 | 66760 | 66918 | 654 | ENSFLRPRVRLM/TTRDE MPREVDRPYOSOAKLFIPTVEEK SIKEKYKEKIDEATKLINEIK KERGEK | 52 ORF262 [Staphylococcus phage G1] | YP_240931.1 36-20 (52/52) | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 93 | 66919 | 68838 | 655 | MAFNTPPLTETOKLDMYKPV NDIGNFLKTEEVNLSDVKOISQP DFNNILASIPDSGNYYVTNSKG APSGEATAGFVRDLKRKNVYY KIYSSPYSSNKKMYIKTYANGTV YDWISFKLDEGNLYNEGNTLN KELTESTTQVYLVPNPKENLN TGWWVYKESKNGVSSLVEFNP VNSTSFKMIRKLPIQEOKPNL LKDSLIVYUPEPTESSNIKTDANWN TPPFVGYTANSGRSGVRFRG ENTIQQDGSSSTYPTAMTNRFK MGENLSVGDTITVSYAKINDP ALLKDNLVYFFELAGYDMDORT DNPYTGRRREITASEITTEWKK YSFTFTIPENTIGASGVKVNVS LLRMNCSSSKGNNGAVYYAL PKLEKSSKVTPFTTHADETKGHSP DEWSNYQEVISKDELKGHSP VDEYNDYFYKQYOWMKSEVENEK SLKDLAMTYPQGYHTFYCQGS AGTPGRSIRGTIQDVKGD YRANKFVKLFLFTDTEGIPYTL GGYNQGWKLKQSETSTLLWE GTLDFGSTEAVNLDNSLDNYOL IEVTYWTRSAIGHFSKRLDIKN TSNLLYIRDFINSNIDSTGSSYDF FEGYCIFPTRTSVOPGMVKSIT LDGSTNTTTKVASWNEKERIKY NIMGIRG | 639 Proteína hipotética KgORF66 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024496.1 0.0 (617/640) | PHA018, proteína hipotética 18 04 | |
| 94 | 68862 | 69236 | 656 | MAYKQDGNNEVLHREGKYT GFTVGGYDKELGOVKVNREI PAYFDNFAYERYLYYSKPEEV IENKYYVPPQINNGDEESQNT VPKEQYDSLKEELEMRKQQE AMMEMLQKLLGQKG | 124 Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024497.1 36-63 (121/124) | DUF2977. proteína de función desconocida 192 12 | pflam11 2.94e- 12 |
| 95 | 69243 | 70619 | 657 | MALNFITTEINVNIKIDTODLVYNFN IGEELTKERNIFDIDTODLVYNFN KSQKIKLTDDKGTLTKSYGNITAL RDIKEPGYYYIGARTLATLDRP DMESDLVVLHVPILDSSKVW QHLYTLSTNNNOQIKMLYRFVSG NSSSEWQFQGLPSNKNAVISG | 458 Proteína hipotética KgORF68 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024498.1 0.0 (445/458) | PHA018, proteína hipotética 18 0.0 | |

Figura 10V

| | | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|-----|---|---------------------------------|--|--|-------------------------|
| | | | | | | | | | | |
| 96 | 70709 | 72457 | 658 | MRLRINKLYTYVEFEEDDKYLK DIFLKRVHTTIGARQEQQFQYSP AYKRGSDWDFGYVDFYVYEEDEKF PTGULLKIELLUGELQSRYNEOF ETIDERDEFLSEEDIDDETELL DNNV/GQTLRDYQFAYAVNSLT FYNGIAHLATNGGKTEVASGID QLLPQLEKGERVAFGTGSTEF HQASDRQERLNPIQIGKVAGAK FDVKVQTVVMPIMLNANLKDPT OGVKVTPKQNISSKKQAEILPKF EGGTNOKKLKVLLDNNTTPKT VEONVLSALEIYQONISKTDAEVL LNLRNHNNAHFQKIVREKNEKKY DKYQDMRDFLDSTVMTNDEA HHSKSDSWYNINLMTCCEKALYR IALTGSDIKKDOELLWMRLQALF GNYIARTTTNKFLIDEGHHSARPT NIPVANPNNDIDRIODYREAYDK GITNNDFRNKLIAKLTEKWYNO DKGTLLVNFIHGDTISEMLNDL DVEHYFLHGEIDSETTRREKLND MRSGKLKVMIATSIDEGVDIS GINALLGAGGKSRLQTQLQRIGR ALRKKKDDNTTOQDFNDMTNR FLYTHANERRKIYEEDFEIKDL GK | 582 | Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024499.1 0.0 (582/582) | Helicasa | HELICc, dominio terminal C de la superfamilia de helicasa | cd00079 1.80e- 12 |
| 97 | 72469 | 74082 | 659 | MATKTKRKYQYLEENATENK FHISTKKEELADSLSGVYSISALSNN LKKLEEENKVTVSKRGKNGG VIITLVREYDTEELKEFNNSTDN IITSDLQAYAKALREKHFPSTRYE RKEORRRRTKIEMAQYNAIKDEK GK | 537 | Proteína Rep putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024500.1 0.0 (531/537) | Proteína reguladora de transcrip- ción | Subfamilia HTH_ARSR de proteínas reguladoras de transcripción | cd00090 4.28e- 03 |

Figura 10W

| | | | | | | | | | |
|----|-------|-------|-----|---|---|---------------------|-------------------------|--------------------------------------|---|
| | | | | bacteriana hélice-giro- hélice | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| 98 | 74075 | 75517 | 660 | MSKKIKELLHKSMKDIHFAREV LDNLPKNLSAESAEDMGLFTA IKRTAHISOKMSNEALAKVEQL MGNNKDEEKVTKTLYKEQD KVDNIEKODESVAYEIEKYKTE MSKEYLVKFAENKQEDSDNLH ELVDKLKOIEVSDDGGNGEFID FFEDTEKKQELLSNLATNKFST GFTSIDNHIEGGIARGEVGULJAP TGRGKSUMLASNLAHKYVKSGL SVLYALEEKWMIDRMVLRAEQ MAGAEKSOVNQDMSLNINKVY DAIONHYQKNRKLGGDFYISKHH MPGEVTPNOLEQINVNNTIKDK NIDVVIDYPHLMRNPYARYHSE SDAGGKLFEDIRRLSQYGFV CWTLAQTNRGAYGSDVITSEH VEGSKVNAVEVSIAVNOKDE EFKSGFLRLYLDKIRNNSNTGE RFVNLUKEPTKMIVRDTEPEEK QEHIQQLSONGKEDTSKFQNK DNKIEAINNTFGGLFGV | YP_024501.1 Helicasa [Fago K de Staphylococcus] | 0,0 (480/480) | Helicasa 41 Helicasa | PHA025 42 | 1,06e- 05 |
| 99 | 75596 | 76621 | 661 | MKFVFFTDSSHFLFTNYAKPDN EFVNDRFKEQIEALQKVFDIAK KEEAATVIFGGDLFHKRNSVDT VYNKFSTFAKNEVPULLRG NHDATNSLYTDSIDTFEYL NNVVKSLNTILKDNNVNIVFTAY | YP_024502.1 Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | 1e-172 (294/345) | Exonucleasa | Nucleasea cd00840 3.56e- 21 | Nucleasea MPP_Mre11- N. dominio terminal N de metaloofosfa- tasa |

Figura 10X

Figura 10Y

| | | | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|----------------------------|--|-----|--|--------------------------|----------------------------------|---|-------------------------|--------------|
| | | | [Fago K de Staphylococcus] | | | | | | | | |
| 103 | 79528 | 80595 | 665 | MRFEDELTOELGEFKENTIGEL RYCCPFEGEKSYKFVYKQALD SSNGOYHCKKKDETGNPITM KTYNNITGKQAFDLLESKNIDIE RAPLTTNNKOTSEKULMLR GVHQDKGGTTSKPPRLPEGYL LKDNLNKEIIPFLKYLKGRCGITL EQIINNNIGYVINGSFYKVDGES KVSRLRNSIIFTYDNGNYQWV NTRSIENPKVKSINAAPAKODEV GRKDVFNLNIARKKFLVITEG VFDALTFFHEYGATLGKQVTEN QIKKIDYVSDITSYIMLDTDAID NNDLAYKLKTHFNKVYFVPHG DEDANDMGTRKAPELLQNRR LVTPESIOSYKIQOKKL. | 355 | Próxima putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024506.1 (352/355) | 0.0 ADN primaria (352/355) | DnaG, ADN primaria (ipo bacteriano) 58 | COG03 12 | 1.08e- 12 |
| 104 | 80661 | 80999 | 666 | MSNSKKDILEFVDEYITALRG NEORHQLEEMGKEETATLTD VAKAITNI.MLGVNEOMTOLEYN NELNLNLLDALYKAELINEDVLD YQESIDKSQEEPKNEEKGQE E | 112 | ORF127 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240943.1 (111/112) | 2e-55 (111/112) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 105 | 80999 | 81451 | 667 | MEKNISTHTKGISQADMIEKWIIE AVVQGTVDGKVKDEKTAKOLD RIGSRSVSLEEATRIAKVLNAVT ADEVGTGFENDAIFNAIDLMMIM EDELGVTOEQVKGAKDKLNK REAYLKEKQEEERLROKQEEAQ KETEESDSNEKVIQLKNADEQ | 150 | ORF098 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240944.1 (149/150) | 2e-78 (149/150) | PHAO0227. proteína hipotética 77 | PHAO022 9.45e- 43 | |
| 106 | 81438 | 82046 | 668 | MTNSKKKGDTFERKIAKELTAW WGYOFNRSPQQGGASWGD NNAVGDIVPQEANFPLVECK HREEWTDIDNVLLNREPHTWW ECAVINDSSSKVOKTPCLIFTRNR AOSYYVALPYDEKYYEDLRNNE YPMVMTDFIDNIRKOKFFYDVL TTMNGLTSFTPSYIISCYDKDI KPYKKVESNLSEVSKHEDELN DLSSDI | 202 | ORF064 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240945.1 (201/202) | 2e-115 (201/202) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 102

| | | | | | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----|---|-----|--|-------------|--------------------|--|--|----------------|---------------|
| 107 | 82063 | 82455 | 669 | MTSKERPLIVYSGTGQTERLV NKNININNSFETFRVKGKEKVN KPFILITPTYMKGAIPKQIERFL INGSPKEVIGTGNKQWGSNFC GASKKISEMFKIPILAKYEQSGH FNEIOPILEHFSNKYTKVA | 130 | Proteína Nrdl putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024509.1 | 4e-68 (129/139) | Proteína de ribonucleo- tido reductasa | Flavodoxina -Nrdl | pflam07 972 | 2.44e- 29 |
| 108 | 82470 | 84584 | 670 | MATYGKWIENNEITQLDDNGK NKL YKQEAQDEYKTYEDNTR KFNSSEVERIRVLTKEGTYDKIFD KVPDTTIDEMTKLAYSFNFKFPS FMAGQKFYESTASQKYDENKK PIEVEDYE OHNVRAVALYL FOND YVKARELL VQLMEQTQPSPTPT YNNSGOANRGELESCYLEAVD DSIESLNFEVEDSVANASSNNG GVAIDLTRIRPKGAPV/RNRPNS SKGVIAFAKAIEHKVSYIDQGGV ROGSGAVYLNIFHMDILDLLSS KRNIASESVRLDKLSIGVTIPNK FMELVKEGRPFYTFTDYDINKV YGYKYLDELNIDEWYDKLNNDS IGKVVKHDAREVMTDIAKTOLES GYPVVFYIDNANDNHPLKNLGK VKMSNLCTEISQLEVESEIYPY SYSQNQVINRDVVTGLSLNLV NVVEKGLLNESVUDGTRALTKV TDIMDPYLPSVQKANDDIRAIG LGSMANLHGLLAKNMISYGSRE ALDLVNSLYSAINFQSIKTSMLM AKETGKOPFKGFEEKDYATGEY FVRYRESNQPKTDKAKKVLDK VIPTODDWIDELAKAVKV/HGL YNGYRKAEAPTQSIISYVQNATS SIMPPPSAIENROYGDMETYP MPYLSPIOFFYEGETAYKDN KRINTSAVOKHTDOAVSTILY VESEIPTNKLVSLYYAAWEOGL KSLYYTRSRKLSVIECTCSV | 704 | Subunidad grande de ribonucleotido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024510.1 | 0.0 (70/704) | Subunidad grande de ribonucleo- tido reductasa | RNR_I. ribonucleo- tido reductasa | cd01679 | 3.18e- 130 |
| 109 | 84598 | 85647 | 671 | MDITQKVKQHNKNAVLKATNW NIEDOGMSDIYWEQGISOFWT PEEFIDVSRDLSWSNLSEKE NTYKVLAGLTGLDTQKGEG MNLVSYHEPRPKYDAVFAFMG GMEEIHAKSYSHIFTLNSKET SYLDDTWEEENDFLKVAQFIC YYDOLLKPNPNTVDRYMAKV ASAFLESALFYSGFYPLLAG | 349 | Subunidad menor de ribonucleotido reductasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024511.1 | 0.0 (347/349) | Subunidad menor de ribonucleo- tido reductasa | RNRR2. ribonucleo- tido reductasa | cd01049 | 1.74e- 63 |

Figura 10AA

| | | | | | | | | |
|------|-------|-------|-----|---|-----|---|------------------------------------|---|
| | | | | | | | | |
| 110 | 85665 | 85994 | 672 | MDRKEAMDLSSKAELFKKHDE FSCYSDINDPMKLFISSSKDAA DDTSKSFQLEFMHDATMITYLS YGSGQLKLDAEGYEAKTV VNSFEIILKTLEKDDSEDKNE L | 109 | Proteína hipotética KgORF82 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024512.1 4e-55 (106/109) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 111 | 85978 | 86298 | 673 | MEKMNLSVLNTAIROKKDV MITQDNCGKCEILKSVPIMQE SGDIKPKILTINLDADYDREKA VKLFDMSTPVLGYDGQLVK KVEDQVTPMQLQELFSL | 106 | Proteína similar a tioredoxina [Fago K de Staphylococcus] | YP_024513.1 8e-54 (106/106) | Proteína similar a tioredoxina |
| 112 | 86505 | 87101 | 674 | MDELISKSRRYIMRDENHYMLF NEKYNDRLIEKVCKHGGKV YTDSVLPVYYVLDLSSHPDSE WYRMIRNGFTAKEVDYDNLSF MGTRVVIDSVFVPPVNPYDIRS LHDIKTVDEVHLSFRPILEVED KQEKFYFFGEAYDKPEYK DFADKIRVSLSYWKMYIYTSS RDFEDVNVITKLQQRKINI | 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 | MSTANRDIARKISSENHYIQ DVEEINSAETDAISDLEEGYTK VKNHFKMQLIEVRKGKAWD GLNKEYFHLPNRKAKFKPLKE LEEVDIENEEEK | 101 | Factor del huésped de integración putativo [Fago K de Staphylococcus] | YP_024515.1 2e-51 (101/101) | Proteína de unión/ plegamiento de ADN |
| 114a | 87492 | 88364 | 676 | MKVLIIFDHIREFHSVSKDGS VKSNVLINTPAGTKLKKLEKCS NLKRDKTNRDYDIDFLYNAVPT PIRNDYGRKIKYDVKQAEVYP YYERMMNIIDNSYDMMIPVGKL GVYKLAVTAIGRIGRGPASKV ENETSMDHVWVLPTYSIEYTNV NKNSERHVSDLQTVGKFVEQ GEEAFKPKPEVSEYELVNIEVR EIFNKEVKNDYDGVDTAWDL ETNSLKPKDKEGSKXPLVLSLW RINGQGVTIPLYKSDFNWENGQ DIDEVLLKNWNLADEDIKVA HNGK | 290 | ADN polimerasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024516.1 6e-167 (289/290) | ADN polimerasa Exonucleo- asa similar a ADN_PoIA _Ecoli |

Figura 10BB

| | | | | | | | | | | | |
|------|-------|-------|-----|--|-----|---|-------------|--------------------|---|---------------|--------------|
| 115* | 88530 | 89042 | 677 | VYQLNRGGTVKKDYMTSVKN KKVCRRCNEELDSNFKTYKK NDKYYQSMCIPCRKEYNKLK TKNTIKCYDKNGDKYRKOGN EYNTSDRGRELNIKRSRKYRE NNSLAKAKARNSVRTALRNGSLL RPSKCSECNKECIEPAHHHDY NKPLERIKWLCKSCHEDTHHKK | 170 | Proteína hipotética KgORF87 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024517.1 | 4e-79 (145/156) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 114b | 89178 | 91508 | 678 | MSTENKFDFESLTKVGWYL AVTQEYKESLRLSDLAYEVTDL GGYDPLKLEDFKLWFTKLRRFF SDKIKEOKENKKIAKKEYDVKA PEYKEVLENKLNETVYELDDOT EKKFPRVSELEKKYIQLGLSPPEIV NMNLVMNNDEFSIAEQSPEYM GLSDYAKSYTLNTAINLINEYRD VKDVNVNDIGGNFNYDWFPIEL MHPYASGDIDYCRRHCDVVK KLKEOQRPKSMHLLEV/NYPRL TKSLARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMMAKNHATMREHWA VKEFEELYQYNLYQMALEEEHK KPKRDKUHQYRDKFKDGK MFSPSSGDHKGGRVYDILGIOL PYDKEYKEKPFINAVKEADLT WODYKTDKKAIGYALDNLEKD DVRELLELLKYHASMOTKRNSF TKKLPMNINKQKERTLHGSESET GTETSRUSSSNPNLONLPAHTS DVNKFDYKPIKRSPVSRFENG VILGADYSALEMRIGLFTKDPD MLQSFLNEDIHAKATASIVYNK PVEEVTKKEERQATKAVN/NGLAF GESPFSAFGKNNIMEVSEAEIF EKYFQTKEPSVKTSDINVHEEVQ QYGYVDTMHGHRRFIRSAQST DKKIKNEGLRQSNTIQGSASF LTNMSLTYLDDFIQSRNLKSKVI ATVHDSSLIDCPPEAKIMAKVTI HIMENLPDFLKAEGIDKEVQY PIEADMIEGLNYNDMVEYDEEE IDTFNSYQGYIKYAMNLQTED YKESGLLTDEQFEKATNV/KS EKHYQEI | 776 | ADN polimerasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024516.1 | 0.0 (770/776) | ADN polimerasa ADN_poli... A_I_C | cd08637 72 | 8.00e- 72 |
| 116 | 91577 | 91819 | 679 | VNTGERFNRSMDEWITSMYQ DELGDMINVVTYNEGREENKH STVLPTESSTGTEELANLEE | 80 | ORF181 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240959.1 | 7e-37 (77/80) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 10CC

| | | | | | | | | |
|-----|-------|-------|-----------------|--|-----|--|--|---------------------------------|
| | | | EYPLALPLSSISVNI | | | | | |
| 117 | 91836 | 92318 | 680 | MEIHDSLOFTNFTIKDRGNNSQ EFIDELRTEYTQEDFMQSQ AKTAFWASILEKURAYSEMEQ RNLETIGSKLNLTIRQEYEQOG KAPTKDMSIESVYHSDSYOQL KVVEAWINYKVKGLOYYVKAPE TRRDMMIQLQGAEI.RQTNKNGG ITNPFSH | 160 | Proteína hipotética KgORF91 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024519.1 (160/160) | 5e-90 (160/160) |
| 118 | 92405 | 93676 | 681 | MDFNOFINNEASKLESNNNSFN NNVESYKPKNPVLRLGNIKDAN GNKVKVKENAVFVRVLPAAQTN VFFKEFRTTGNYSKKDGSGQGF TGLTLPAAEFGSSVLDPYIOWI TNGVDFSRFPNPKPGVRYIIVI EVFNNINGQIOPKTDAGQNMV QPMELSNTGYKELLNLKDLM LKPSPNAPHSFISANEAEFLVNV KAKKGEMSWKVSYYVNPALGA LPOGWEOOLSDLDOLAKPTEE FKFNRETNVLGEEPSEPKOAP TQQDVDSQIMPNSMUGQPQNPQ QQGQVQGOYAOQGOSNGOGO QLAQTAQPINNTQFGQGTSG QQPSNTGSVWDWDLNLAQOSQ PDSPNPFNDFOVSVSDSQ/PF ETOPOINTQQAEPHOTTOQEP KQRQTCISDQDVLLGLDNLN | 423 | Proteína hipotética KgORF92 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024520.1 (421/423) | 0.0 (421/423) |
| 119 | 93736 | 94992 | 682 | MARAKKGEKEVDTLNLTLGK ELGLTLSDTNRAKDNKVNPTMV PQI DYLGLGSIPLGRLETYVGL TGSKGSTFAVHSRIATOLGVIT IWDEIGTADINRMEQLGVQVS KLFSIOSGEGRLKNTVLSVEQ VGKELEYWIDTFNEKIPGVNPVF WDSLGAUTRQKEIDGGIDEKQ MGLKASATQKV/NAVTPLKNOT NTGLIVNQARDMMNAGMYGD PIKSTGGRAFEHSASLRVKHK ASQLKQKSELTGKDEYHGIM RIETKSKSLSPGOKAEADILS DYMVKEDDPILLNGDILEHTV YKEAVERGLITKGAMRNVTLN GEEIKLDAEWVPLKDNRRLY LELFSRVYGEHFPNYSPLNN KVIWTQLEEYQALENYYKEWAT | 418 | Proteína de reparación de ADN putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024521.1 (417/418) | 0.0 (417/418) |
| | | | | | | | Proteína de reparación de ADN | recA cd00983 1.99e- 34 |

Figura 10DD

| 120 | 94996 | 95349 | 683 | DNKQEEQQEELKGESQEKDSE SDVPLPYKDIARKKFEYKEKG ESIIIEGGFPYDPTSTVMIYEH TDRWAGGYSLRHEGEYEVKVP KTHFSDIYVKDKSHKVRIIFGA NPYEEs | 117 | ORF121 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240963.1 (116/117) | 3e-61 (116/117) | No se han detectado dominios putativos conservados |
|-----|-------|-------|-----|--|---------------------|---|--------------------------|---------------------|---|
| 121 | 95336 | 95998 | 684 | MKKANNGNRYVIDIDGIP/DFE RDLSSLNRYKLRWSLYHRY AGILSNDFERQLERYDEQFK LVKEYNRISKVDFPGYIKAKLT RVQNSYVKKNEKYKRTEIGK DVTYESLTEDQNEFEDNCIMS YFDDIEFTEVQSELLKELLINP EREADDAFIVSQVAEKFDMKRK EVASETELRDYVRPKINAYHE YYAKKELNNHRVNTENHWWEN | 220 | Factor sigma putativo [Fago K de Staphylococcus] | YP_024522.1 (220/220) | Factor sigma | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 122 | 96126 | 96758 | 685 | MAKKAVNDVQEQSVIADKV LQKVNRDGYTRTHEGQAYK VNSEGEELFLYPVQTDGKTL NVMPXNHSFIRETDIKGLDKG VDPXNHSFIRETDIKGLDKG QLOQALAFVEDRPFKGIVYVF VANNKEDVLSVDPTDNDADEV KDSLEHAHEDVIAOFPASPARK DVKGVDSGEGQGQDTSSEPSAPK NWQVTPKEDGADVSAE | 210 | Proteína hipotética K9ORF95 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024523.1 (210/210) | 1e-117 (210/210) | PHAO2283, proteína hipotética 83 |
| 123 | 96781 | 97293 | 686 | LAKLNLYKGNNELNSVEKTEGK STTIENLDANTDYPKGTFKVSF SNDSGESEKVDPQPKTKAIV ISVTLDVDSLTVGDTHOLST TTPSEASINKNSFESDKSGVA SVTSDELIAVSAGTANVTT EDGSHTDIVAVTKPEAPEA DVTYEPGENSADITY | 170 | Proteína de cola mayor putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024524.1 (168/170) | 3e-88 (168/170) | Proteína de cola mayor 368 |
| 124 | 97308 | 97335 | 687 | METLKVYSNGEVNGSQVANN DGATTVSITGLAEKTYAKGDF KVAFANDSGESEKVDPFETT KTPEEPSGDA | 75 | ORF189 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240967.1 (75/75) | 1e-34 (75/75) | No putative conserved domains have been detected |
| 125 | 97631 | 97891 | 688 | MQIPTILFRNPYDVTKVKKME NKEQYINVKFDSSVSHNLNVQ GMMANVQDYLHIGYRKEYG QENSSKODERDVKGYLERVG E | 86 | ORF174 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240968.1 (86/86) | 2e-42 (86/86) | No putative conserved domains have been detected |
| 126 | 97895 | 98650 | 689 | MGIINNSNHIQSOTLYEVDSFFD 251 | Proteína hipotética | YP_024525.1 1e-141 | | PHAO2284, PHAO22 | 1.74e- 1 |

Figura 10EE

| | | [EKYDTEEEGLSIKDEPTVLAG FYDDITFKVINSNSDIOYIKN NDIYVSDIGLIPDTIVOSDR KYSILLOQTELSKDOPPRWIE DDAKGLTKYNNQDFEDYFDL NSFYKKEVDMARECYNINGNV YLLYEVLPIYKLPLAISLSSNK EHGIVIGSOTRSNNIDLTREVK GMDAKAISMFAVEHDYOSNIF HTFVNSHINILGNQITKIREKG SSYE] | KgORF97 [Fago K de Staphylococcus] | (251/251) | | proteína hipotética | 84 | 41 | |
|-----|--------|---|--|---|---|------------------------------------|----|---|--|
| 127 | 98643 | 99883 | 690 | MSNYKTIEYDAVIIGVLFKDEG KITSFNKTIKFGLDRIGKDDL KEIVEDIRDAYNELKNKAIG KVTLGDLKOVADNOVEEGANN HEEVSTYVAKEKEELSHREQ RKHNHRHTAYPOIMFDELKEHM VKELQGETLVEHHGSKANINDT ELIVLSDFHGSIVSDMTNGKY DDEVLKARLNHFINTVKEIEDR EISNVTVYFGDLVEHINMRDV NOAFTETFLAEQISKGTRLLID ILNLNSIVSGELRFGIIGNHD RMQGNKKNQKYNNDIAYVLDLS LLLQEQLNLGVIDIONREDY TIRDFFGGSIINHGDLKGKG NHINKFILDISHIDLITGHVHHS VKOEDFNRMHVAASSPQGYNN YAKELHLSKTKPSQQLLFINKE NKDIDIKTVFLD | 416 Proteína hipotética KgORF98 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024526.1 0.0 (413/416) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 128 | 99907 | 100275 | 691 | MDTIFIGVAEFTATEINVRFLD LWTTEKKMWSQQGPPLSNF YHVIVPYLVGIVVILSHFRDSL SAOSGFGVITSEFYMLYMIGL VGSFVLTIFFOARKAROYOTOED NNEVO | 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 | AMENDIYEQLKNDTIVONHES ODDKGNTYTOFDGNDYLFN VINDGFLKEMTNGMVDPHEGO PVSVSLNKETPSMSVQYLT 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 | MDFNFSAFDNSSLAMRISSEG YYFNDTPYFIEHVEEMSEVV IVYDHDREKEENPKQKRYIEPY ORTIPGSGTPLSNLKSMMMPORK YPKKVUTEDIFVANVPLGTDV TGKTGKGFFERDKORTYQSKE | 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 | 634 | MSNDVKKFYERDQKDLIRTKHH MFKDEITSNDINDIFRNKEVICO GKCRDCLVLDRNGTVMAGIEIK TERDSTQRUNNNOLKKYSLVCK YIVVACIHDHKH/PKVEQILKRY KHNVGIMSYISPKGKPVVGKY KDATPSPHSPRSPTYRTGTSYN NLMTILRLIDOPHTYRTGTSYN ASGRYSGGEGNFSQTOTOSKR MKPAINQIIHYGVNTYKL TRGVYGNINRMEVIEDFFNT MKNGYRVINEOROTK | 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 | MSDKPNRKRKEIQHOPVNFA TNTLGANNSSFAKNPSEPKDA TSMIEYRILFIKRFDNVTSDVKL OKHAYALNLSIASEALDVKETYLSK OKGKKTESILHTDVRVYYVHRGK KLIGKCSIREORTFGKHLIFIK TRHRVKAERDK | 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 | MKGFSEHVOKPTTSKTYKTL TSGKVELLGVSYSDFPSGV TVOSYIEDGNEDEGLQFYNKV NVESEMKOAVVGMNNQLGSS GLGVURTEQLKKELEETGLMT DLIARGTNLTSTKVDIVSTFIE PEVYQNTIAIKIKLRLYKVEE ESPFLNGYTHVYLTTTEKLYDG QTLFGMLSKKDQLSKGDODKLL AFFRNNSLISLKSVFCVULLSKD YFPNLYNTHETGFFLEDVTI ACGQSYYKVNTKQKSSYVIE DKTHKLTELVINLGDDDTLIF | 287 | ORF036 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240976.1 1e-160 (286/287) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 134 | 103592 | 104323 | 697 | MARKKRNKNSDIKVKVPOKE KESLSSKLYHNKLRSKVKVDNAI DEMOSYDIIELCKEYOLELSK SATRYSKSKRKAEIENGWDLGE LIDRKRTTSVKOIKEKEPILEE QLSPFEOSKHHITOTYDDIOVL DMISKGAKGLEFETLDPALMI RAMETKDOKTGNLQKGMSEFIGL REOLIKOTAOADTAMSEVLEIFI PEEKHEEVLOREELNONEFYK NLDDEESRKLKAEALDRVGYTI | 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 | MADIEISNPIODAIPIDDIVDIMIT YLKNGKVLRVKVQDILVR MSPGKHKFTEVSRLDKESEY YKRHWLYNVSVNSLITFVYL DEEVSETTKVVKYPDTIVEYTR EDQEKOAMKEILTONINGNYF YALTGEOTMLFDENKLNKVKD | 152 | ORF094 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240978.1 (151/152) | 3e-82 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 136 | 104864 | 105307 | 699 | MFIISLNQEEKEELIKEESKTYPL ETSRREFNTPKEEFIVTSYNEGK PLDIAKEAKVSMGLIYTLYVY KVGRNKKKSPVVEERIAHILDK NLVKEIIKOYQTMMLODYSKYN LHKNGIYIYLDLYVVERSELK DIKALEDNIVNE | 147 | Proteína hipotética KgORF105 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024533.1 (147/147) | 2e-77 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 137 | 105324 | 106028 | 700 | MIRNIKKSFDEOEOLNDMRNKEKW VSEEEFTTEEVAPESEEPEVEEEK LYTLINELKELNLLDAOGLKDVVA DFPASKDLYEPAKLYCITPKGY RSTEVOPGQYIGIRSTGGLSESE DFSHLRGOMPRNLYETSHVNL PLVRINNNTLEYQOHELLLEDIKD DKKIVDVELEDLRLVLTGEEISHL EIVDSKFFESRINEILDRTYELT DSDDLIYYSKSLRELVGSDKMY CSLDKCVKIID | 234 | ORF106 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024534.1 (223/234) | 3e-118 (223/234) | PHA0290. proteína hipotética | PHA022 90 | 4.62e- 30 |
| 138 | 106091 | 106489 | 701 | MSRKASIFYLVVLNLAFLSISYYI SSFMAYHDKAKNEVSTELNTG KIKEEKNEYEFVGDTLTKVENN KAYFMEITPTYLPGRTGDSID MRYKTSRFSKEGNFKLURVYT EDGEDEPNPHKYRFEAVPTKK | 132 | Proteína hipotética KgORF107 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024535.1 (131/132) | 5e-70 (131/132) | PHA02291. proteína hipotética | PHA022 91 | 7.32e- 18 |
| 139 | 106636 | 106878 | 702 | MEMADLERDTFLVLSDEL SEEBALESVDLNPILEGGTA YOAKKRIRSKFGKIEAKNFKRN YKFLLKSLAQIDORR | 80 | ORF182 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240982.1 (74/80) | 2e-35 (74/80) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 140 | 106883 | 107440 | 703 | MIEREKLVKIEEDANRDIGRLK EVDDYKDSIRSKGTRVVYSTKV LDSVAVGLISFFLVMRLVEYF VTGNAVYSPPLAPAVIMFVLAG TWKVKSKMKVNSVYRGTIKMW ELSNAEQNOAQVKYPNDEVDI VSKHNLROITFSEINILHKYMR YNAKAVEGHITLKSFLFKKOKET VDKNIK | 185 | Proteína hipotética KgORF108 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024536.1 (120/135) | 1e-66 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 141 | 107476 | 107652 | 704 | MVIPSIIKAONKFKNELEYYKOG | 58 | ORF240 | YP_240984.1 (151/152) | 8e-25 | No se han detectado dominios | | |

Figura 10HH

| | | | | [Fago G1 de Staphylococcus] | (58/58) | | putativos conservados | |
|-----|--------|--------|-----|---|---------|---|--|--|
| 142 | 107645 | 107893 | 705 | HIESKMLELAFDYQEOLEQNNE EYVTNLLEEEFRYGE | 82 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 143 | 107886 | 108119 | 706 | VISKFGVYLFLVALIVLYTVGF LFFYGVASLVILTHATIDPFVLA TELGIGFLVTAHMRIMARVIND AVAKAIKOKENE | 77 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 144 | 108200 | 108688 | 707 | MNKGEFIMD1KTLPKFSYVEIV MKVSEEVVKQSYLENRANTKMD KISWSELRSSPGLTQDIFYSV VIQNHAIILTLTGTTIEST AIIQVGMFIUTYGILSALIPVHK AVSPGWYSTEWNESYYIRPG ENYKYYSKWYDOLLGKFEKY YKRDRGEEVKEKIHGLFLKL | 162 | ORF076 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240985.1 2e-52 (104/112) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 145 | 108724 | 108843 | 708 | LITNRPITILEYKU1KKLDKESI RKQEDLEEYKQYNNS | 39 | ORF076 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240985.1 5e-13 (39/39) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 146 | 108858 | 109106 | 709 | MISSFDSILLYVIIHAFAVAMAIY LVPFKGMATILLDKLMMLLSKTTL DVAEACSMIMAVISTIVFGIVLIL WLAVNNILL | 82 | No significant similarity found. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 147 | 109118 | 109294 | 710 | MDFNDINSESDRVGKPKQKCK KVENKLPSSTPIEDKEKKLKEIR KKSLYDLRRKRND | 58 | ORF241 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240986.1 1e-23 (58/58) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 148 | 109287 | 109583 | 711 | MTKE TNVLYKOKYRDYTIVRL AGNIIVTEVDKHKHTAFTTPIFDN GVEGVELVMIGSVVELSMTDL REFTEKVSTAOKALEYFNKKLY 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 | MILCILWFMGFSYFVLMFGI FWWKDRWMPGVIGAGALLFL FWIMKSHINAMTVVLY | 60 | Proteína MopK de membrana hipotéctica [Fago K de Staphylococcus] | ACB89144.1 3e-25 (60/60) | Proteína MopK de membrana |
| 150 | 109826 | 110197 | 713 | MIDLVIHYETEENKRVLKETIQTI QNHLDDEHGLVKMATATLSRE NIEKRFNNYNNIAEDDOPONSYH YGEAIVEDADFDIDPISYLDIHAGI EWDVONPYDMLDRNPQFIEAV NKLNEDELML | 123 | ORF119 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240989.1 9e-63 (119/122) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 151 | 110210 | 110557 | 714 | MILNEKLNLEDTKYUMINNSIASL LSASTGKSSKVFDEGTIVSG | 115 | ORF124 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240990.1 9e-60 | No se han detectado dominios |

Figura 10II

| | | | | | (115/115) | | putativos conservados |
|-----|--------|--------|-----|--|-----------|--|-----------------------------------|
| 152 | 110557 | 110835 | 715 | MPNMLLTIASVAFIAVIIIDLIND DMSYMLTGTALINIWAGFYGW FFLQAGMILLFLALARVKDDK ESILYSSASLICAGMMINLLSFS | 92 | ORF162 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240991.1 1e-43 (92/92) |
| 153 | 110905 | 111210 | 716 | MSKETIRROFSNAEIMATTKE WWNFPKSFDTNKEFKIKTFKN DTLVFEVREGSRNLGSFVFTN IDFYDOKLEGTSQYMINYFAK KLTKOMPNYTHKQL | 101 | ORF140 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240992.1 4e-52 (101/101) |
| 154 | 111225 | 111575 | 717 | MREELKPFRNKPNVNKGYLD VKYSKRRRHKGNOHGCVKITV TDVKINGIPDHVNIEVGISFYEK LKELOGKRIOFVGTYYKKVKA RGRKGRIKGFYKEDSYTLDK LQKEEK | 116 | ORF122 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240993.1 2e-59 (116/116) |
| 155 | 111575 | 111754 | 718 | MTEWYALCYDVGGKKIPRO VRAHRSIVLEEKRLERLEERNP NTYESIKTTKEFDEER | 59 | ORF237 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240995.1 6e-21(46/59) |
| 156 | 111980 | 112390 | 719 | VKLEDVKLERIDSGLGKLGDIS QHAWEALVKYQIYGIILIVGV VIALTFLWKVFINOHKVNDM DRODDYSLLFFEDCDSLGGIF YVITSLSLFATFLYIYGPMDIK ILNPEVFAVKQLEQAKGGGN | 136 | ORF107 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240996.1 3e-34 (81/136) |
| 157 | 112392 | 112685 | 720 | MKORDFEEDDFVLYTECEDC KHFEDWGHDEEPEECSECGS SDLINTNTSHEDTECDMCKGYID MWQDGYRYMGDNKAYLEKED SGLICEDCYEKLDI | 97 | gp ORF160 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89153.1 4e-47 (93/97) |
| 158 | 112701 | 112988 | 721 | MNKAVEQASNAYVGQFSAMV WHQVLVGLGFIILGILSLLWWV LVKFKHYPFNHPTAFAVVSIML VSIVASFNWGGHLVNPFEYYAI ELKGFIK | 95 | ORF157 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240999.1 3e-37 (93/95) |
| 159 | 112999 | 113112 | 722 | MTKEELEQRVKELEAENKELKK QIERFEDEGGKTKDE | 37 | ORF362 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241000.1 6e-10 (36/37) |
| 160 | 113105 | 113371 | 723 | MNSROKKILTIVSNFLALDT VALIRYKKGKIKOQNNTGQITR MIATTANSLGILYLEOERKEVK | 88 | ORF170 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241001.1 2e-31 (68/86) |

Figura 10JJ

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|---------------------|---|-----|--|--|--|
| | | | DIKYGTFEIGALKRFTNNK | | | | | |
| 161 | 113449 | 113754 | 724 | MKGIIIFTKEETKEDGYLFGIN FKLEGISYTTEGTLVNDVVAI KDNQINEONELEQFMSMNINLVI GILGHSSLSVRIYEGIROEFD VEEYLEELRQ | 101 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 162 | 113754 | 114155 | 725 | MIFLJFGFLFISLGLIFYNSVLR KKQLIIEERESFYGRNRTKEL GDVTRLGYESDVKHNOSNK TIEDKSKAVATIKKAYELET SVDVSKVEGSPLDTEPMTM KVLSSYKLDRGEGLYSLSKFI | 133 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 163 | 114166 | 114402 | 726 | MEFIDKNNMVKAYDIPNYLKGY VLAQACDKNGDTIAYDGYDQIH YKEGRVLTFFDKPLRKINVLS GYYLFKKEDII | 78 | No se encontró una similitud significativa. | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 164 | 114399 | 114926 | 727 | NIYFVSOLHFHGNDNIREFEAPT RSHWNSEVEMNEGLUELWNT ITANNDVNVNIGDFFNMKPSKVE DILNRLNLYKEMIAGNHDHKL IKLYERNGTIVKYADMIRKKDKR FYLSHPTLIGRKNMNFHGH SQLMGTEYHNVGYDVEGKAY SFDDUISRAGEYNGEJOR | 175 | Proteína de fago [Staphylococcus aureus subesp. aureus TV20] | CB49957.1 1e-66 (124/165) | MPP_AQ15 75, familia de metallofós- fatasas |
| 165 | 114907 | 115218 | 728 | MEFKGKOLVKTRIKQTIKNL VIKTEKLHNKHGKYRPIGHVY YPKTEFTLSPEQKIFIEYMA LGFSVKKHRKKIIVYKNVLE YLSMYQEAEISTC | 103 | gpa3 [Fago A511 de Listeria] YP_001468613.1 2e-18 (65/174) | | |
| 166 | 115264 | 115443 | 729 | MKF-FILLGVLVIALGIVLPWIL QLVLSAFGVYSIWVCGIFILS AVGSMESRN | 59 | ORF236 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241002.1 3e-22 (58/59) | |
| 167 | 115458 | 115721 | 730 | MAKYESNINGENYATPSOALR EALALEUREENKAFTYTKGEE YESOOLRHFDMSISOYEAEI RVLEDRYSPQIFPKDNKEK | 87 | ORF171 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241003.1 3e-39 (80/86) | |
| 168 | 115724 | 116041 | 731 | MKAESIARFQDYLQIEGYV RFTQASSSYILDTMDESVL DTWFTLSCKYLLDHTTINKPE TLSNMLETEISNKLQEVGQT KTDIELSKYFKEVK | 105 | ORF137 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241004.1 4e-42 (88/105) | |

Figura 10KK

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|---|-----|---|-------------|---|---|
| 169 | 116042 | 116722 | 732 | MSSEAITNHLNLNIQIKKEYNH AYIKKSVCSGIGNADEFVRINYI ADKOPNMYRINTINSIIFDYSNERN PKELLIQFKEXLISVKEQVEIDN DFIEAKDNTNHELEKI EPFINK EYYSMFKSSEIEKEVPAULSEEV LNRCCTGKTSTL AYL AIEKODPLI VSNNSSMMKMLKKDYP-SV/ISS LYDEFNSYNKGEVI IDEVDVDO | 226 | ORF055 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241006.1 | 4e-84 (158/226) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 170 | 116800 | 116958 | 733 | MVGIII LVGLILELASGYKL VI GK YYDDIDL KMLFTTGGACLLTG 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 | MNYKVEV LVIKKKRPCKV/RPTG SILAVNKEF NADOTKGIL QDVS NINKNDYKILQOYCLERDVT AGAII F | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 172 | 117211 | 117411 | 735 | MINYDFTDITSCGYKVHSVIE KRVHISEMTSASYPKKEINLDE LQATVYYMMNNF GSQITTEGL | 66 | ORF211 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241008.1 | 5e-30 (64/66) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 173 | 117412 | 117702 | 736 | MELVNIIAVALGMYGIFYVTF STGL SGILIVN GMAVGL YFYLDY LNVRN:AVRLVSVM GAFLFSIE MYNKIMF EIKKSKYDKTVRTRYR GDO | 96 | Proteína MppO 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 | MNARKARKNTKHNKHOSSVTK EQHLYIYKINYLUANSSQQK TYVVMNLRIGYDPEFSL SKIKY LKEIKHYKDLGI VQQTQKWS RWSEKSIIRYYN LGYDSVLP IIHISW | 117 | Proteína hipotética KgORF115 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024543.1 | 4e-57 (107/117) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 175 | 118225 | 118398 | 738 | MDNPNULINKTKTRAVIREMVKDI EERA-EALRREETRSLIARDNRK RLYIELESIL EEE | 57 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 176 | 118401 | 118625 | 739 | MDFNLKDYAV/RP1DKEGMNV VRTYYVCLKRREYSDWVWDKVY GROE-SSETWLFMNEIRNERA KLRIEKWQVN | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 177 | 118652 | 118810 | 740 | MSLSELLEYIKNSGRERA YIS DNGNCRVIAIMHYDKWAVGDL ENAVI TIEK | 52 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 178 | 118816 | 118917 | 741 | MYLFAKIISIDIVPLMSINWQVLT DYNDRH | 33 | ORF445 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241021.1 | 2e-04 (24/33) | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 10LL

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|-----|--|---------------------------------|---|
| 179 | 119523 | 119693 | 742 | MIIPLIILMMTFFGTAFPSYV/AHDA YRDEKGIMAYAMV/GVIVINVG LEMI/VECL | 56 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 180 | 119709 | 120002 | 743 | MIDYLHSEYOKDULKFILKAI RD FSPRELTTOFRNPKAADVSIQEL LGDDIDIFESIALDYPNDINLVG DSGYSVYQNDFLTISGLSTAM KEVIG | 97 | sp ORF182 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89175.1 2e-08 (38/92) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 181 | 119999 | 120184 | 744 | MIGFTILSTIMVILVIAAMYTOQLV DMIQSIRYD/RFKVLNIVTFIVM TVLVLSGILM/IMFDI | 61 | ORF231 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241023.1 7e-11 (37/61) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 182 | 120293 | 120607 | 745 | MKAIVYCARRYSKHTLKHILEL EAENSDLTSTEISDLGEVDIVV QHTKLPSSELMDCSKVSKGS DRFYVFVNHSGGYYINGDLYIN EIGKFTSRETNVAM | 104 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 183 | 120621 | 120938 | 746 | MIEIRLVEGYOKSQLKFMLKK RVAPREL TYDEAGIDSVDVNE DVDPHKSPQEYERSMILLE LWIVLESGYIAYWDGKKGEG ALDDIYNMFKGGRRL | 105 | Proteína hipotética KgORF117 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024545.1 1e-22 (56/99) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 184 | 120938 | 121234 | 747 | MIEVFLSKDQDKOLLKAYLEYIR KSASRELKYINTKGTDVNE NILSYTNOEVHHFSSYGMYRDD LCVFIDNTRSEYLTNGEPVGD TIKYIKEM | 98 | sp ORF185 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89178.1 6e-19 (48/98) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 185 | 121238 | 121495 | 748 | MFKVYYTYYHIROSMKTIOKLD RSGLIYFLYETWYKDINNCVCP NYNPEFGSLNKDIDIRLIEAVN EEGILLNHGNYYTVEEW | 85 | ORF175 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241027.1 2e-33 (70/85) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 186 | 121593 | 122201 | 749 | MIDEIKWDETLRMQUEEDVL SLSKFKNNTTGKEESEYGVG DESKWKVHPYTFTRYEVHPEGY VRLKDTKTPVFTKRYKELHHK POFISNIMDDEGKTHVALHL VADTFIPWYLOGYNTDSV GLKDGDYENKEAVKAYNLAWY VGRIGRNAMPKLMDEODRVL YFASIPQIENFRONKLOPKRFN YKTE | 202 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 187 | 122667 | 122413 | 750 | MEFKFEGTKKEELNKEVHNLLK VNYVYOVNFENEURNLIDIVE KDYLFSLSVDYNWLMEEKQKD GYNDLASAYEEYETYLN | 84 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 10MM

| | | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|-----|--|-----|--|-------------------------|-------|---|
| 188 | 123008 | 123316 | 751 | MDVKEIANTIMELWQMDGYRC TEPLYLESTLNHTRTYALIVSI KGNYDTYOMFRKTPIMSMRGQ AQPASMLVNVIDVIIYENV YGVQNKEIKFIEEI | 102 | ORF145 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241031.1 (99/102) | 5e-52 | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 189 | 123520 | 123807 | 752 | MTNKLYEEAHVCGNEUTAF RIPHDANGNPRVVFHMDLNK LADYDNINKLYGFNKYRAKWF GGGVFQSNTIEDTINFLDKV KEIBAVKN | 95 | ORF159 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241032.1 (76/88) | 1e-38 | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 190 | 123857 | 124048 | 753 | MKFIEKNNNSDIKTLWNIAKNG YMSQTVHNIFKNESEDEFIFNS KOTYNKFMLERYNRSAJQ | 63 | ORF221 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241033.1 (62/63) | 6e-28 | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 191 | 124566 | 124724 | 754 | MLKFKWNKNTKTSQTKDNILL NIFLR | 52 | ORF253 [Fago Twortus de Staphylococcus] | YP_238667.1 (21/38) | 0.012 | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 192 | 124794 | 124926 | 755 | MKFKTIENNLTKAENKGQAQN KNYRQDVTFLKANKVVKYSK | 43 | ORF297 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241036.1 (43/43) | 1e-15 | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 193 | 125091 | 125414 | 756 | MKFKTIENNLTKAENKGQAQN GRYYDGYRNGLEEKYTAIEIG NKLVMRHHGQTQIEIDLQMKI VSYGESENNSDRDSINTLVYCL GIAPNFRLPSKOLFYEN | 107 | ORF135 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241037.1 (97/107) | 2e-50 | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 194 | 125514 | 125915 | 757 | MFKLQNKVKEIVPPTYNTSGKEIS SPAIKEAVNNATKICGGCTTEI KGQWMSDDEQRIMEDDNLN EWYYDKGMODMDQGQLLQA LSKIAROLIVFEQEAIISKINGT LYIIDYEDILLLSYDLYELMFKN | 133 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 195 | 126409 | 126630 | 758 | MNRLEIVKDTAMEYLIMDMSV MDGVMATQEEYNEAVSFKEYD YTLSLEANQECFKLGKVLTFLV HEAEAYA | 73 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 196 | 126711 | 126848 | 759 | MRYEVITLVNGELFMFATFKKA EAEKTYQEWCDCLYQQENYSM EKN | 45 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 197 | 126919 | 127083 | 760 | MTKIKQLESQLERLERKSDEQ LANGYYEAERTCAQIRELDQ IELKKNSETV | 54 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 198 | 127321 | 127557 | 761 | MKLINRONEVISATLESVKQA LIWEYDHDDNNILDSEYDOEA VWTSKTLQSIKFADTMEDLQEYI | 78 | gp ORF194 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89187.1 (66/78) | 1e-30 | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 10NN

| | | | | | | | |
|-----|--------|--------|----------|--|-----|--|------------------------------------|
| | | | ADINWKLV | | | | |
| 199 | 127649 | 128122 | 762 | MNTNIKGFLQTEEASTVKDVAT HGVOSGAIGRLIYTSDDVKKFD RHYSDEAVVLDFLEGFTGORY YDLDYDLMRELEEHANVEFE DEDEYNNOFOLAENIASDEIEG FEDMDEAEGDAVIEAMDDE LEILDTKVDFVNLAIVEAAQO MOEA | 157 | ORF092 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241038.1 3e-63 (120/154) |
| 200 | 128202 | 128366 | 763 | MTIKEIINQLQAVENKELEIFVC DKEGNNSIKIDITLFDSEAEHTE NNPLGINY | 54 | Proteína hipotética EFP_gp130 [Fago phiEF24C de Enterococcus] | YP_001504239.1 0.001 (23/55) |
| 201 | 128378 | 128647 | 764 | LNIREVHNVVKSAKSQKLLQEQN NINNMIDDTTEELHRRTORS GTQMNINNTASYNSGSYGSLE EIREAYDLSSTNEIKEILLETF V | 89 | ORF166 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241041.1 7e-33 (70/89) |
| 202 | 128732 | 128953 | 765 | MRDLOERKRRELKTLFLNIAEK NRATDETIRSVLEAHQEVGN OLRKVRKEIELVEEKEERFWIN DFDFNGLD | 73 | 9p ORF003 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB888994.1 2e-28 (64/73) |
| 203 | 131537 | 129258 | 766 | MPHLKAYDKDEGNILAIQNYQT EGGSVIIPLNKPHTKYPQGEFY VSWEGDNYESEKTVVPEPFTTL ESSYEKITYAKOILTVPKPTAY DAVIDNGFTGTEFEWVKWSKGE PGEPGKPGFPGKPGEPGKTG EPGKOFIDRFTEEQDLSLRV VNPSDSNLQEVNKTMEDSLIVY PONGEDIRLYPSTVDKTYFSNIT IRNSIPENTMNPDSFTLNNSG WLFTYVKAVEKLAPGKTFSAKII TDDVDPKAASFETSIQDSDSY IQITIQLMKINDTFFAINNINPEN SSKISLRIDTROVTSPIVNIKQFL LFDGSSTKKHOTVNNEEFIGLI KEIDNMKISMKKETSYKIPUFTP VOYLIKDHPLVNNIFTDGLKFS TSLNMENFKLRRGGKSYVVGE NGNDTNGDLSQSTPFKTFKA QGINNINGDTLYVSDGDYFRVGG TLPPISAKSNIIGLSAVNLFM ADEPTWTKSGRDSTYEFTRS AVRVVDFNNDREFTNVSLD KVDTTLFSWYSDGTVVYNNNG | 759 | ORF002 [Fago 37 de Staphylococcus] | YP_240100.1 4e-105 (251/690) |

Figura 1000

| | | | | | | | | |
|-----|--------|--------|---|---|-----|--|-----------------------------------|---|
| | | | SIEPNKKVVPLSSOHLIVSSVP TOFYIENLNLYGGARPARFELN QDNSVYINNCVLSYASOVNGN GLEVGGKEVINNSVANNYM DGFMHYIGADSSKPLVIEINCTA LENOFEKGTAGTKSNNGSTTH DGLKAIRVNGIAYRNDGGRNAVD VNEGETESWNLGCTAFESYQGK DFQFSSGHAWLDSCHAYGST NSINSDPNSKTYRLGSYQNK LILGEIKY | | | | | |
| 204 | 131859 | 131602 | 767 | MKL YOVEHONCEPYEDNFHFR EDNYVTNKEKLUKREEGYRE ETNYRGEOFQEKPPRGEDGM DMITIHLNVDCOMNIKGN | 85 | gp ORF004 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB88995.1 8e-31{ 65/76) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 205 | 132119 | 131874 | 768 | MEFFDRTSTINKKPIEGAYIKKL ELDVOKGNPETLERWCVEINSL EELTEISKHEGEVINTRGDSPF SPYLEYYDYYRE | 81 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 206 | 132289 | 132119 | 769 | MERFKVKRUTTEEVRYDAETE EDAVNSVEYDEGTDTAHFNA EYGEWSYEKEEN | 56 | gp ORF005 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB88996.1 1e-19 (49/56) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 207 | 132273 | 132291 | 770 | MNKTFKAIGKNTLEYSKOGLG FLVALIM III SVELAEUQIPAGII YGLVALDINNNYFTMLTVWEFII LYGWRTODNKKPFPVLLKLDY LLTLYLTITATSVLESVLFLFVYL PFTGDTTRAVTLLSFLFLAVNR GICKVAKSYKEYKEEN | 160 | ORF087 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241049.1 4e-65 (129/160) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 208 | 133017 | 132766 | 771 | MIKPKHKEEVKQKDNIFIRHDV SGTIIKOKTKTNLNSFIGGL VFNGVKKFLESNKGOTSMWFKD NIHIDTVYKEADE | 83 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 209 | 133262 | 133017 | 772 | MAYEYKNIQDIDTENENYCID NEKELEELQEVYQAEAFDEV NEFHYOLNILESWNTLDQDC QTLKOILEENIKEEE | 81 | ORF103 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241047.1 3e-17 (46/51) | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 210 | 133682 | 133266 | 773 | MNIKYIDLVLENCDVVRLEPKD VKRFPHVGIGTEGIDYYGTSHISR TRRCYFGILDNPREISQVGFA YPOINTNAYEMITASYSDITAIUY DDDTNEYTTYDNEYDYYNN QKNEYNNMMLVETITESNSIEE EG | 138 | 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 | MIEKTEYIMFWGKEDYNSNFYP ITFKHKGRTRNNSEQAFMRK AQYKHDWIAQEGEILNAKHPNA KSLGRKVNRNNEQWNKVR DIMEVVKDKFMTHLKKOKILD TDLRKDFEAASPYDKIVGVSIG ANDPKILDESNWKGNQLGRV MEDVRVHCVVYNRFK | 164 | Proteína hipotética KgORF4 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024435.1 | 1e-84 (146/162) | Proteína de Ribofl conservada hipotética fusion, ribA/ ribD fusionada | TIGR02 464 | 2.80e- 55 |
| 212 | 134602 | 134204 | 775 | MKKRYFKGLKLIDFEKEFVGL KKNKYYKMKMKGRNEPKYWW NYDMSEFFIOLYADLNFAVESSN HVDMEYHTFTDIECKERTQIDM IKHLSLQFYHESMSDFDVOINE DEIEQVONKULDNFKVPSLWN | 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 | MAIYVVPDIHGEYOKLLTMKDI NNERKPKEITFLGDYDVGKRR SKDVNVYIFOLMSNDNNVVVTL GHHDDDEFVNMIENDRSINYD EWLSRYCIELTNSYGVSTVTLK YSSVEENLRSNYDFIKSELKKL KESDDYRKFKLMLMVNCRKYKE DKYIFSHSGGVSWKPVIEOTID QLWMSRDFQPRKDGFYVCGH TPITOSGEVEINGDMLMCVGAG VFRDIDLPIKLEGANS | 235 | Proteína fosfatasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024437.1 | 1e-130 (227/232) | fosfatasa | PHA022 39 | 6.31e- 126 |
| 214 | 135957 | 135406 | 777 | MVNVLPSVYDAEKGEWVVTLLA KPIAAEVFKIMKADYLEHKGNIG FFISKYKDGDSIEQHNVAVFY NEKOYDTMELTESELTDALNEY IDYTLGKRYKPFSLNNFHYLED YGYRLPVNFEDVUTLSEGOK FTYPRTSITNNASIVDAKUSED QYIEVKYNDHAIDDKLAHGN DTLK | 183 | Proteína hipotética KgORF7 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024438.1 | 6e-99 (180/183) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 215 | 136293 | 135976 | 778 | VERTLNLYDSKGKLLKSSEKIT GASAKIKEKLTPNTYSGSFKI SWTINGKESILTDPPEFTKSN EDKQEIVNTLNIDNSFVSET EPSOKSKLWFKPIN | 105 | ORF138 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241056.1 | 1e-51 (104/105) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 216 | 136999 | 136928 | 779 | GGACUCUUAAGCUUAAGGUA AAGCCAAACCGCUCAUAACG | 26 | Proteína hipotética KgORF8 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024439.1 | 2e-14 (25/26) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 1b | >137359 | 137279 | 780 | KYLLKHSEADIRSTS KMDSID KLT | | | | | ARN11-Met | | |

Figura 10QQ

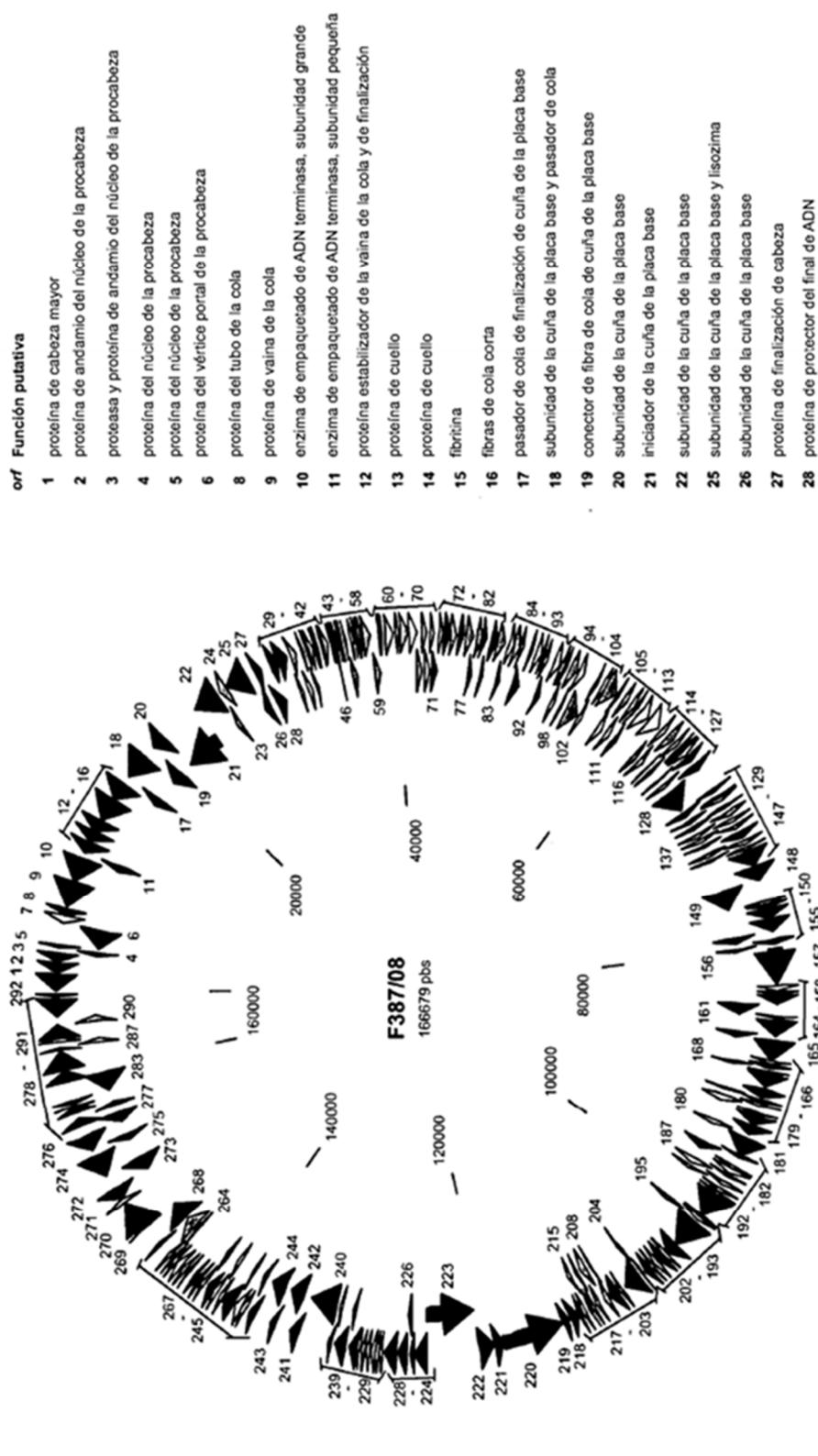


Figura 11A

| | Función putativa | | Función putativa |
|------------|---|------------|--|
| <i>orf</i> | | <i>orf</i> | |
| 29 | proteína de finalización de cola y estabilizadora de la vaina | 127 | endonucleasa VII del empaque de EndoVII y de recombinación |
| 30 | desoxinucleósido monofosfato quinasa | 128 | subunidad grande de NTP reducida anaeróbica |
| 38 | ARNt 1-Tyr | 130 | subunidad pequeña de NTP reducida anaeróbica |
| 39 | ARNt 2-Lys | 133 | glutarrodoxina |
| 40 | ARNt 3-Asn | 142 | factor sigma |
| 41 | ARNt 4-Asp | 147 | alfa-glucosil-transferasa |
| 43 | ARNt 5-Met | 148 | subunidad de endonucleasa de recombinación |
| 44 | ARNt 6-Gln | 149 | subunidad de endonucleasa de recombinación |
| 46 | ARNt 7-His | 151 | ARN polimerasa de unión |
| 47 | ARNt 8-Ser | 152 | pinza deslizante de ADN polimerasa |
| 48 | ARNt 9-Ile | 153 | subunidad de cargador de pinza |
| 49 | ARNt 10-Trp | 154 | subunidad de cargador de pinza |
| 50 | ARNt 11-Gly | 155 | proteína represora de traducción |
| 51 | ARNt 12-Pro | 157 | ADN polimerasa |
| 56 | ARNt 13-Met | 159 | inmunidad a la superinfección de proteína de membrana |
| 60 | ARNt 14-Leu | 160 | timidilato sintasa y pirimidina hidroximetilasa |
| 61 | ARNt 15-Ag | 161 | beta-glucosil-HMC-alfa-glucosil transferasa |
| 62 | ARNt 16-Thr | 163 | proteína recombinasa similar a RecA |
| 71 | hidrolasa nudix | 164 | chaperona de ensamble del vértece de cabeza |
| 73 | lisozima | 165 | ADN primasa-helicasa ATPasa |
| 75 | proteína de cabeza interna | 167 | precursor de proteína de destello |
| 79 | cofactor del radical glicilo autónomo | 170 | subunidad de ADN primasa |
| 81 | ARN endonucleasa RegB específica de sitio | 172 | dCTPasa pirofosfatasa |
| 83 | modificador ARN-vallí sintetasa | 174 | proteína de catápside extrema pequeña |
| 87 | timidina quinasa | 178 | ADP ribosilasa |
| 90 | regulador de la inhibición de lisis putativa | 179 | factor Srd anti-sigma |
| 92 | regulador de la inhibición de lisis putativa | 181 | ADN helicasa |
| 120 | tiorreodoxina | 183 | exonucleasa A |
| 125 | inhibidor de proteasa | 186 | modificador cef de ARNt supresores |
| | | 192 | subunidad de ADN topoisomerasas |
| | | 196 | protector rIIA de la lisis temprana inducida por profago |
| | | 197 | protector rIB de la lisis temprana inducida por profago |
| | | 199 | endonucleasa IV |
| | | 202 | proteína de disruptión nuclear |
| | | 205 | subunidad mediana de topoisomerasa II |
| | | 207 | promotor medio activador |
| | | 217 | AsA anti-sigma 70 |
| | | 218 | holina |
| | | 219 | catalizador de montaje de fibra de cola larga distal |
| | | 220 | proteína de la cola en forma de L |
| | | 221 | conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga |
| | | 222 | conector de bisagra del conector proximal de fibra de cola larga |
| | | 223 | subunidad proximal de fibra de cola larga |
| | | 224 | subunidad proximal de fibra de cola larga |
| | | 225 | RNAsH ribonucleasa |
| | | 226 | proteína de unión de ADNdc |
| | | 227 | proteína accesoria de transcripción del promotor tardío |
| | | 228 | cargador de ADN helicasa |
| | | 235 | proteína de unión de ADNmrc |
| | | 237 | dihidrololato reducasa |
| | | 240 | timidilato sintasa |
| | | 241 | subunidad grande de NDP reductasa aeróbica |
| | | 242 | endonucleasa II buscadora |
| | | 243 | subunidad pequeña de NDP reductasa aeróbica |
| | | 244 | ARN ligasa A |
| | | 245 | inhibidor de la transcripción del húesped |
| | | 250 | polinucleótido 5'-quinasa y 3'-fosfatasa |
| | | 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 | Pus- ción de deten- ción | SEQ ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-----------------------------------|-------------------|---|----------------|---|-------------------------------|--|---|---------------------------------------|----------------------|---------------|--|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad (379400) | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 1 | 1321 | 2 | 782 | MKKNLIEKWOPLLNEALPEIV GASKKALIAKIFENOEADINOAP EYRDEKEIAEFGSFLSEAEIGGD HGYDAQNIAAGTQSNTGAVTOIGP AVMGIMVRRAIPNLIAFDICGVQ PMNSNPTGCOVFAIRAVYKGPL AAGAKAEAFHPMYAPDAMFSGQ GATEKFEAVKAGAAALTVGDIVV HDFAGTGRAHLQVEDFTVDA GATDAALKDAAVTALEAGKV EIAEGMATSVAELQEAFNGSKD NPWNIEUNGFRIDKQTEAKSROL KAOSIELAODLRAVHGMDADA ELSSILATEIMLEINREVWDINY SAQVKSGMTOTVGSKAGVFD FQDPDIRGARWAGESFKALLF QIDKESAEIARQTRGEGNFIIA LGRGYNNTDTIKAVAGVLGGR YRVYIDDOYAROODYETIGYKGN | 440 | Proteína gp23 de cabeza mayor [Fago IME80 de Enterobacteria] | YP_00373431 4.1 | 0.0 (379400) | Proteína de cabeza mayor | Proteína de cabeza mayor | PHAO25 41 | 0.0 | |
| 2 | 2154 | 1342 | 783 | MLKELLMTEAKTIDASVALDSIF ESVOLSPEAKANFSNTVFEATVK KHAVLAESHIEKIAKEAKVE EEKEKAKEAREELKEAASKYF DHIAAEWMAENQAVORGKIKAD LFESMFVGKMKELFYEHNVVPE ESVDVVAEMIEELAEQKAETA RLFEEVSKRDEYINAOREYAI QEATRELTDOKEKVVSLTEGM DYSDAFESTKLKAIVEMVQGSVE QSVTESADINTIDKEADGLNFTT EAVEETPATKTPSPVMDAYVAQA ARLS | 270 | Proteína gp22 de núcleo de procabeza [Fago IME80 de Enterobacteria] | YP_00373431 3.1 | 1e-89 (187272) | Proteína de núcleo de procabeza | Proteína de núcleo de procabeza | PHAO25 57 | 5,11e -58 | |
| 3 | 2837 | 2187 | 784 | MENLIEOLLIIEHWGQPGDVID KPMILESIIVEGENESGLKPGLYI EGVFMQAEVNRNKRLYPKRIL ETAVSRYIKEOVATROALGELN HPPRANVDPMOAIIEDMWKK GNDVYGRARHIEGDHGPDKLA ANIRAGWIPGVSSRGLGSLKDS GKGYNIVQEGFRLTVGVDAWW GPSAPDAWVQPKOISENTSQAQ VANSADDAMFMALEKLIKAL | 216 | Proteína de núcleo de procabeza y proteasa [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861675.1 4.1 | 4e-95 (175212) | Proteína de núcleo de procabeza y proteasa | Pepidasa_LJ9 420 | 2,86e -88 | | |

Figura 12A

| orf | Posi- ción de inicio de dete- cción | 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 | MILPENHIELVIDTVALLPEAQ ARFDKLSAALSKDDINKIVENLV VSEPDIAIALGSINESSLQNEFIV KHVDGSKTITRKDRKTRERNA FQTGGLSKAKRQRQARKKAVKS RANPSAQTRGLRKRRKALKR QALGIL | 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 | MENYSAIESRDLVAAKKAFFGAI MAERTSGLIERKKFIAASVMIE GEEPDEDEDDEDKSDKD 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 | MAFHILDAPWEKRDSEAKEYQ QINNDLSEITAPKFDDGAREVE SNEEQYNSENFNMFGSNEP GMKTTADLINTYRSILMNNYEVD NAVEEVSDA VVYDGHPVVSL DLDSTDTSQAIKORILEEFNTVL TCLNFERKGADHFRRYWYDSR IFFHKVNNTKMKDQIOLRRLD PRNLOFIREINTADAGTKVKG YKEYFYDTGKESYYADGRQLYS AGTKKIPRDAIVYAHSGLVDCS GONIGYLHLRAVKPANQKLLED ALVYIYRTRAPDRRYFYIDTGNM PSRKAAMHOHIMINTMKNRVV YDASTGKIKNOOHNMSMTEDY WLQRDGKAVTEVDTLPGMSG MSDMDDVRYFRTALYMA LRV LSRMPDANNOOGVYOFDAGTAI TRDELDFAKEIRRLQHKFEEIML DPLRTNLILKKVLSKDWEDEIN NIKIVHKDOSYFTELKDAEVMER RINMLTMAEPFIGKYISHKTAMK DFLOMSDEEIEQAKOIELESK EARFQDOQEENEDF | 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 | MFC TYTGNKLPRRYIGSTS VSRIDENYHG SVKSKYDLW KSE QHDNPHLFKTRILNTYETR EEASKAELELQI KYDVKSSYYI NIMALQPN GFFF GMSTKGRKMS EESKEKORHORL GKRPDHSIK LSGRKRDPDH SKAMSGERNPMF GKEHPNKGK KINOPRMTCPVC | 195 | No se encontró una similitud significativa. | - | - | - | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 12B

| orf | Posi- ción de inicio deten- ción | SEQ ID NO.: | Sécu- encia de aminoácidos | Término (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--|-------------------|-------------------------------|--|-------------------------------|---|------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 8 | 6203 | 5712 | 789 | MELTDITRAFESGDFARPNLFE VEIPYLGRNFNSFKCKAAPPAG IVEKVP/GYMNRKINVAIGDRY DDWTVTYNNDDKHEVRKAIAW QAOQAHAQGNDISGMTPADYK VATVRQFSRDGKTITNEHTITGL WPTNVGEV/QMDWDSSNNEIETF ETTFADWWE | 163 | Proteína gp19 de tubo de cola [Fago KPP95 de Klebsiella] | ASS46617.1 (162/163) | 28-92 | Proteína de tubo de cola | PHA025 51 | 5,59e -72 |
| 9 | 8304 | 6331 | 790 | MPLVSPGIELKEITSVQSTVVLN ATGAAAVGKFQAVGPAYQVTOI TNEVELVDMFGGPNQNQTADEF MSAMNFLOYGNDLRTVRVNR EAAKNASPLVNIEWTTTAGS NYEVGDKITV/KYADQTVDDTGS VTEV/DSDGKIKSVF/PTSKVAYA KSINQYPDLGSSWTTTTSQSS GVSAVITLGKISESTVLLTEHET AHEEMTKTEFOATALAQYKMPGI KGEQLTYPSGGQRASTAKAVF GYGPQTDTQYAIVRDGAIVE SAVLSTSROQDKDYGNNIFMDD YFSKGSSRYVFATAQGWPEGF SGVIRLGGGVSANESVTAGDLI QGMWDLFGDREALRVNLLAGAC AGETDEIASTVKHVSSIADER QDCLALISPRSTIVNPLTRAVD NLIDWROQDGDTYDSANMINNT YAIDGNYKQYQDKYN'DVN/RW VPLAADIAGLICARTDDIAOPWM SPAGY/RGQOLNCKLAIERPROA HRDRMYQAGINPVTGQGTGEG FILEGDKTATTVP/TPFDRIN/VRR LFNMLKNIGDSSKWLQFLEND NFRSSFRMETSQYLAGIKALG GVYDFRVCODTTNNTPAVIDRN | 657 | Proteína gp18 de tubo de cola [Fago KPP95 de Klebsiella] | ASS46616.1 (645/657) | 0,0 | Proteína de la vaina de la cola | PHA025 39 | 0,0 |

Figura 12C

Figura 12D

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ | ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------|------------|--|----------------|--|--------------------------|------------------------------|---|----------------------------------|--------------|---------------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E % identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 10 | 10176 | 8338 | 791 | MEQTQPFNVLSDAHPLNDGKL TVIRHPSEMETKENGVRFFKS QWDKWKYPEKFEDYKLHGV KIRLQGEDPAHFQTFKDKNKR TRYMGLPNLKRAKNIKMOLTR VAEWKKCRRDIVYFAETYCAIT HIDYTIKVQLRDYORDYLEM AAKRMTCCNLSRQLGKTTVAI FLAHFVCFNKDKAVGILAHKG MSAEVLDRTKQAIELLPDLFOP GIVEWNKGSIELDGSSIGAYA SSPDAVRGNSFAMYIDECAFIP NFIDAWLAIQPVISSGRRSKINTT TPSGLNHFEYDWTAAVEGKSGF TPYTAIWNSVKERLYNDEDMD DGWQWSLQTISASSLEQFKQE HCAEFHGTSGLTISGMKLANDM WIEVTPDSHGFYKFKEAEADHK YIALDSAEGRQDYHALNIDV TTSEWEQVGVLHSNTISHLILPD IVIKYLMENEAPYIYLNSTGVS VAKSLYMDLEYENVICSDIVLG MKQTKRSKAVGCSSALKOLEKD KLIJIIHRATVOEFRTFSEKGVS WAAEDGYHDDLIMSLVIFAWLT TOQKFAFVDKDEMRLASEV SAEYAPQEHGLSFSV | 612 | Enzima gp17 de empaqueado de ADN terminasa, subunidad grande [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049776.1 (506/608) | 0,0 | Enzima de empaqueado de ADN terminasa, subunidad grande | Proteína grande terminasa | PHA025 33 | 0,0 |
| 11 | 10663 | 10154 | 792 | MSELQLOMAKLLDIEGPGIEGQ EIPVYEKIELVEVKSNPNPDRKP DLEDDYSVVRKNMHFOQQML MDA KI FLETAKNADSPRHMEV FATLIMQOMTTTNEKILKLHKEM KDTISSEQVGTGKGANPQQGMN IQNATVFGSTADMDEFGDA YEAOEAREKIVNGTDSTV | 169 | Enzima gp16 de empaqueado de ADN terminasa, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049775.1 (130/160) | 0,0 | Enzima de empaqueado de ADN terminasa, subunidad pequeña | Proteína pequeña terminasa | PHA025 85 | 2,22e -59 |

Figura 12E

| orf | Posi- ción de inicio | Posi- ción de deteni- ción | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------------------------|-------------------|---|----------------|--|--------------------|------------------------------|--|--|---------------|---------------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció n predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 12 | 11484 | 10660 | 793 | MFGHWYNSSSLRRYVILLGDLFS HVOIARWREDTGL KYKVPIYA SKEKFLSQLGKWTAIQSTENKA KIEIVLPRMINLHVDMQYNAHY KTSQLNRTKSYKTPSKITSQYN PTPIKMFIFELGIYTRNODDMYQII EQNPYFQPHFNITTELYDQDT SFNRDVRLVQLQSFSQDEAVGD NITRRLLEWSLMFEVNGWLYP PVAEIDGEIRTYLDFFAANSKELT PEGNFESVSDSEVTPRDVQHEN WDGSSKOTYSHDIPV/NPEAP GPRGEK | 274 | Proteína gp15 estabilizadora de la vaina de la cola y de finalización [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292250 8.1 | 4e-113 (194/273) | Proteína estabilizadora de la vaina de la cola y de finalización | Proteína estabilizadora de la vaina de la cola y de finalización | PHA025 56 | 3.5e- 117 |
| 13 | 12302 | 11526 | 794 | MSTFDSSLFAKLEDYRGYNKTN ETEILNPYVNFYNNHRSNQTLAD ALSAEAICMRGIEFYFLPREYNN PDLLFGEDPSSKFTKAWKFAAY LDSFEGYSGDNNTFFSKFGMMV NDEVNLNTINPNLFKHOTNNSEP KAGDLYPPMDNSLIFEINWVQP YDPFYQLGQNVRQKTAQYIY SGEQLOPELQRNEGINIPEFSE LDLEPIKNIDALADISDIOYAESD EINKEASEYHPYYUNGRGLE SPPKADSFDDGFFE | 258 | Proteína gp14 de cuello [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159529 0.1 | 4e-115 (199/258) | Proteína de cuello | Proteína de cuello de T4 | pfam11 649 | 7.29e- 94 |
| 14 | 13247 | 12306 | 795 | MSYNTYNPKTLKDAILRRLGAP VINVEETDQIYDCIORALELYG EYHFLNGLNKGQVFYIGKDEAD NARFLNGVFDLRLGRNVFAVTOI VRTNVGSLTSMDGNATYPWF7 DFLMGMAGINGGMSGSCNKSY GPNAFGADLGFTQLMITYWSM MODLLAIPLPDYWYNSDNEMLK VMGNFMKGDIVCECWTKSFM NTDAMVGNTAGYGFAGPQTAD HWGLGDRYONPDLRNNGQYA GEGNTNREGAYNNRWRVKDYA TALTKKLWGEILFKHQGLOLAG GVTVDDGOTLKVEAQEEIERLRE ELDLLOPGCPILLG | 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.: | Socuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|------------------------------------|-------------------|---|----------------|---|-------------------------------|------------------------------|---------------------|----------------------|--------------|----------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e Identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 15 | 15071 | 13305 | 796 | MTKLVDSLPEVDGIPDDEFQQRI NVIKNTTEPLNGASTRYGNDE LNRAVSQICKKNVQVHNLDLNNV GTAVENIQDVDOIKKSLEITGS SDAIEQVYINKKNIEKHDGQIQL EEDTEKLRLTDLFLEEDVGYYD SSKDQYYRTYRDNIWVWKREIG AYPGQDINGQOPKQDSSPGSGMK YRINNINASAVVKHDERIOALEDAY NDSDVGSLTIEVNIDLRKEVGPK SGATSASIYARLVNNADAIASAAN NEIFAINOQADFNPVKIGARTTR LENDYRIVDATLNFAGTGGLVPR VNNIDARLGSQSSDKPDTEIGKISS LSTDQGYISDVVGRTDSQGLQG QVWINQGVIPSEQIPPPGSIL LARMTNVEGMQNSQOSAIODI QVELGINNNEGLKGGSVFTLQTO MNGDFSSSENVPQRDGVATVY ELQDKFVTAVTDVEQAGAYLRK QGEWFKKPSSIGEFSKEDFTVO LSSDALVNPNSLVAAPFNAGIRI VDDIWDDOGIVFCVETDVEIA SDSDKGVKVIVLVNNIEVSYGL GVKAVTGEQLIKTTKLIFFSSGD AIKVYRAASEEESQVLVKIKSLDI TIHPAV | 588 | Fibrina [Fago KP95 de Klebsiella] | ABH10666.1 (221/225) | 3e-124 (221/225) | Fibrina | wac, fibrinina | PHAO26 07 | 3.25e0 -111 |

Figura 12G

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ | Siguencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|----------------------------|--------|--------------------------|---|-------------------------------|---|------------------------------|---------------------|---|---|---------------|--------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 16 | 16426 | 15080. | 797 | MAQNINNYHSDOLAKYTIFDPTN TDTGLPVASPTVAGVIRTAQAEVDAGTIGNAAVTPATLKSTVT RPEATTIVLGLTRYATNTTEAAA LTAGNRITTAALGHVFKTVKA QENVDGTVRLTTAAQAQAGTDETTAVTPKRVVEMIGKFVSVP SYTSATESNLGLVRVATQAOQVA AGAVHDGYAVTPKTFMASKAS DSVFGIVVFAKOSDVAATSNN LAVTPKSIQLALKSTKDQYGLTR LGSPTTDASLAAAATDAVFKTRRINGKTLDNDITITNDINCYT RQESDGRYMPAGTRYGNVTW VEGQSWIISRGATFTCNAPWEA SSRLALNVVKFERNNDGYDN RIFRFVVMNGSQWIGGELTLNIE NTKGGRNIGHSWRFEAYASSNF FFNNIPPNAVVQIRPTEDSRIFY DCMLTFCCTNRP | 448 | Fibras gp12 de cola corta [Fago KP15 de Klebsiella] | YP_00358004 3.1 | 28-52 (123/310) | Fibras de cola corta | Fibras de cola larga, subunidad proximal | PHA025 84 | 3,81e -17 |
| 17 | 17097 | 16426 | 798 | MTIETKTRREGAKVNSRAAFSE YRVDPQNIAVGNTAPQPSLTFE QMDLGWVWPNTAEAANDLMSL OSAEIGTICNDTGSPOPAQQT RATFSGVVALEPKEDGSVGDP VIHILGLPRIANGDDFAAVATR WYDKVKEI EAVGKVVOQVTO PATPQYDIIHLDYQNHNFETYK KYGLTVEFTITSPAKAGYQW AIGNESKTFGANFTFHFRRM G | 223 | Pasador gp11 de cola de finalización de curva de la placa base [Fago RBS1 de Enterobacteria] | YP_00285411 5.1 | 56-27 (68/215) | Pasador de cola de finalización de curva de la placa base | Pasador de cola de finalización de curva 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 | MKQNLIVGQSVDDGSSGDYLRK GGLKINNFDLSELGDGSVP FAAGAWKTFKASPTGTTNAKF GOAFAINTQAARAVNVQLPKGTA NDYNKVILRDWSTWRLSPIT VPAQGDTLKGASAPKIFNTNFQ DLELVYCACPGRWEIENKTVDK LTNGNLSTVAKKSIATAGQTDF LNIFDGVEYNEDSLNYRRGNIL YYGETSVMDKANADYGSPGT AGQLVELINGKDIDLKPCVCEGE VITFETFLDGIGVYRSSYNKLAI QIRDSAQTTSQTIPGSIVDNLT LRRITLDOMGVLPGVGVNPNSL EISLNGKELLEAGTAGAAGPLFYCE GAEFGGYAEDCINNGSQMVNS NQDYRLEFDSTGTNVEAIIIFGEA FEDKDLITVRWFNNNIIGTTMDI DDIMAETDQVYVMNAEQVLTKN RIEYTNYDEPNQKMRPVADDI MIKVNNIAAFFDVYPIGTYENA HNHANPADYMGFMGWKLYSQ GRVTAGWNNDSSDPYFSRNN NNLNENGQPSLTAGGTVGDLT FTLGKEHIPELMSRDKVLISDPE HGSVYIGGCQOLDPDAOGPGYS KYREDTVAVNINGVVNPDTIKQ PTTIVYRNIRVG | 607 | Subunidad gp10 de la cúña de la placa base y pasador de cola [Fago KP15 de Klebsiella] | YP_00358004 1.1 | 0,0 (323/611) | Subunidad de la cúña de la placa base y pasador de cola | PHA025 82 | 0,0 | |
| 19 | 19833 | 18922 | 800 | MYTDKGKKIUDVGEGNASTGDI LYDGGVVKINDNFDAINYNAFDQ RLFAAGGGALNOKIHATSYYQK IKFGDANSAGTVPMSGCIDADC SEGAIVOIRLSKGKAGEAVFVN SNGSASKARSIKITTINGEVAUD AFKDGSRRELIINTPRCIELWCV EVKANGAAVWDYSSISMFGST YSPLEATYNLTSSPINRLGYND DYSTVKLLSFSSANPQQTIKR QSSEVMLMIDPTTSSAPNGRV FDTEYAVLRSSESENEMKYSI SYSINAQKDLCTASTSYGNARL AVKVIATQTV/GV/SQ | 303 | Conector gp9 de fibra de cola de cúña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159528 4.1 | 6e-60 (134/302) | Conector de fibra de cola de cúña de la placa base | PHA025 81 | 6,6e- 67 | |

Figura 121

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | Dominios conservados |
|-----|----------------------------|-------------------|---|----------------|---|------------------------------------|----------------------|
| | | | | | | Valor de E e identidad | Valor de E |
| | | | | | | Acc No | Acc No |
| 20 | 20924 | 19899 | MISNTRASSTRSITYRAITTSKFRTEKMTFYKSIGPQTQNTLYVSFGKSTPWSDNSEPGFAPPYPAIDNGDGVVDDWVNTNMGAVKIESSMLDCVVRDWDGDTRYPNPRTFLIGDIVAANSAPYNRTDAGFGWMVYRCDVPKDGMCSI GNLTSKEECKLGGKWTPTSGSAPRGRGGDANGTVLDGDGYLWEVLYEIPADVISNRCTNEYIVV PWPEEEIEESPWRWGFFONNLTWQNDNFNLIYRMKCNTRFKAYLDAVYFPEFSLPQGNTGFRQLITNPLEVKPMPNSPNVKAEGKWSASGLERQSSEGIMYMENRQPILRSMQTEELNLIFEF | 341 | Subunidad gp8 de la curva de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159528 9e-146 (238/330) | pha025 80 |
| 21 | 24015 | 20917 | MTIAPEVTSLRHKLSANQVNIRWDVGANFYFVELAETRNADGEIPADNLSWSSLGTYADNDFEONRIEPLTYKKMRVQTTSAGFEPSEWVETEEFQTFEENAYTFHMOEFFSLVKEFIQKQFSLNMMSYVNFTNTSAMMASLMTESFQFSPYEYSHLSAIEFNVFGVGESGYHEIQGPIEAVCVDKNRTMLGEIDGILYLFERFQHMVKVSNDKGQNWQYVOLFNDRVGNPVSRLVYQSTSISVLGYDKIFYGRKSSDVRWSSNEVKFSDNIEVTFAKLGDQLKLGFEVELFGTYASLPADVTKYAEFTCNDDHLYVVAKDVTVRVKLKDPAPIDTDLSPTFGEKVFKEASHITGNPKSVCFKMDSVG GKIFALITGEVKTLGLDPTDPRNVDSATKGVYYQQEDNTWKRVFGNTDEEKRIEHLWTSMSTDGKEIFFSSANFKTTEYTQDIEETKYPELLISTAVKVNVPIQYHSKHYHAMMSFRADEFSRWETFVPGPMRPFYAEPWFVMMAREGNRCWISTADHAWVINDILYOKRVDAAOGTTERVLSIEWDKGDAFYCPVUSFNGFLOYASGIMFHEP | 103 | Iniciador gp7 de la curva de la placa base [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373429 0,0 (667/1029) | PHA025 79 |

Figura 12J

| orf | Posi- ción de inicio | Posi- ción de deten- ción | SEQ ID NO.: | Siguencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|------------------------------------|-------------------|--|----------------|-------------------------------|--------|------------------------------|---------------------|----------------------|--------|---------------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e Identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | DGKLIGYYAFDYRVRDQVTLN WKRPTDVMIFKAFLQLNFEQFCKYLQDFL TPEHTPGLRDPDLRPLTYLTKMM PSYLLQLQDSNFQFCKYLQDFL SDGNGOTHYNNSLVLNKVNPRL EENAWEYLWSEVYKRNIVLSKD ARDAVVRFEARNDYATKGI EDSYKFLFKLYNEDVDEIDESK NTTEYDIVESTNISDDLVGRITY TASGRSNVTVTIERYRDGRLLW RITHNLSGRFIEGQEIKSERTDF EGIIVQGVRGKDMISNNIDYINR SRSYYVMKIKSQLPTSRFRDDV LRFVHPVGFFGFIGITLLTMFINS GLNMKHKVETIINKLKNYKWDAG LPSVYPDRVIAASDOTTIERDPT NEPRYSSRAQAGEPFPLPANY NOENINNSIIAGQNFGQRKPLS PTFDQSAVTFANYRDLYNQRLK DDAGNPROOPENPTQVKIDE | | | | | | | | |

Figura 12K

| orf | Posi- ción de inicio | Seq ID No.: | Sequencia 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 | MAIKEPLNYQLTRANAIPDAFT GATFDEIKKNQLINWLSQKEFQ DFDFAGSRNLVLLDIALNTYI QOFSNTALYESFIGTANL RSSV VQAQQNGYLPPSSQSAATASIM LEVTHMNPSSSTLRVVPRGTFK LAYSKSDKANPYNFVVTENVVA IRNDQKYMPIVNLAQGRHRTQ LSYDPKKPKIVIRDOSIDRKVKL WWDGAETWNWTDRSMVHAASS ISTIYYMRETDVGNTTEFFGEG VAEASVAGGVLESNFIGGLKPT KGAVQVIEYIYRTDGEAANGATE FSYADTLQYIVVNRIENWSDSP DYVGADGGGEPEDEIERELAQ IKRESQMRCSKTDYESFVSSR FGSIVQAVQCFDQDKPGYAFI AIKPXSGILOLTAVOREDIQDYLK PFCLAPITPSVMSPDYL FIRHNI KASYALNKLQESEQWLQSKII SINRYYYDEVEMFKNFSKSKL LTYIDDTDHSILGSSVDIQMVREI VNYFTLPSAGIKYYNTUTPRTLR SGDLVFTVPTAEPYPSVNIVGT DPPDKNGKGNMVGPFKP GDIKE NTHIQPYTENDFRTTIGERTR WYKIGEVDDYGGDNIWWSLGAIG ADPLQFEDQSIELYSTPTQDIVF ARDGTIVFENDLRPQYTTEK PITO | 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 | PHAO25 53 | 0,0 |
| 23 | 26263 | 25997 | 804 | MAGLSFNKCLTAGHSAYPPTEV NATQSKVFTGGIAVLVDGDSITP HTKTVDPHDTHGGVOPRTSK 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 | MAIDLPIINTLIREVIEGEVVEQY FTAQLSTNETLKSNINIYDQPVSD ISVSETHYKGNNYSVFTGNDV LKYREGDELKSASAWEDELNP KTADLYLWKAPRTLEKTFYYT EIYVTTEESSGGSSGGSSAPIT EHKKKQKIKYSQTVKGWNWSRWGD OLRAYYAGN | 167 | Proteína hipotética EME08_9P142 [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373429 2.1 | 2e-40 (86/177) | Protána hipotética | PHAO26 06 | 4,54e -48 |

Figura 12L

| orf | Posi- ción de inicio de ten- ción | SEQ ID NO.: | Siguencia de aminoácidos [aa] | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|---|-------------------|----------------------------------|--|--------|--|--------------------|----------------------|--|---------------|--------------|
| | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 25 | 28500 | 26770 | 806 | MIEMNDSLKWFTGVVVEDRQDP LKGRVRRVYGLHPFEKVKQG AITGLPTEDLPWMSVQPTNSA GISGVGSISITGMVEGTSVFGLW LDEFKTAGLVIGTYSAHRTKTP NYTEGFSDPTGQYPROVGSDT NPLVQGDGETGYSAIPNIQDRNL DGINPDDADLSDIPEDPNPAITI TDMLNREGLRKVYWDTEGY PTVIGHILIMAQKVRDMSVINKT LSNOVGRVTGNGPGLTMDEAV ALFKKDQRDKMLSDIKTNRSVGP VYAKVKNKSROMALEMMSFQMG VGGLAKFGKMLDAMLIGDWKT AYTEARNSVWFNQTKGRASRV SMILTGNMIESYGVPAKPEGK NLSAAAYVEPKSGGNPEPDWPWT EDSRILFKEPESSYNGQYPVYH TMETESEGHIQEFDDTPGYERYR IVHPTGSEEVAPDGRRTRKTV ADLYDMTQDGDNILISGDKKVN VGGNETYYNMYNRROQIDGDN TLVVRGNEETKIEGNGTIFVGN IKIVVEGNADIOVINGDATTKVGD NHDTVTGGNLTWQVAGTVNW NVGGAWTTETMASMISSIAQQY TVDSRIRDVG | 576 | Subunidad de la cúña de la placa base y lisozima [Fago RB32 de Enterobacteria] | 0,0 (391576) | | Lisozima similar al bacteriófago T4 | cd00735 | 4,39e -65 |
| 26 | 29135 | 28497 | 807 | MLFSFFSPIDYSAKTVKGAKAK AIPTADIFFNRNRYKFDTVAENYL LQTYISGAPRPEELAVIYLIGNS QLYVILLMACNNVYDPRFDWIKT QDACYQFAAQKYADVGGDQIL YHVDAYGNRYYNLEQYPENS WYWDKGDFNHQYPOYTGALAG VDIYEDSIENEKLQRQININPSDI EAFLSDIREMEKAPDSEYESG RYKSQTIGEVL | 212 | Subunidad gp53 de la cúña de la placa base [Fago JS98 de Enterobacteria] | 1e-66 (121199) | | Subunidad de la cúña de la placa base | PHAO25 | 4,62e -75 |
| 27 | 29185 | 29634 | 808 | MAYSGKFMPONLHKYKGDFRK ITYRSTWEQYMMRWLNDNHPDV YQWNSEEVVYFYSNAQGKKR RYFMDFWAKFSNGQQFFEVK PKKETRPVVKPTKLTTSAKKRYI DEYTWSVNVDKWKAAQATAS | 149 | Proteína gp4 de finalización de cabeza [Fago JS98 de Enterobacteria] | 2e-67 (1221149) | | Proteína de finalización de cabeza | PHAO25 | 1,15e -63 |

Fig. 12M

| orf | Posi- ción de deten- ción inicio | SEQ ID NO.: | Sекuencia 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 |
| | | | KMGIFFLITEDSLKKLGWKG | | | | | | | | |
| 28 | 29634 | 30461 | 809 | MAIEFITEAAESPKAKSRSSENO WVALGVEYSAARKKKGMTSKSF AESKGGINPATFSKAMARHASRI KTAIKVAEIEKKPANKMTKQERA LVMVNSFRSSIKDKIRNEGAAV NNKSAKWFAEITKKNIRGHHSV KPQPGKLAYAMYDAKHKTDTLP FWDKFPILIVYLGLGKQGTTLM YGLNLHYIPPIKARQQFLEELLK QYANTPVISNKTRLKNWSCVK GFAGADKMIKAYIPGNIKGALIEI KPADWANVVMLPLQFMSKGK RYSATSWKs | 275 | Proteína gp2 de protector del final de ADN [Fago IMEG80 de Enterobacteria] | YP_00373428 8.1 | 1e-188 (200/277) | Proteína de protector del final de ADN | PHA025 77 | 7.34e -107 |
| 29 | 30461 | 31063 | 810 | MSTGLFNFQNTNTNFILEVPDG LTQAFKANLQTAVPGHIIPATD TVGSPQGMHRAKLPGGSTPEFD AVPVRFELVDENLDSSWVQMYKW MLSCQNYIDRKSGWNNNGE GFPGAVLMHVLDNDKHDIVLTV RYIGGWVSDLSSEIEYSLTEED PAMWCVATLQKYIEVKDGGIT GRPSVNDRTESQQQKVGMG HPMSMR | 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 | PHA025 76 | 7.95e -65 |
| 30 | 31068 | 31811 | 811 | LKLLFLIGKRSKGKDTTADYMD NYNATKHKLAGPKDALADM TEWYRDTSREFPRTSMIEGID YDREQDLNLSTKDVIRMANIAE YVHHDLPLPGVYYDNKRKILDG DTMEVIRKVVKNPVEPWSSRL MOTLGTDIVCDKLDRMWVKR FTLV/MADTFGDYDFIVPDTRQ DHEDLVVARMGATVHVRPEQ EGSKKDTHVTERGLPIREGDVI TNDSLEELYSKINTLGIONDY | 247 | dNMP quinasa gp1 [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_00285448 0.1 | 3e-69 (140/252) | Desoxinucle- ósido monofosfato quinasa | PHA025 75 | 2.45e -65 |
| 31 | 31801 | 32034 | 812 | MTTEQLQAQVDTLKVRFDSL TIOGLISALRAQYEEVLQKLIAVS GVEIGEDGQVKLDDLVAKIEAQ | 77 | No significant similarity found. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12N

| orf | 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 |
| 32 | 32034 | 32489 | 813 | MKFSDFSTGLYVAAKFSKETLD AIEDLORELIKVPNPVPRHKIHT ICYSRVHVPYYCAGSFEVATS GKLEWWDTDQDGRTLVLKLDS YLKFRHQYARALGATHDFDPOVS PHITLSYNGVPAHFEGEVQVPPV VLDREREQEPILKLNWSEDLK | 151 | Proteína gp57B hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049750.1 | 6e-67 (120/151) | Proteína hipotética | PHAO25 74 | 4.25e -65 |
| 33 | 32486 | 32869 | 814 | MKSYQEFLMTEALLESTLPLDY MVKSENPKVNGYVKKPFIASVKP GADMNSNDAGISVKVNQGKFINYN SAKKSYDAKMTFSGGKEKVVKNI KLDYDESAEVSKKRFGDKLVKS IMVHPITFKRDTFTELYK | 127 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 34 | 32935 | 33114 | 815 | MKRCELIRINVASAICLTAVGTSI FGAIFMGAKEMIVVLAFLMG SISFIMDKISHEKD | 59 | Proteína ARNt:4 de membrana predicha hipotética conservada [Fago Enterobacteria] | YP_001595227 0.1 | 5e-07 (31/59) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 35 | 33101 | 33280 | 816 | MKKIKQWFVKTYDOLGREENVTKY DYVTLGVGIGALLAHLSSLLAI AVLILAHYHSWRK | 59 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 36 | 33280 | 33465 | 817 | MYALLTWNSNYPAPGSDDQIRG VYSTVEECYEAQGTYQDYFEI LNSRFETVAKGSTEAYKD | 61 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 37 | 33482 | 33832 | 818 | MNIRAAFTFYQENYKLLSHYEY YDAQGVIPPSDLVTPKVKVKTDS LDNEIQPGDLVSYCGSLSAA SVGILLGFTPKGYRVVVFHTSPI PEHRVLLSHMDSPHRVFLVSK SSPIV | 116 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 38 | 33915 | 33998 | 819 | GGGGAGUAGACCGGUAGGG UAGCGGGACAGACGUAAA CUGUUGUCUCAAAAGGCUCGA GUGGUUGACGUCCAUACUC CCCA | 84 | | | | tRNA1-Tyr | | |
| 39 | 34009 | 34082 | 820 | GGGAUACUAGCUCAGUUGGU UAGAGCACCGGACUUUAU CCGGGGUGUAGCAAGUUCGA UCUUUCGGUGUCCCA | 74 | | | | tRNA2-Lys | | |

Fig. 120

| orf | Posi- ción de inicio | Seq- ID NO.: | Se- cuencia 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 |
| 40 | 34091 | 34172 | GGGUUCGUUGGCUGAGAGGG UAAGCGACGGACUGUJAUAUC CGUGUCAGAAAUUGACUAGGC AGGUUCGUAUCCUGACCGGC CCG | 821 | | | | ARNt3-Asn | | | |
| 41 | 34429 | 34502 | AGUGCUUGUAGUCGAGAUGGU UAAGACACUCUCCUGACUGAC GGAGAGAUUCGCGGUUUCGAC ACCCGUCAGCACUG | 822 | | | | ARNt4-Asp | | | |
| 42 | 34586 | 34984 | LTFDEWLSWNWKATSKYHLRGR ASDNYCMCRKGDY/GPYSLDN YCATAAQNAKDA(GANGRIISTG FTGHNHSDETIKISENHAKLN ADEISLRIDLNSIDFTQRGALV KFANKL GISHTOARKFINKFIK | 823 | PHG3Tp119nc [Fago 31de Aeromonas] | 132 | YP_238848.1 (67/134) | 28-31 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 43 | 35138 | 35211 | UGCGGAGUAGUUCUAGGUUGG UAGAAUUGUUGGGCUCAUAUC CCGACACGCGCAGGUUGGAG UCCUGGCCUCGCCU | 824 | | | | ARNt5-Met | | | |
| 44 | 35221 | 35292 | UGAAAUCAUAGCCAAGGUUGGU AAGGCGAGGUUUUAGUCC UACGAUCCCUGGUUCGAGUC CAGGGGUUCAG | 825 | | | | ARNt6-Gln | | | |
| 45 | 35367 | 35540 | MMDGVNIDVV/VQLVEPEVIL DVTDSNSVGHPNNE GMVEKYT ARKTLWLSLSELCL | 826 | 57 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 46 | 35391 | 35463 | GUGGUUCGUAGUUCAGUUGGU AGAACCCGAGGUUGUGAUCC UCGCUUGGCCACC | 827 | | | | ARNt7-His | | | |
| 47 | 35564 | 35645 | GGAGAGUAGCGCUAGUGGU GCAAACCGGACUUGAAAUC GGUUCACCGGAAACGGUGAG CG | 828 | | | | ARNt8-Ser | | | |
| 48 | 35715 | 35787 | GGGAGUAUAGCUCAUJUUGGU AGAGCUCUCGACCCGAAUAC GAGCGGUGUGACUGGUUCGAGU CCAGUAUCUCCA | 829 | | | | ARNt9-Ile | | | |

Fig. 12P

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID No.: | Sекuen- cia 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 |
| 49 | 35797 | 35868 | 830 | AGGUUCUUAUGUAUAUAGGCCU AUUAUGCUGGGCUCAAACC CAGUGAUGAGGGUUUCGAUUC CUUCAGGGCCUG | 72 | | | | ARNt10-Tp | | |
| 50 | 35877 | 35948 | 831 | GCAUCCAUCAUCGUAGCGGAU AUUAUGCUGGUCCUUCACCC AGAAAGAUGGGAGUUCGAUUC UCCUCUGGAUGCU | 72 | | | | ARNt11-Gly | | |
| 51 | 35957 | 36030 | 832 | CUCCGUUAUAGCUCAGCCUGG UAGAGCGCUCCAUUUGGGAU GGAGAGGUUGGAUUGUUCGAG UCAUUCUAUGGAGA | 74 | | | | ARNt12-Pro | | |
| 52 | 36209 | 36361 | 833 | MKYYGFTSHFGKARYTENIDR RRAYYESLHKAGRSRAROEQQ KQAKEIE | 50 | Proteína hipotética RB43ORF088w [Fago RB43 de Enterobacteria] | YP_239064.1 (35/48) | 5e-13 (35/48) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 53 | 36358 | 36723 | 834 | MNIFIGVANNNAITVLQLWNR PTNFALGLCKSERDLMLHADFA YTFDERKGMMWVWIKCRYEALIK YEYSERDIOEVIAHYSGCKVS KLQRQVIPFTNASNVNEELITDFKR YQAKYDERF | 121 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 54 | 36707 | 36940 | 835 | MMKDSKGIRDVQVGDIVFYGER TYNKGGGRGSMRCGRITDIASGL AKVNDVYAMRSKSFKVSPM FATMWENGTFEI | 77 | Proteína hipotética Ea21- 4_gp102 [Fago phiEa21-4 de Erwinia] | YP_00245612 5.1 | 7e-04 (25/72) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 55 | 36995 | 37219 | 836 | MKRIALIVDQEAMFAATGKFHP VSKEVARSEKIVGLVETVAGDV VSIKTSEISPVKVAENDFWEV ADFMCE | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 56 | 37298 | 37371 | 837 | GGCCCCGUAGCJCAUJGGU AGAGCGUUCCCUCAUAAAGG GAUUGGUUGCAUGUUCGAGU CUUUGCAGGGGUCA | 74 | | | | ARNt13-Met | | |
| 57 | 37394 | 37594 | 838 | MMRLVKVVEESEYMGDSRMI EEFVTVEADSESEVDKVYRHF DNMSDSYGTMSIYRLDVNHIN | 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 | | |
|-----|----------------------------|------------------------------------|-------------------|--|---------------------|---|--------------------|------------------------------|---|----------------------|--------------|---------------|
| | | | | | | Nombr[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 58 | 37605 | 38162 | 839 | MHIREGQVIPKGGLAMAITTWN DADRYSTOMVYGLKEEINGV HVLEWFSSNNGRGE YLGNNDY NHEALEKLHTEQKVTPPEFSKK FFGVDPAYDCDEEFDAYLON HYSCSNEVWYAOAWLGNPIEY DYDFMRVFEKVEIFDIKEEIRFD APVAFHVGITYKQKE-SPLKVDW LKYYKEK | 185 | Proteína hipotética EPJS98_gp138 [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159526 7.1 | 2e-20 (63/162) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 59 | 38162 | 38611 | 840 | MDIGSGSSYPSCALSNFAPHKF IYDGVECASMEGFLQSLKFSSP EMOAHV/CTLVGKSAFKGKK RWWPTOTLYWKVGPVHRASEA YONLTGAYDALSNEGFRLA AATRNATLTHSMGNKNISETILT EREFCNOLYRLRNAINNO- | 149 | Proteína hipotética KP- KP15p076 [Fago KP15 de Klebsiella] | YP_00357995 2.1 | 4e-57 (114/146) | Proteínas del fago 30_3 | pfam08 010 | 4,60e -65 | |
| 60 | 38757 | 38840 | 841 | GCGCUCAUGUAGGUAAUUGGU AGACAAGGAGACUAAAUC UCCGGGGAUAAAACCCGUAC GAGUUCGAGUCUCGUUCGAC GCA | 84 | | | | ARN114-Leu | | | |
| 61 | 38846 | 38918 | 842 | GCCGUUAUAGGUAAUUGGU ACACACAGGAUCGUICTAAGG UGGUAGUUCGGGUUCGAGU CCUGGUGGGGUUA | 73 | | | | ARN115-Ag9 | | | |
| 62 | 38923 | 38995 | 843 | GCGGUAUAGGUAGUUGGU AGAGCGCUUCAUQUAAUG AGAUGCCGGGUUCGACU CCUGCAAUCGGCA | 73 | | | | ARN116-Thr | | | |
| 63 | 39268 | 39852 | 844 | MKFKDFTEEELFEAAPGRMTK SKWRDALVLVRGERHDPSKF AASVEKYIGISDPKDYAKVA AFESI GGKVTPARGASPAOA PAAKPAPVKAKPKNIPGLKISGD HCDIIGSGEL FKAIKDALKLPLVRD NGLP YKAVQFYDNLWKYRES QCAKPSARETOHQIGEVKTLLAK LNHHLYVELSRQTELSYNV | 194 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 64 | 40040 | 40330 | 845 | MSKFNFIQIERTGYYNYGTPDRY RAIWIGKEHEHAIVNVAETREL KDLIKHVRKDWPAVEEYYRYY HEEAPTEVQIKFAKTASALTKR 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 | SEQ ID No.: | Sequencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|----------------------------|-------------------|--------------------------|--|-------------------------------|---|------------------------------|----------------------|---|--------|---------------|
| | | | | | Nombre | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 65 | 40378 | 40971 | 846 | MSILKLVFIRSKFGTFVAQNT SVEDOYTTMAANRIIDEITKLRTT HVKSNEEKRLIKADEKDQAG ASKERIRRLMAEGMINVETHAK LGLLYRRTAKALRDKAEYKEM RAQIETVTVKLDDQRDLAVKL EVIRETRNASALGITSADDVIEIA ELAKVDQDINMKVETTSQTP GIETTADVQEYLESK | 197 | Proteína hipotética EME08_sp126 [Fago MME08 de Enterobacteria] | YP_00373427 6.1 | 7e-68 (128/197) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 66 | 41042 | 41602 | 847 | MATPOIKELIAKGFFTEIDLGK FAYPDTRPENWKTRYNGNYNT VLPRAVLKDYSKLKNLNISSSI SDGVKLVDFALRYGYSENDSP SNLKSARTNAGEYSTSGSTYT IVIEIIHKNKNSYRLGINLVKYVT QDDYSNLYNCVNELPSKVMS MFDSNNMVGKQLIIDEFIKYCRE RVQK | 186 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 67 | 41599 | 41958 | 848 | MSNLYLPSSEPPVNVYKFQI DYALVPGIGATVGAMCTFAIDI MHLLTDITPAVLFGILLAWWGTS LIMGLIECSRWVKWSRNYYRK AEWKEQCKNLTEVNRRKSFE FIKEVFRK | 119 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 68 | 41955 | 42251 | 849 | MNEYKPDGFWNODGLAPGFGI VTWLLYCAFIVGGTFFGLNVS EFFMIMLFLGVFAFSLMWMLIA LINCCTFLAYRMKYKKWKEKED FNTWIRSCRK | 98 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 69 | 42248 | 42574 | 850 | MIKTCYRGMIKSDEPGTYFLFL IMFSLSAFVGFFTWGFYFSP VFGDALYYIGWMISVGTVWFAIL ARWLQFVSRQRGVFDKPKIK KEKSKDDSRSETLSWIKEMK | 108 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 70 | 42574 | 42810 | 851 | MAYAVHKFENGDTLLCYSD NESLSGIEISLKEELLGINGPICD FSVEGSDNCNDLESMYTAM EDILEESWNECQ | 78 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12S

| orf | Posi- ción de inicio | Seq ID NO.: | Sек- uencia 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 | |
| 71 | 42801 | 43253 | 852 | MPMKELASAGILFFTDDKRLLMG RMNTTYVQGRGSRWDIPKGHV EPGETPKAAIRECKEETGFTF FDQDLIYDGLRHDAINSKDIHL FGYMLPVSPPEMFRCRCTAYH KDENGINSPEIDAFALIKPSQWK YVMGPSSLYKIMTQMYSTAQ | 150 | Hidrolasa NudE [Fago RB69 de Enterobacteria] | YP_861819.1 (89/144) | 6e-47 (89/144) | Hidrolasa nudix | cd02883 | 3.28e -15 | |
| 72 | 43261 | 43569 | 853 | MEEAELVPLGIPIHKHELRFIHGD KWISIFHPRDKMSRILMKSRYVF SDSEYIKAAYIAEQLYPGFSEL PEDDKRDYUWMIKDWWTPEK CSLELFIAKCRAK | 102 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 73 | 43599 | 44093 | 854 | MDIFGMRLIDEGYDSKIYKOSÉ GYWTIGLHLLTKDPSKSLAISN LDKLVLGRSTGGQTQAEEAVIFA KOVEKAIKGVANATLSPVYNNL DDVRRALINMVQMGIVSGVA GFPAASKLILLAKKWDAAAKELA NSRWYRQTPNARRVIEITMRT GTWAAVQK | 164 | Cadena A, mutante E108v de lisozima T4 | 1QUGA (108/162) | 3e-57 (108/162) | Lisozima | lisozima similar al bacitracina T4 | cd00735 | 5.01e -45 |
| 74 | 44094 | 44573 | 855 | MKTYQEFLNESRLATVGVMT SVGSNLKKFKGQKMTATLED GTEIEMDVV/GYNVYVVGKLYNK SHAKFSFDFEVSSVEDESSRK AVASGDARSLSMAHGHMRISK QNKPGEDENFALVGYSQGKTSN GYQRTVTMMRNGKIAFVNDR GAIRYANSIK | 159 | Proteína hipotética RB32ORF123c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803065.1 (111/159) | 3e-60 (111/159) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 75 | 44766 | 45068 | 856 | MKTYKEFITEAR/SAGKLEAIN KKAHSFHDLSDKDRKLVSLYI DKERILALPGANEKGQAKPLNA VERKKIDNFASKFGSMSDDQQ AAIEAAKVIKGK | 100 | Proteína Iol de cabeza interna [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373425 9.1 (93/100) | 4e-47 (93/100) | Proteína de cabeza interna | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 76 | 45272 | 45805 | 857 | MKYLTPIYLTLHAFKDAADRR LNNPNYSFYEPSCLMREYGLR LDGGROTGTAKTAALCCFATDWL LEDGSVILSTRYTQSSELMEGI LREYNSSHLINKLPANEIAKSIVP MTIREFLSNDSSYKFRGRKLGR AIIIEEPMKVPDMMKFDMYQ EAIRWSMPNDTLPLFFVIGMQ | 177 | Proteína Vs.8 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292245 8.1 | 3e-40 (91/180) | Terminasa_6 | p fam03 237 | 1.09e -03 | |

Fig. 12T

| orf | 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 o identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 77 | 54802 | 46113 | 858 | MMTQTEIVDMITYMENTGADM KOLITMVTAGNLLEYKRYKFLS QPFKAEGFISNAPTKWMNRY PNFRRIFFSGLKLKGVISSSLTYD ORIQEKTMQWLKL | 103 | Proteína Vs.7 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292245 7.1 | 2e-10 (29/54) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 78 | 46095 | 46439 | 859 | MAEIVRCPPHLVESFCEVFSN SGEQDFYEAHQHNTWNETTKQ WEEATTYIGTRGYGVNEPIEVE YDKETDEEVYHEDKTYHEAA AKFHSDEWIKMSVITAYMRGW NKESN | 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 | MKAYQILLEGELKGTTIYIEDGDDA RVIVSKVLKEDTDTDAETFGYK AREVEIYOPTVKIEGGQQHLNV AVNLRETLLDAVEHPEKYPQLTI RVSQYAVRFNSLTPEQQRDVIA RIFTTEAL | 120 | Cofactor del radical glicilo autónomo [Fago AR1 de Enterobacteria] | BAI83131.1 (100/120) | 2e-51 (100/120) | Cofactor del radical glicilo autónomo | PRK111 27 | 1,37e -40 |
| 80 | 46810 | 47091 | 861 | MAEDIKGYKPHTDEKIGVNAI KDAEIRLGLIFKALEEEHVKEYM NLDVSTMDSKEFDLAHERITQIR NAIQHLKEASMWACRSVFQPE 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 | MSTNPVFIRRTKLRRKFFEEAF RSLNLSVRARAFAEGKEFFTK YSDHLLDRAOREIDEYYFSVL SKIPNHKEINEFLAMPWLIPD KODENIEYKPMRLEITDNLWL GFTMDIPRPGKGPSIKCRMADF NDKRLKGKISKTVIHIN | 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 715 | 1,91e -20 |
| 82 | 47621 | 48166 | 863 | MKKALIGMALCSTAFFGSEPTF SNVOLDNLHYAYNFGEOYQKS GKEKSPHNRDNGLYDNGYMAAI SWKESSAAGANLKGKGHSYG VFQNYLPTVKARAKLEGKNLSD SEIRKMLKSRQNSAEWAYIELS YWLNIHNGNMRKALASYNAGW NVKRGSNSYASDVLKEANFLKH KMLHTKV | 181 | Proteína Vs.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria] | YP_861805.1 (115/180) | 5e-59 | REGB_T4 | pfam10 715 | 1,00e -18 |
| 83 | 48166 | 48486 | 864 | MVKYAALLGLVLAFLSANANSM TDSLRIAKTFCNTNSECVIDL ELDSAFSDGVKDSRSRPAQWT LINRKAKSMKDLCVNAPNENICL MYRDQLMARYMSGSSKK | 106 | Modificador Vs ARNt- vali sintetasa [Fago Phi1 de Enterobacteria] | YP_00146943 6.1 | 4e-13 (34/80) | Modificador ARNt-vali sintetasa | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Fig. 12U

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Siguencia 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 |
| 84 | 48483 | 48875 | 865 | MRKAAILCCAFSYNAWEKLPG YPTVLAQGPKIESNGPFKNNI EIAEVPSRKILLMSFYNYQDKD DQVIVPLVEYNARGCGMQSDG VSVDGVMMHPKEQGVNLNPILNC NNAIFRVRVNNLNVEATYKIP | 130 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 85 | 48884 | 49351 | 866 | MITGYIKGNIVELFMKHECDIAH GCNCFTTMAGAGVAGLAKAYP PILDIDEDDRYYDNNLAKLGTH TRAIHKKGSTAYCNYLYTQYAPG PNVDYGAIFNAFHENSNSGRIVY NRPLYPKIGAGIAGGDWELIEK LINIATPDIDIMVVEYEAKS | 155 | Proteína Tk.4 hipotética conservada [Fago RB89 de Enterobacteria] | YP_00292245 1.1 | 3e-41 (89/157) | tk.4 | PHAO025 95 | 6,30e -49 |
| 86 | 49375 | 49542 | 867 | MITEEQKTKLWQLIDDYAGAEQ VVAISAIYGNGLPPEEYDELIRSK NAISDFMETL | 55 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 87 | 49542 | 50141 | 868 | MAQLFYASMINAGKSANLLT AAHNYKERGMGTLLKPAIDTR DSATEVTSGRLRHENTVDESI DILEFFKWAQTQRDIHCVFVDE AQFLTAEHVLQOLCKIVDLYDVPV MAYGIRTDFRGELEFGSKALLS VADKVELKGVCCHGRKATMV ARIDENGNAITDGEVYELGGED KYVSLCRKHWCELYGVNEAK NV | 199 | Timidina quinasa Tk [Fago RB89 de Enterobacteria] | YP_861801.1 (137/192) | 3e-81 | Timidina quinasa | PRH042 96 | 3,20e -80 |
| 88 | 50122 | 50316 | 869 | MKPRTNTILMLVLSMLFIWMG VAASIQSDRREELQNRLDSGCK VLAQGKDFIANTNGCYIKE | 64 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 89 | 50600 | 50983 | 870 | NNNEFFAYIKSYNEYKTKODKE NQQKVYELRISENSERPLEAKK LIASKSRDGFWKTLRWTRYAM PVPRLFHKAELKRALKYDEEYN WDEAGARTIEQGICEWLWD | 127 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 90 | 51030 | 51242 | 871 | MOHLSEKOLRNLTVEQOLDLR REIGHGISHLQEERIQHSSKADY TRKRTLEKYLKEVKAVLQHKRN TGQK | 70 | Proteína r1.1 hipotética conservada [Fago RB89 de Enterobacteria] | NP_861800.1 (51/69) | 1e-20 | Regulador de inhibición de lisis putativa | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Fig. 12V

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Sеку- нду- ра | Sекуенция аминокислот | Tama- ño (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------|---------------------|---|---------------------|--|-------------------------------|------------------------------|---|---|--------------|---------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 91 | 51254 | 51541 | 872 | MAFNHICLAVLVLGCGISFPAAASH DDISDYNSSYVEGALQVYAKFKE PSKQEQESEQYQAFVQSKWKSES CSKDCDSLGRSAGEEYANRMR IQLFDNEVQ | 95 | Proteína hipotética Aej133p120 [Fago 133 de Acinetobacter] | ADJ19435.1 | 4e-13 (36/82) | | Proteína hipotética | PHAO20 54 | 3,47e- -06 |
| 92 | 51528 | 51914 | 873 | MKFNDFYVKDGKLTPOQDEFIGLL MVSQAYFHSAHFDTKSYARHK AYEVFFNEIPPDIDAFGECPWLG FSGKSYPALPSQKELPKDTIE MLDFILAKADGIYKSVPAALQSV LDDITGLCYCTKYLLSLO | 128 | Proteína ModD.6 hipotética [Fago 74 de Enterobacteria] | NP_049716.1 | 2e-43 (79/128) | Regulador de inhibición de lisis putativa | r_1.1 proteína hipotética | PHAO26 04 | 6,38e- -44 |
| 93 | 52019 | 52507 | 874 | MIKLTTTELOPGKIFYHYCCGVNRT ETPKGEITTRYIVASGTYDVEGL SGVYRSKSPFFQVICEYENYAG QTESYSTERSAHDMGIFPKGEK RSVHNLNRGFWVTREEAQFQIKE LQENKFSDPDDQAYADRLLTPS EDFRQQQEFDMSYLDSCDYD YDFDDGEE | 162 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 94 | 52599 | 52865 | 875 | MNGWGPSPDDGFATREATIADG IEMARLQKQLQERSEEFV DCDEEIPVARRRLVKGCCRCVE CQGKWDVTMITSAYNRGSKD SQLR | 88 | Proteína bacteriana conservada [Fago 133 de Acinetobacter] | ADJ19431.1 | 1e-24 (54/88) | | Proteína hipotética | PRK110 19 | 4,8e- -16 |
| 95 | 52868 | 53059 | 876 | MESILDSTNLDNPYSDVHVVKVV NSYFTKKLRSRVLKGNDIHLD TKQIDSLLQFLAKDGE | 63 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 96 | 53049 | 53282 | 877 | MASKLVWDGKPRKGDAVIEDE SPHVIDLYLTVFHTYEHNTEIE RDGDCVAIKSDAIELVKYTA MIPTMKQDNL | 77 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 97 | 53282 | 53782 | 878 | MNINKNSWHFKMNWLFRSGNI WKMPKTLCGYFWTTVLHLFSS AIAIFIGSYAVMFGWPLIAQTGIL AWIGVSLSAFWLNVAVPVGAV FIATFVLAFVAIVFGFIFGLEKFK EYRKNKQFTIKKLARYKAGLPAE SEPLVFLQYIKARKRKVCPMDY 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 | VKNDQYYVNGRKAVFRAKER GIISTYPIAEFTFEDGEQIKKYV PLSQTYRFIGGEIDLYYEGGV WKLKS | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12W

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamano (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|---|-------------|--|--------------------|------------------------|------------------|-----------------------------|--------------|--|
| 99 | 53978 | 54400 | 880 | MEIEIVTTKKLMSLLKQMKM ASSSEIKFAMFDORVHLGYVN AFKW/NKMDIQVAINTGNDWAL VPMYDTH/VIKTARREPHPDGQ EYHFHDVYYHTMQKIGNVHR NSKKSTDKEHVEACAKASNLDI KFAKGNHYL | 140 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 100 | 54397 | 55407 | 881 | MKTIVKSYFGSHLYGTSTPESD VDFKEIFVPHPRDILMCOAMNH TNCNTINNSATKNTKDDVDHFL SLKYFFKLAADGETVADLMLHT PEELVVASDLPEVWKFEQDNRA RFYTDDMKAYLGVRKQAGKY GVKGSRSLADLHKVLDVIRDVPE WKYDDDRPQQKGINERWKYQDI AEKLPLGEFLGEFLWTTFV/DHKSGE QKFYNVLGRKFQTTITIKEMYS LEKDAEYGERARKAAEANEGV DWKALSHALRAGLQLQEYIMTG DLQFPLTHAKMVVKMVKAEGELPF KEVOELLESVUDEVELAHTAEK NGMPKKVDMKFWDFFVEKYKL 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 | MKVFLNYGRPHKGRRWVYLEAV CRETGRRENAFKFSARPTRKQIH QFMSWAGETLRFSLYMAEI | 62 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 102 | 55597 | 55836 | 883 | MILLWSVVPVVAIYEV/GWSV CIIHLNGTIEKVGEYWFLFW FPAFIVGAIMFFRWAGKLPKRI AENAINKHA | 79 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 103 | 55955 | 56170 | 884 | MKTLEVNNIDKAFKAEEAHGV EFFPMMVGEAFSKLAIRGETD NLIDFVDDDFYLGSKVRYYYNEIL EK | 71 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Fig. 12X

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Sекuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|----------------------------|-------------------|---|---|---|--|------------------------------|----------------------|---|--------|---------------|
| | | | | Tam- ño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 104 | 56248 | 57225 | MSTITIKKGIGYFGKEISGTYELLG EWFPDSLSAEDSRQDGKVFV ELNGKKRGVVWFKDDITIDGV AKIEVYESDEMKERIKRKFNV MGLMTNGLIGHGNIRSLSLISGAAGI GKTYSLDKAHQAHADTNAYDK SVNGKISGIGLYCRLWESEREAN SVLIDDDVFSMDMIDLNLKAA LDSGEKRKVKGWCSTASSELEDK GIPNEEFEGTVFITNVIDIRE LERGSKLAPHQLQALVRSVYLD LGVHTNEEIMVRQDVIMTTSM LQNRLRNSEVLEFMKDNV NRLRNVSRLTALYIGDFVATDR KNVRTIAEVMLK | 325 | Proteína hipotética [Fago T4] [de Enterobacteria] | ADJ39814.1 | 2e-138 (243/325) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 105 | 57268 | 57414 | 886 | MATLISNDVKRVLFKGGMYIVD TPKGDTSSWTINEWINYDENG 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 | MSLAAIKDIECWLDIKVYPPGH IFAGKPKGKAECACEAICEKLYK FNFGDKKKVNLAEVHSSYHELRV MVNVFRAPPFIELRKEYANKVYF DTFLANVQDAVKHLDDEMHKOH QDLNAYYYKPWRKSQYQELKNRIE LIRYEVLK | 141 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 107 | 57833 | 58171 | 888 | MKNWVMTESAYAAYVSPDDR RSELFGGYGSYCVAAEEAVKGQ SWWGSDTVNRKPTELUTFTD ENGESWTFPKSAASIVQEQETPE AKRKRLIKEKESALAKLNIDER EALGL | 112 | Proteína hipotética [Aeh10086] [Fago Aeh1 de Aeromonas] | NP_943964.1 | 1e-07 (36/107) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 108 | 58168 | 58488 | 889 | MSKEFSTTRMVDAGYPONGY REFIHPEVENQFKEVVRNILLNA FKTOGTNPRLGYLEEAIRDV OKSVSAKLIWAENIAWSNKK RSDELNPADREQINVYAKG EALGL | 106 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 109 | 58492 | 58782 | 890 | MFTIVSIHAYYEGQLNARTK YKRGMEESVECLKDIOFAQKT QNLJLMDRKQVS LAELIASKMI [EDNRKHQLKLKRRQQHSPW FNSDFRSF | 96 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12Y

| orf | Posi- ción de inicio | 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 | MKAPTWNELOQEMFNTTEAAGTI IIETYIENQK | 54 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 111 | 59024 | 59290 | MTVYVDVLMNHGWKMRGHQV KNCHMFSDNLDELHAMAEAG MKRSWFQDKRVPHYDLRDR RKQAVALGAEVSRDAAVLL RKFFTK | 88 | Bcep22gp48 [Fago Bcep22 de Burkholderia] | NP_944277.1 | 4e-07 (3179) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 112 | 59348 | 60136 | MKTLLTEISALVEENRVAROAH AKVEKRAEELNAGWAKTRFRGR EYFDKVVAPTWIGKDDRPHAFP DGYLWENELGEVEAYHAGSYL PYVTELDSDLKPEYTGDHGWM KIRLTQEELYKEIKEYGPLEVRI PYKEWKLQDGTVNVMAEVRAH KSILEAOEHSKEVFONIFNELN KNKGDAPEGRVTVSGTVTSVK VYEDYYGVQCKAMMIVENGAT VYGSLPKSIPFEYRGKVQFTAT FELAKDDKTHAFYKRPSKIVML DE | 262 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 113 | 60207 | 61181 | MNKNELKMFVEAEFNKLKDKT TKREKHVKVLSALHDLNPRAYD VAIAGNVARRVLNSMASHEANY AGFVVENIRRRLRWLGMASAEK QLKKFAIGNAKYGQORYSFAAG AFKTEERHDRSAAQIFCSEFNA NLRRLNRSCILLGDDDRVYQA SSTSSRNPKGSFIRAEELDN TVRHINSHLSSGSKYPARALLAQ VRTALDHMDVVKKSCCCQQGE NSSVLEVHLDPKIFPKTLSTTP VIDEDVAHMLNVAKP1 PLTPV NHIEIAKNSITAEMESVKRFIDTK EAEELAKHELTMAADLVKSLNEYK ERYESLEYARSLL | 324 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 114 | 61178 | 61438 | VKNQLKEDMVDDNLEIEF PPVPEFKWDACLEM/DRRE AAAQQVVPCEKCGSIQVQLVD WTTDILKMKCRTCKHRRFERLK | 86 | Proteína NrdC.2 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049700.1 | 2e-11 (3478) | | No putative conserved domains have been detected | | |

Fig. 12Z

| orf | Posi- ción de inicio | Pus- 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 | Funció n predicha | Nombre | Acc No |
| 115 | 61435 | 61749 | 896 | MITKTITGANTKFFVEYANNLIK DKNFNDIILADIMILDAYESEGDPM QLKEYLRAATMDFTVLNMMLRT DTEFNEMIARNEGKFLNTTDE VLAACAAHEAWKKVK | 104 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 116 | 61746 | 62081 | 897 | MKTIGALWKEFYNDAEFWEGY YHDDTLIFDIDVEEVEYEDSP DAVKIESGVYKTTDDSFSTSH DLSLETFKRWKKKKOTTRTMVV TVKDODFAKVFETISNPVGKKV K | 111 | Proteína hipotética phiSb0M- AG3_gp129 [Fago phiSb0M-AG3 de Shigella] | YP_00335861 6.1 | 7e-09 (41/115) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 117 | 62078 | 62590 | 898 | MIDIKLDTYAVRQLFPFEGTAARA QLOQSVINNKEVILKDSQNK LKQAVQSEVNIAAVTIPDVRAEV KKQVQQMFTTRGWNDSMAKE EMISQMMMRNAAQSCSKNAIDDM VROTTIDDAVYKOAEGRIKMSIER ANLRIQEINVNAMNKNAIDQINA AIAAKLAEHFPVNTANG | 170 | Proteína hipotética KP- KP15p225 [Fago KP-15 de Klebsiella] | YP_00358010 1.1 | 1e-05 (43/173) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 118 | 62583 | 62756 | 899 | MDKIDFSKLNPRLPRMGDDIAKO LASVQMPMPDNCIKDIFDALDG TLVITTKAENGSS | 57 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 119 | 62746 | 63036 | 900 | MARKRYMEEAERVMILLMYSVY YNETGOIVDSSKLKGAMTRGR GFAOOAIDKEIISRLGIKYSSKM YLHPGWNIQVOAQVFKEIEEDV HSFWLRQQHP | 96 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 120 | 62999 | 63268 | 901 | MFTVFGYDSNIHKCVFCDNAKR LLDVKKQAEYAFINVMPKEGVFD EVVISDOLLRRGRESQVGLTMP QIFAPDGTHIGGFDELRKFKFN A | 89 | Tiorreodoxina [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159521 1.1 | 2e-34 (68/85) | Tiorreodoxina GRX_GRXb _1_similar | cd03418 (42/62) | 1,52e -08 |
| 121 | 63261 | 63449 | 902 | MHDYRGTLREGDIVALYYGYG GLETGEIKOINNHRAKVEVTYS NGVKVMSKWKYGECMVKL | 62 | Proteína hipotética RB320RF082c [Fago R632 de Enterobacteria] | YP_803024.1 | 9e-16 (42/62) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 122 | 63468 | 63638 | 903 | MSYDIDGLKAPCTVTISAEFIR LOAIEELLWEIECALPSGLESWI DDEDQKLRG | 56 | Proteína hipotética RB320RF081c [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) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|------------------------------------|-------------------|---|---------------------|--|---------------------------------|------------------------------|---|---|---------------|---------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 123 | 63640 | 64029 | 904 | MNTNAELVKEIKHAGVTGEWDD NYDFEYPPNAPDDAAEEIFVVL EDDEWTQDHKYOSRSQIWWYP ARGVHFMSVSESRSGSYHTDWY YNPPEVDIVTRHEKVVRTEVE WRLEYDSVNSDAPCKAAKA | 129 | Proteína hipotética RB510RF087 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_00285404 0_1 | 2e-12 (39/90) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 124 | 64008 | 64166 | 905 | MOSSKGKIPWYTAIWETVEPE EDAIPEDDYNTSEPTINELLDYE DKVNGTYW | 52 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 125 | 64150 | 64602 | 906 | MELIGKQFEVIENDDELTEQFP QFVPGKFQVINAVINNEGGLETC GITAVIDLTKNIUTINDPTPFGES WFWCFYSEDTMHQIKEIGOGE DVPNISEIKLDHFHGKVNPIKAL YAFAGOQNCDSEFYEDLMQKAA DYVALETRLGVOYV | 150 | Inhibidor Pin de proteasa [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861778.1 (50/144) | 1e-10 | Inhibidor de proteasa | Inhibidor_124 | pfam10 465 | 4,84e -11 |
| 126 | 64595 | 64903 | 907 | MSKSCVTKITVVKILDFCDIHRIA REILRSHGYKIGDIIFNSNGYY DDIGGMMAWPKMSIIHKETNSYE FNADDYEGIYAFCTSFCKESNH NIYSSYSLI | 102 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 127 | 64940 | 65413 | 908 | MLLTGKLYKEEKYIQAQNL CPCCKRPLDEDIQKNHLDHDA LEGDNAGKVRLGLLCLNCAAE GOMIKHKFNRSGLKQODIDYLE WLENLLVYLQRNPKDSNIHPQY VADMAKRFSRLGKPEMIAEMEL HGFTYEEEDGSKSQLASKYKKQ LRKSLK | 157 | Endonucleasa VII gp48 de empaquetado de EndovII y de recombinación [Fago JS86 de Enterobacteria] | YP_00159520 4_1 (115/157) | 6e-61 | Endonucleasa VII empaquetado de EndovII y recombinación | Endonuc- lénz | pfam09 124 | 1,60e -16 |
| | | | | | | | | | | Endonucleasa VII de recombinación | PH0025 65 | 2,43e -62 |

Fig. 12BB

| orf | Posición de inicio | 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 | |
| 128 | 65410 | 67248 | 909 | MINIEIQLINKTNKDLNNEA NKDSRVIFFPTORDLMAGIVSKH ANQIVPSVMEA+KEGVHFHD MDYSPALPFTNCCLVLKGML QNGFKLGNQAQIETPKSIGVATAI MAQITAVSHOYGGTTFANV DLVLAPVVEKTFAKHVNDARVKY QVALVKDYAISKTEKDVFDAFQ AYEYEVNTLFSSNGOTPFVTF GMGTISWEEKLIIORAILDNRIG LGRDGITPIEPKLVMFVEEGINL RKEDPNYDIKQLALECAAKRMY PDIISARNRNRAITGSETPVSPMG CRSFLGAWRDSSGKPVLDGRN NLGVVTNLNPRIALDANYKSS DSNKLFKLLDERLIDICKEALLTRI KSLEGVATASVAPILYQEAGAFGV RMKPDDEILELFKNGRSSISLGY IGIEFDMLTFKSGSKLVKYN TKLNKWVTEETGYAFSLYSTPAE SLCYRFCKIDQAKFGDVKGVTD KGWYTNFSFHVSVEENLSPFEKI DREAPYHSIAKGKGGHISYVELPD MKRNLEGGVWDYAIKEKDYF GVNMPVDKCLSCGSTHEMPT ENGFTCSICGETDPKMMNTIRR TCGYLGNPNSERGENLGNKNEIM HRVKHVRERNEAS | 612 | NTP reducida NrdB anaeróbica, subunidad grande [Fago AR1 de Enterobacteria] | BAI83088.1 | 0.0 (478/604) | Subunidad grande de NTP reducida anaeróbica | Trifosfato ribonucleótido anaeróbica | PRK092 63 | 0,0 |
| 129 | 67220 | 67453 | 910 | MLEKPQKVDDWNLQSEWGLI WIKINKEVHLHPLGIAITRDPESGI SAGAIQTDEPWYDAEVEARN 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 | MNFDRIPSDDFVNPGPGCRVWL VTGCLHKCEGCVNKSTWMARN GOLFTMTVYKEIASHLSKSYIO GLTLTGDDPLYPQNRREEISNLV SWVIKARFPKEKDWMTGKYEKSLP DIKDDLQLQHIDVIDGYEKSLP TTKNWRGSNDNQRLLWVRNGST WTHD | 156 | NTP reducida NrdC anaeróbica, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049688.1 | 1e-77 (135/156) | Subunidad pequeña de NTP reducida anaeróbica | nrdG, proteína de activación de ribonucleótido reducida anaeróbica | PRK111 21 | 8,77e -46 |
| 131 | 67870 | 68004 | 912 | MVLPGHMIIEIYMLTYKIMFTLN HMATELFGPEFLAMTAFLTI | 44 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Fig. 12CC

| orf | Posi- ción de deten- ción inicio | SEQ ID NO.: | Sекuenzia de aminoacidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--|-------------------|--------------------------|---|-------------------------------|--|-------------------------------|----------------------|---|---------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 132 | 68013 | 68225 | 913 | MKFINAIRKFISNVIALVALTAGA FVAIPFVILIIADWINPTKKDEL SNEFFQKRVNNTLAKTQLQVAKD | 70 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 133 | 68222 | 68524 | 914 | MIEYGYIPEEVWRCPGCKAVRD LLDKLQLPTEFYVNINVEDGQP YDRLPLIESLAKRIGCYSLAI YPVIFMDIVKQYDIFTKTNLIA AGHDQDIED | 100 | Glutarredoxina NrdH [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373422 0.1 (62/99) | 7e-26 | Glutarredoxina | pfam00 462 | 6,62e -03 |
| 134 | 68710 | 68898 | 915 | MNWLNWQEALEMISKGCVKV HVHFIDDEYFLMKNKVICDENG YDMTRWYKGESWONEHWYIA | 62 | Proteína hipotética AGC_0014 [Fago EPST7 de Enterobacteria] | YP_00183693 4.1 (26/59) | 3e-04 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 135 | 68895 | 69137 | 916 | MKTFAVGDIVTRTRWDGLQFEV VIVVGSDGVLLHRINNLWKHL EREV/KYHEFNSYHCTVAPVASK EYDDMLEELKSLKD | 80 | Proteína hipotética RB14ORF100 [Fago R14 de Enterobacteria] | NP_00285443 6.1 | 7e-04 (28/81) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 136 | 69202 | 69534 | 917 | MISOAIIKNAIAFAAYYYVSAMLE EGRCVTPSILLDQWVEVLHGTM KEEGQKIGKIKARIELVAYYLSE FGIKAFGVPIVVGYGEISESAIR KMKNQNRRKKGERDKVAKAAK | 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 | MKLQNONGCPSRVRFCELERSN IVIDEYTIVGQQYLDRRFDT RTHMKYGFPGKCKFYPMSADH QSVVNDEYKWAEGTLIKEEL YLDA | 91 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 138 | 69799 | 70080 | 919 | MRKVILYTEITSRRAWVDFSVIS NASKEQVRNAQRLAYDEAGKS PAEVKIEVMTDSALIHN/SESVL KKFCVDRINKGTSMEMYFLARE LKW | 93 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 139 | 70074 | 70298 | 920 | MVFEQIAEIGLLGWFWSKTKDG RNLIETPEGEFIIIEODDFAFWIYE RSGENEYTTSVDAFSKFEADAIS VKAWLK | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 140 | 70286 | 70564 | 921 | MAKVNQIMIV/EGIGGFTIDSYM GWWDNEEGMYWETHASMLN ETHYESLYSSFMEMMHEYDES DWFELSLVEFKRIMEOLFOCYR | 92 | Proteína hipotética RB14ORF65 [Fago R14 de Enterobacteria] | YP_00285440 1.1 (32/89) | 3e-08 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12DD

| orf | Posi- ción de deten- ción inicio | SEQ ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteinas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--|-------------------|--|---------------------|---|--------------------------|---------------------|----------------------|---|---|--------------|
| | | | | | Nombre organismo | Acc No | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 141 | 70561 | 70806 | MKICLTLTHENIKGVFCLENSQI TFAQDGTYWVYAESDDIAGYGM ERVFDEAVIDVPLDFTYNDF YRIMMKLIACAELIK | 81 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 142 | 70873 | 71421 | MSNYVNNEKLYKSCISWKEKC RESEAAGGPRVVKONDITGLAI MLIAEGLSKRFNSQGYTOSWK QEMISDGIEAAIKGLINFDETKY DNPHAYITQACFNFAVQRKKE RKEMAKKYSV/FHNVYDSRDD DMVALADETFIQDIDKMTQYE STAYKAPGSAAKKSEPTSDGPNL EEUYEAD | 182 | Factor gp55 sigma para transcripción tarde de T4 [Fago T4 de Enterobacterial] | NP_049679.1 (139/180) | 4e-76 | Factor sigma | Factor sigma de ARN polimerasa | PHA025 47 | 1,38e -71 |
| 143 | 71405 | 71635 | MRLKINLDGFLEDYQDLDAIPYL LKMYNREVLDLHDIDPKNPHD DFRSDSAIEHSYNNWTDTEFTFE INYHPK | 76 | Proteína a-g:5 hipotética [Fago T4 de Enterobacterial] | NP_049678.1 (40/68) | 2e-15 | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 144 | 71637 | 71939 | MNNIQUERDELQQQLMEAAE EQAAIRANKIVKRKNRREIERLKA HAGDAVLDNINFFPAYKIAIEKL TILKQPFDEIILTWCNTSRKSV WDILNAGTSKI | 100 | Proteína a-g:4 hipotética [Fago JS98 de Enterobacterial] | YP_00159519 0.1 | 2e-20 (51/99) | | a-gt.4, proteína hipotética | PHA025 71 | 1,02e -22 |
| 145 | 71917 | 72114 | MLVQVKFKVRKDAGFTLNTAT GTMAVKVAQNQYRVLGSTEGC KLIDKNSLWVVDTFQVKRWYE W | 65 | Proteína a-g:3 hipotética [Fago RB69 de Enterobacterial] | NP_861758.1 (31/66) | 7e-08 | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 146 | 72146 | 72391 | MGSNPGHDWPEGNYACRCSN CSERVYTGPKRSYFCYKCDTAR REAPDYEAIRNAKIDMLKRF EEAKRICEAAGYYVYKKI | 81 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Fig. 12EE

| orf | 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 |
| 147 | 72461 | 73657 | MKINILMARGILEGGVTKFSLERHEWLVRKHGEVNIIYAKDCAF KTLSSLNACDLIINSPVANAPAAIDNYKKLLENIKPEVRVVYQHDHRAISLRNRNAGLEETVKRADVLFSHSSNGDFNTVLMEEYFP SGGLSFFDDDSADSAPPVYNFQPAMNIKAIRDKYWKDFSAIDFDIH RMWIGRTTTWKGYFLMFDFHESHLRPAGKTILEGLERSPAFINIK ERYEIDYCRHYHQVKTGPGLNPQVLDRYVNSEMLERMISQSGFG YQLSRLPDKFLERSLEYTHIELGACGTIPVFHKATGDALKFRVD GKPILSHDSGILWLNDEKNEVFERMKHLSSDQKLYDKERNKAF FEFLVEHQDSEHCFCKEQFELMTK | 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 | MKIHSGDWHLGVRAODPWWQDVQRHGKOHIDYAKKKHGIKTI QYGDIFDVRAITHKTMFAREIAESLEKEGINLITIVGNHDMHYK NTLTPNASTEVIGKYKHTVIEKPTVMDFDGTLDLCPWMCEEN TSEIMKHKESSAEYCIGHWELNGFYFKGMKSHGLEPDFLK KQVWSGHFTISSAANVYKIGPWLTAGDENDPRGFWWODTE LSTFDVPNETWHRKLIPYVTGQVDFFEEFRNLAVRIITAVODEL PKFESELEKWHRLTVSKVDNSVESEDGEVEVKSLDMEY IAQEDLSADDIKALKVMSKQYEAQNO | 340 | Subunidad gp47 de endonucleasa de recombinación [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803000.1 | 6e-144 (237/337) | Subunidad de endonucleasa de recombinación | | PHA025 46 | 2.02e -136 |

Fig. 12FF

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Siguencia de aminoácidos | Name (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------|--------------------------|---|-------------------------------|---|------------------------------|---------------------|---|------------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 149 | 74747 | 76429 | 930 | VKTFKLNRVKYKNIMSVGQAAI DIOLDKQCKTQLTGKNGGGKST MLEAIFTALFGKPFERDIKKGQLI NSFNKDKDSWELVMYEYDGHSF YIKRGOKPNVFEILRDGNKLOE AASSKDFQSYFESLIGMSYTSF KQIVVLGTAGTYTPFMGLSTANR RKLVEDLEVLSSLLADMDKLNK QIREIMQIQVNVDYOREALTNIE KTHHEAYAEIKQKLSGDNVAVL QAMYDEQVNEARGYKAELTL QRELLEVGDPAESIQEVQG KTFKIRSKIESYSKVVLGILYDKGG HCPCTCLOCIDLHSNDLTIKINHHV EECNLTGELKTROSLEDLAR EYNTVRARARDIKTQMGSLKQ MTITAVEKARRIKAIDKASQEFI DNSDKIKLLOQEEIDLKILVKTNL MEKYRGRGLTEMLKDSGKGAI KKYIPMFENKQINSYLYKIMeadYS FTLINEEFSETIKSRGREFFSYAS FSQGEKARIIDIALEFTWRDIAEK VSGVKINCLFLDEVYDSATDAE GVKATAILNKMVDANVFIISHRD HDPOAQYQHLQMKVKVGRFTV 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 | PHAO25 62 | 0.0 |
| 150 | 76426 | 76620 | 931 | MNEFTTGOHLLAFPELKRYVLL NLFSDERHLVTEEMLRDAFTGN EYNR/MSNRNPNGW/VEDYYD | 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 | MNFV/DVKDQVKNVRADSNPIN NQNRIRKSWLALTEETKQAK DKIKDSEARFAFYKSISIDEVAEK WIELMRKHYNESIKAGAVVTD HGERLENDYCVDADEQLVAA GQIVAAELTATFAA | 125 | ARN polimerasa de unión [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802994.1 | 5e-35 (71/123) | ARN polimerasa de unión | Fago_RpbA 789 | pam10 -28 |

Fig. 12GG

| orf | Posi- ción de deten- ción inicio | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--|-------------------|--------------------------|---|-------------------------------|---|---------------------------------|----------------------|---|--|---------------|--|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció n predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 152 | 77044 | 77745 | 933 | MKFSKETLNLKNFESTINSGIML KPGNFMTRAVINGTTYAEATIS DTIDTDVAYDILNSFLSILVGD DADIMQEDGNLAKDARSTIEW PAADPSTIVFPTKIPPFVANVII DFKGEDLQLMRVSRGMQDITI AITNVDGKVLRGYNKVEDAALT RPNYSLTIGDYEFGEGNFIN MSNMKMTIGDYKMLWAKMNG SKKQTAAKFEAGASASYVAME ADSTEDFE | 233 | Pinza gp45 deslizante de ADN polimerasa [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802993.1 (173/232) | 1e-94 (173/232) | Pinza deslizante de ADN polimerasa | PHA025 45 | 1.26e -86 | |
| 153 | 77794 | 78756 | 934 | MKLTVNEADFMWEQKYRPGTI SECVIPLAEDKEIFSAVAKGKIP HILIHSTSPGTGKTTVAKALCN DINAEMMFVNGSOCKLDEFVRGP LTAFASSASIAGKQKIVIDEFDR AGLAESORHLRSMEAYSTNC TIIITANNLDGIKPLOSSRCRVINF GKPSPSDVKPMQIEMLKRCCLAI CENEGVVVEDKKVVAALKVKNF PEFRKTINMLDHYSSKGVIDAGI LSIVLNDRSIEDEAIKTKNKE LRAIAPKYAADDYTWFVDKLSSSE LYTMVTPSILRMYTEILGENVNYQ HGIASIELHLVYMIOLVVEMQ WK | 320 | Subunidad gp44 de cargador de pinza [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_802992.1 (231/318) | 1e-140 (231/318) | Subunidad cargador de pinza | PHA025 44 | 3.56e -154 | |
| 154 | 78756 | 79322 | 935 | MSLFEDDDQYNEHQIAWLGKD WTKVQELSDSYKEAKENQFFTHI GSINEQEHIINSTADYSKEMI ENALSHQHPDCMPSVVVMNLVG OGLSDOAHYNNMASVPRGR RYGKWAALKTENIODALIQVIMT YYKVAIDARMYRETLEAKNI KPAKKMKGVLVTELVKITKNV KEQKNLKKTALEW MVKMIETLQKQPEFLVKVETLT | 188 | Subunidad gp62 de cargador de pinza [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_00285400 7.1 (118/188) | 2e-65 (118/188) | Subunidad cargador de pinza | PHA025 93 | 4.34e -63 | |
| 155 | 79316 | 79687 | 936 | RMGIANNKDKVLYQSCHLQKA GRYYIVHFKEMLKLDGPRVTIDL EDEIRRDSIAQLLADWGLLSINR GQTLAQMQNNFRVITFKQKHE WTLKSKYTGA | 123 | Proteína represora de traducción [Fago RB69 de Enterobacteria] | YP_861747.1 (96/124) | 4e-48 (96/124) | Proteína represora de traducción | regA proteína represora de traducción | 1.68e -55 | |

Fig. 12HH

| orf | Posi- ción de inicio | Seq ID NO.: | Posi- ción de deten- ción | Se- cuencia de aminoácidos | Lama- to (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 | MTDQEFYDKLKNRITAPEWFS LPIDEQIQYQVKETLEKYPGRKV MMCFTYDKNRVPRICKQVIEV | 66 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 157 | 79980 | 82688 | 938 | MKEFYISVELGNDIVIERTDST GEERMRRVPSPVIMFSHCMEE TKYDIQYCKKKNTFTMKDA RDWMRMEDMGMEAAMGMDD FKLAYISDYGSEIVYNNKFRIR NCDIEVATASQFDPMKALEYID AITHYDSVDDKFYVFIDLHSLY GSVSEWDKLAARLDSEGDE VPQHILDRVYVMPFNISEKEMML EYNLWEQKCPAIFTGWNIEGF DIPYIMNRVKOILGERAMKRFS LNKVSSKITNNYGDKEIYSIMG VTILDYMDLYKKFSFTNQPTYKL DFIAYYEETKKGKLAYDGPNINKL ETNHQRVSYNNIUDVESVQIDA VRGFDLAISMSSYYAKMPYQGV MSPIKTMDAIIIFNSLKEQDKVIP QSRSHVVKOSYPGAYVKKEPVPA AYRYIMSFDTLSYLPSIUIRVNIS PETIVGQFLKHLPLGEYINKTAPR PSDEYCSCPNGWMYRKDVG VIPVEIAKVFYQRKEVKKNMKG AKRNQELIKVLNDKFGTIDKF AEVNVYEDFSDDMKAEELLTYE ECLDKLMFECKHAELIGNTQL NRKLINSLYGLANQNYFRYDL RNASATLFGQOMAIQWIERKVN EYLNKUCGTEGHFSVVAGDTD SIYVCVDVIEKVGLERFKETND LVEFLNQFGKKKMEPNWIDQSY REMCEYMNNEKHLMFMDREAI SCPPLGSNGIGGFWMKAKRYA LNVYDMEGTRYAEPHLKIMGM ETQQSSSPTAVQNALESIRRM LQEGEESLQQQYKQFESEYRE LDYKVIAEVKTANNIGKYDDGA GYPDKGIPYHVKGALAYNRAT AGFEGITPIMEGEKVMVPLREG NPYGEKCMAWPSGTTELQPQIR QEVLWLDHSVLFQKSEVKPLT | 902 91-93 [Fago T4 de Enterobacteriá] | NP_049662.1 (675/900) | 0,0 ADN polimerasa | ADN polimerasa (675/900) | PHA025 28 | 0,0 ADN polimerasa | | |

Fig. 12II

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Siguie- rencia de aminoácidos | Térmi- no (as) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------|----------------------------------|---|-------------------------------|--|------------------------------|---------------------|---|--------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | GMSEAAGLDYEKKSSLDMFD | F | | | | | | | |
| 158 | 82758 | 83201 | 939 | MKSLLAVIVALTLTGQOMPGD IVPASSVGVRAIGGTIVGYRA SNOVSAESSLAYERLAKKEKANP NRQLSAMELDMEONKHELEEI KRLRKTKOERTCTAQAAAVND QIRLTDFANGGLSYNEHKQRM EQLKSLQNHYNKCMNSN | 147 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12J

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Posi- ción de deten- ción | Se- cuencia de aminoácidos | Lama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------|---------------------------------|---|---------------------|--|--------------------|---|--|---|---------------|---------------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad (31/61) | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 159 | 83212 | 83418 | 940 | MEAVFLILUFLFYFLPTFVACSR KHKSRGGIFTNLVFGWSSIGWLI ALIWSASNAQQNTIIQQVK | 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 membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 160 | 83427 | 84161 | 941 | MIVTPMTVQDIRQEFAADALLNK EFVIDKTGVKTEIVGASFIADEN LIFGAVNDGYIARELWYKQSOS LFVKDIDGE TPAWKAIASKHGEI NSNYGWAWMSTONYSQFANC AKELINNPDSRSRGIMIYTRPQM QYDFERDGMSDFMCTNIVQYL IRDNRVHAVNMRNSNDVFGY RNDYAWOLYYLEQLTKLLNAS GKNYSVGDIMWNVGSLLHVYSRH FYLVDNIAHTGETHAKKDYGK EWK | 244 | dCMP hidroximetilasa [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_00285399 9.1 | 2e-103 (177/246) | Timidilato sintetasa y pirimida hidroximetilasa | Timidilato_sint. | pfam00 303 | 1,55e- -21 |
| 161 | 84158 | 84994 | 942 | MIQFVIPSYKRAGAVTALTMFPE GYIPHLV/RESEKEAYETWHG HAAKIVTPDDVGIAIGTRLIT EMYAGORIVMLDDDTIHLTEI RERDRRVRPVPLGVGEAMSQEVF DDMVKYVE TAMDCGYYHGHA RLPIFKTSSWGHYRENSFGFT NTFYDLTKLTAEDIGYGIIDNE AYAFLKIMNGPHLALFKYLVK SGKVQSPGGCSTQRTATARQN RALEQLHAAFPNQARWKSKD ERRGLFGDDEPLKSRMCINTR VKSOAFAHEFGKVEPYL | 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 | VRAKALQGPLMINYDKSDVAGN IFKAEEFRCFVCKSDEFVHEGT TGSDGMHCWWHGMCVGCKIH YEIDMETV/VYNTKKRMNF | 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) | Nombre[organismo] | Acc No | Proteínas homólogas/similares | Función predicha | Nombre | Función predicha | Dominios conservados | |
|-----|----------------------------|------------------------------------|-------------------|---|---------------------|---|--------------------|-------------------------------|--|----------|---------------------|----------------------|--------------|
| 163 | 85325 | 86500 | 944 | MSDLKSRLIKASTSKMTAELTK SKFFNEKDVKVYRTKIPMLNIAISG ALDGGMOSGLTIFAGPSKHKFS NMISLTMVSAVLNKYPDAVCLFY DSEFGITPAYLKSMGVDPDRVI HTPVQSVEQLKIDMVNLQLEIAE RGEKVIVFDSIGNMASKKETED ALNEKSVAADMTRAKSLKSLFRI VTPYFSIKNIPCVAVNHTEITIEM FSKTVMTGGTGPMYSADTVFII GKROIKDGSELEGYOFVUNAEK SRTVKEKSKFFIDVKFDGGIDPY SGLDMALDGFVVKPKNGWYA REFLDVETGEMIREEKSWRAK DTSSTEFWGPLFKHEPFRDAIK ARYQLGAIDSNAAVDEAVAEAMI NSKVSTKVDGVKLPEGSVSAAS EVEDELENFMED | 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 | 86430 | 86840 | 945 | MKTEFDLESELLEKFEQESPSEE GDFERQERVFKKSHEIIQEAMK TVOEIVKLNGOSHLYVYVHKNI SPSGEVTFSTPSEAHKOELY PHVEACVKQIQQSALKTKKKSL WKF | 116 | Chaperona gp40 de ensamblaje del vértice de cabecera [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373418 7.1 | 1e-13 (47/108) | Chaperona de ensamblaje del vértice de cabecera | | | pfam11 113 | 2,81e -12 |
| 165 | 86850 | 88289 | 946 | VVETILANLYNOAFFTKVWYPM DKEYFEQGPQATVFNIIKKHVN EYTAIPSXTALCVALDNSSITET EHEGAKKLIDKLSDAPEDLNWL VKETEKYVQEAKMYNATSRIEI QTNAQLEPNKRDKRLPDIGAIP DIMREALSVSFDSYIGHDWMED YEARWLSYQINQKARKVPFKLISL NKTKGGAETGTLNVLMAGVNV GKSLGLCSSLADADYLOMGHNV YISMEMAAEVYAKRIDANLLDV SLDDIDDGCVSYAEYKGKMEK WRSSTLGRLLIKQYPTGGANA NTFRALLNELKLIKNNFKPTVIIID YLIGICASCRIRQYTENSFTLVKA IAEEELRALAVESE TVLWTAAQV GRSAWDAADMDSIAESAGL PATADFMLAVIETPELAQMQQ LIKQIKSRYYGDKNINNKFSMGVH | 479 | Helicasa 41 [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861732.2 | 0,0 (386/494) | ADN primasa- helicasa ATPasa | Helicasa | | PHAO25 42 | 0,0 |

Fig. 12 LL

| orf | Posi- ción de inicio | SÉQ | Siguencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------|--|--|-------------------------------|---|----------------------|------------------------------|---|---------------|---|
| | | | | | ID NO.: | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No |
| | | | KANQRWVEIEQQNDPTKPNPS NTVREGAGAQNRVAESNRQER VRSKLDALAEELKF | | | | | | | | |
| 166 | 88300 | 88533 | 947 | MIFVFSVIRDQSGRSFVVTASD SVHRCVIAYNKAQDLSSYDYGEV KAYNDEGIVVNSAIYLPTKNLTS DEVLEKLFKR | 77 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 167 | 88594 | 88887 | 948 | MKIVV/LALIFAV/SSCSAVPALAN YDKDLCESWSMTADEKDVAEIQI RADVGHIIDNTDPSKMKEVQAEL SNDDGAALKNYALYCDANFDNF TIA SWILG | 96 | Precursor de proteína de destello [Fago AR1 de Enterobacteria] | BA183046.1 (4796) | 6e-21 | Precursor de proteína de destello | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 168 | 88884 | 89102 | 949 | MITYVLVMAIMTGAGGVSTEKL SFTGMNESSLIAQKCEDAGKQF TGKADSGFGSPSYTTYKCIRI DGNNK | 72 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 169 | 89115 | 89282 | 950 | MKTKEFVKLNNEEMVAGDAGG NPQNIASGTTSGAVVNKGPELT PKKKRDKSKPET | 55 | Proteína gp61.1 [hipotética Enterobacteria] | YP_00159515 6.1 | 6e-13 (38/48) | Gp23 | pfam07 068 | 3,47e -05 |

Fig. 12MM

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID NO.: | Siguencia 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 |
| 170 | 89322 | 90344 | 951 | Mswdnefairaishlpkrfrhv ttststfklnrcrcpicgdsqkdi | 340 | Subunidad gp61 de ADN primasa [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159515 5.1 | 2e-143 (243/344) | Subunidad de ADN primasa | PHA025 40 | 9.49e -155 |
| | | | | Nkarfwifldagoglrcchcfnc eynkwlusoylkdinepdlyrey llekrkeqvfdkpktpkvepeksi naklpvieklnfcerdlrlpkeh pivkyvtarcipstswwkrlwft nwpsllynsvngtynknene prlvipfnkkgeiesfogralr knapokyitikahethatkygl tidesklvfvmegpidslfidna autggslilaqvpchdnrawim dheprhdptikrmkrldvagek vvfwdkspwkskdindmimke gataseitdyinqnisqlmakl rlkyaki | | | | | | | |
| 171 | 90554 | 90363 | 952 | msevkreckdkggfgrlyvg iataaalamnyvvplasthgl vlppmpmekvvsfimtgll | 63 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 172 | 90621 | 91142 | 953 | mpfneccsoliaqadkaearya givrkvggdplovmldmoksl qvrlandkpgtnmhpdealaqa gdivqwlrnqkyidyeidfrell tslggmsngekaasavwkpw kshvhkmqoetyikldsdqkle ikfemidilhfvlnmfmalglgs eeifklylknaenfarodsgy | 173 | dCTPasa gp56 [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159515 4.1 | 1e-73 (136/173) | dCTPasa pirofostatasa | PHA026 02 | 1.24e -79 |
| | | | | | | | | | | | |
| 173 | 91142 | 91279 | 954 | makrisrlkirkokerlavl alreeitredikeilkaltaal | 45 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 174 | 91310 | 91546 | 955 | maynniktfedhttadgevkgt vsavafkvysdshrianaqyqif psekayystvvdattaawattn akmfavpsdae | 78 | Proteína Soc de cápside externa pequeña [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861717.1 (48/73) | 2e-19 | Proteína de cápside externa pequeña | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 175 | 91625 | 911816 | 956 | micytkipwyqsslkkshfdcw yrgvraaallkaapalikand kwfeddinminteagalckrknl | 63 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 176 | 91794 | 92318 | 957 | vanaikynakiykvsloravos rsdangvrlqdqdriftvalys tedkdfkdlvnkffafgwcpva ilralhlkgytvnchetsleye ndisrgkiiidstdslietftklv wlymgadefkltspllqkaad | 174 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Fig. 12NN

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|--|--|--|--|---------------|------------------------|--------------------------|------------------------|---|--------------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| | | | | GYNSSSCLYRNNEWFM | | | | | | | | |
| 177 | 92506 | 9568 | MDFEMMEEPOEEVQVHPVIS KDIKDEYRIIIQKYGIKAPEALLD ELASIWSDPPPINSPWAK | 62 | Proteína Media_2 hipotética [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049637.1 | 7e-12 (36/62) | | | | | |
| 178 | 92578 | 93267 | 959 | MAISNFSISVLSKVPIEKPIRS IDVLNFARESKGLPYDLSVWE ALANRFDCKEQSILWQCMNNIK GEEFIKKLDSIVRRHQDNSDL YRGISCRESKAFYDALIKGEKF GFGKVASFTTDETIAREFAGKAW HYSTFVIEVNICHQSDFYHTN MKSLLIUTAPOSEFMRNDVIDNI AQIERSADIEIMIDEQERNMLPM GTFKEKAVGHNKVERKSGLMDY FSVTIA | 229 | ADP ribosilasa ModB [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_361709.1 | 5e-19 (59/178) | ADP ribosilasa | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 179 | 93345 | 94103 | 960 | MMKFTAETAKYTRLITLGSAQ RRNKEFLNLTPEYLFLNMQQTHC AYSGKEFKGTVKGHNPHPSMTLE RWNNINDIGYVMGNVIPKOKYNN TLRGNTTIEGLERKANEJARIV RSSDSVKPTSDIKEASRLKIRE YEKTTSIKTNLHNRENHLSQFY QKEKNIGTATSDALELINALRTRI SGGKSELAKVERKLSAIALSVIP NRPDAEIRVQSIRLIVSSLRL EECSNMLDKLKLKKGPLTASFF QLLRGM | 252 | Factor Std anti- signo putativo [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_361707.1 | 3e-34 (96/246) | Factor Std anti-sigma | ARNt-seri sintetasa | PRK054 31 | 1.55e -04 |
| 180 | 94103 | 94417 | 961 | MQHYGVVAYKDQDFDHPT TDMDYGERCVVFNEESANKA RKTMSVLTDKLAKGNFTGSK TKGMLWMIKTTTELVYEP LSDVE REKLKAKKNNHVVRVKA | 104 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Fig. 1200

| orf | Posición de inicio | Seq ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|--------------------|-------------|--------------------------|--|-------------------------------|---|--------------------------|----------------------|-----------------|-------------------------|----------------|--|
| | | | | | NOMBRE[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 181 | 94414 | 95745 | 962 | MITFDOLKESOKAIFNKVIEAKK QGAKGQHITINGPAGTGKTTLT KFIDALISQGISGIALAAPTHGA KKVLSKLISGMOSTHSLLKINP TYEEVNLFEOOKVKPIMASIRV LICDEASMYDRKLFKLMATIPA WCIVIAIGDKAQIRPVPEPGSNEP ALSPPFTHKODFLQLHTEVMRS NAPIEVAATEIRNGWIRDVCVVD GHGYRGFTKGALKDFMLNYF NLVKTPEDLFENRMLAFTNKSV DKLNERRRUYETERPFVNGEV VMQEPLTKELFEGKFSEILFN NGOFVRILDAIEITSFLGARGVP GEYLVRWVLDIETYGDDEEYA REKCVISSEEEENNIKQFOFFLAKT ADTYKWNNGGGKAPNSEFWD AKRKFKVKVKAFLSTHKQAQGI SIDRSYTPCICHMADASLAQQL LYVGTRGRYDVYVV | 443 | ADN helicasa [Fago RB14 de Enterobacteri] | YP_00285435 -2.1 | (323/442) 0.0 | ADN helicasa | DUF889 helicasa Pif1 | pifam05 970 | 5,03e -08 |
| 182 | 95752 | 96606 | 963 | MFEKLIEDLOTMIVGLQESKFE APDNVKRAINKIDIVMLERDIA GCQLREIKFMLEAONG | 84 | No se encontró una similitud significativa. | | | | recD | TIGR01 | 4.61e -15 |
| 183 | 95999 | 96688 | 964 | MAKDFIDFETFGNVSSSSVIDL RIKFDIKSOKGHLFGKSTLEW WKKOSAEARANLASTPDDLSV AGIKEAQYLIDNGHPWDOSFG WCRGGSFDIFPIVDCLRDVQR AQGISEEEIDTFKEEPCPKFWNO RDIRTAESLLITRGLTTPLPKG TLNGFAIHDSHDCAKDILMKY AQRYALGSEAPSPEDTDPLSL PKGRG | 229 | Exonucleasa A [Fago RB32 de Enterobacteri] | YP_802954.1 (154/225) | 88-89 | Exonucleasa A | dexA, exonucleasa | PHAO25 70 | 4,05e -86 |
| 184 | 96688 | 96655 | 965 | MEEFFDDEEFEMNREILPKI SPTMVLVAKALMAKGWDAGYM FGVGDVGCEISHR | 55 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Fig. 12PP

| orf | Posi- ción de inicio | 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 |
| 185 | 96916 | 97359 | 966 | MMKNLVGENVKVIGGRHIGKE GVIVGIFRSNKMSSYLLQLEN EDKAVYSLQKFVALESRDLDD SMFNESYLRKVWHVNSLDNVIT QSVESTNSATINSLUHKHNVLVTD EWEEDGKTLVNVFGQNYAVL PKADVEPTESORQGLV | 147 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 186 | 97424 | 97639 | 967 | MKTENIYKITAFAFEDILNPDLI VVOKEKTFGKREEHWTWLYVFA NHGDIVPVRTFARVITYDPEY | 71 | Modificador cef de ARNt supresores [Fago IS1 de Enterobacteriá] | YP_00292235 6.1 | 3e-07 (32/64) | Modificador cef de ARNt supresores | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 187 | 97639 | 98004 | 968 | MNFKEGVQYKFVNDEAEEEFS SRYEVNEDFYYELYEENGGSFTV TKYDRONNRVSGIMWANGTEC DEVGGEDLVIDSEFKYFTEVG TSANVPIPTLVMLSIHNRQAI AAJAALOSAYQC | 121 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 188 | 97998 | 98333 | 969 | MNLNLAPIFEASKLSYPIPNSIG NVMLQLSSETGEMCDWWRPW RQEKEEFGECADVINCVDAL WLHFRNIRHKNDTHVSDEDESM MVTRALNEQIMVKTOKWKDAV NANV | 111 | Proteína hipotética [Fago 44RR2.81 de Aeromonas] | NP_932366.1 | 3e-10 (37/102) | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 189 | 98320 | 98496 | 970 | MPMDYKCEVCGRKRIEMRKIS HRDYTVNCFNPKCEGQMKRVV SAPAVHYDGLKSGDY | 58 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | CxxC CxxC _SSSS |
| 190 | 98582 | 98830 | 971 | MKKLITALAFMIMGCTDADONAT RVLENAGTTEVDITGYKFSCS EDDFGHTGFKAVGPTGKTVKG TVCGSFLKKNSTIRE | 82 | Proteína hipotética [Fago T4p06 Enterobacteriá] | ADJ39724.1 8e-26 (52/81) | TIGR02 605 | 5,16e -07 | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 191 | 98913 | 99110 | 972 | MKYIITLIALVISIGLVSLADST ESSNEVQKSSIGIGVNGQVGK ISDNLCVNPSTGAEEVCF | 65 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | |

Fig. 12QQ

| orf | Posi- ción de deten- ción inicio | SEQ ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--|-------------------|--------------------------|---|-------------------------------|---|------------------------------|----------------------------|---|--------------|---------------|
| | | | | | NOMBRE[organismo] | Acc No | Valor de E e Identidad | Funció- n pre- dicta | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 192 | 99151 | 10098 | 973 | MIKNEKILSDREHIIKRSGMYIG SSACEAHDRFLFGKFQSVKYV GIKLIDEIDNSDEAIRTNFKHA NKISVDIGKNIIVTDNGRGLPQ APVUTPREGETIPGPVAWTRPR AGGNFGDDAERKTGGMGNGVG SALTNIIFVSFTGATCDGKNEI VRCNSNGSENISWEEHPAKDE FIKDGTGVSFIPDFSHFESTG LTDVQSIIDHDLMTLAIVYDPI EFKFMGRKVQGKFKAAYAQMYD ENAVVODSDTCAIAIGRSODGF ROLSYNNIHITKNGGTHDVL DELSENLIPALRKRYKYLEVNKAR IKECLTIVMFDMSNMRFDQT KERLTSPWGEIRSHIDYKKLA NAIMKSEDIHMPIEAMLMARKLA AEKAAETKAAKKAQIKAKVAKHH KANKYGIKDAADTTFLTEGDSAI GYLLTTRDRELHGGYPLRGKF MNTWGMSAADAMKNEKEVFDIC AITGLTIGEPANTNYRNIAIMTD ADVGGSIFPSLLAIFSNMPE LFEQQGIRFVKTPVILLTKGKEQ RWEYSLGEYEDHKDFKGWKL RYIKGGLSLEEDERYVIQDPV YDV/SPPENWKELFELIMGNDAA APRKTMWSE | 612 | gp60plus39 Subunidad de ADN topoisomerasa [Fago RB5 de Enterobacteria] | YP_00285395 8.1 | (44/16/12) 0.0 | Subunidad de ADN topoisomerasa | PHAO25 69 | 0,0 |
| 193 | 10103 | 10118 | 974 | MQRVWITLVSGDYGYMFÄEKK PLPGTVWTVWENSDGSKHEV YGRVSRVH | 50 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 194 | 10122 | 10147 | 975 | WKRSTIIRLTEALKYSVDPSEN YQELLIKRLLNSIADRLESNQSVPI NHSLFAMKVKVIRFLRPDKIADM KVIKSSGAVKC | 82 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 195 | 10146 | 10167 | 976 | MLKKSYVPNKELFDDAYREYRI IQRFFDQIAEEFKRDKOISDKI FTTNT/TAEEELLEVAEIKRHN | 69 | Proteína hipotética conservada [Fago A17 de Enterobacteria] | BAA83010.1 | 7e-16 (45/65) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12RR

| orf | Posi- cion de inicio | Posi- cion de deten- cion | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- no (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|----------------------------|------------------------------------|-------------------|---|---------------------|---|-------------------------------|------------------------------|--------------|------------------------------|------------------------------|--|------------------------------|--------------|--------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Acc No | Valor de E e identidad | Nombre | Acc No | Valor de E | | |
| 196 | 10168 | 10386 | 977 | MKIKCDEDEVIGSSDAEDSTFTIK ASGKAFLSNKLYYKKVRAVV RELSTNCDAHKLNNGNEHNP YIKAPTRLDPFRFVIRDYGPGLNH NDMMTMKTKFFESTKNNNSNDFI GALGLGSKSPLSYTSTFNVSY HNGKATGTYWMKNRGEPTIRP MFYDDMKDKEETGLEITTPVVK EDIDTMHYEAYILRTFGAVPPK VDSLREIEYPFPVQTDWFSVN SSYESYGLYAVYKGKVVVPISGV DVKADWLNLRYGKVVVFHPLG ELDTPSREELSLDEETIANIQKR VNALEEEVTAADIKAFEAXESDR EFIREFNKLSSKERSILQSRGTTI GNRDIKOVVAKYNLDKRSYY DNEVSYYVSCDEPARRKSSS SWHRHNCVNISDICGVDRTKAF VLIDDKAGKRIATVRALKSGELV PIWAHITVKIONEDELHVDELKK IMDTDEVVVFVYSELEAQRKAL PDYDGPKERKPSPNVLHWI DKDGYWEDROTLLSSEITELE GYAIGRNDEIHTFPDNWWWW NMSITDMRSLAECAGIKFYAIR PSAMKAAAKADGLSFDRFIDQ YIKCIDKVYDQYMPNSATGQR ICGNIAYDKLNFLSSKFATASGM KNPFTKLNIKIAKVCRTSKIDAE NDENNDLACNKYNIKLSSDAE TIFYKKIECFKDYPVIAVSLDT WRTDSKLVDDVKMELLGDAS TQNSENGE | 725 | Protector rIIA de la lisis temprana iniciada por protozoo [Fago IME08 de Enterobacter] | YP_00373415 1.1 | 5e-99 (250/754) | PRK140 83 | 1.11e -03 | Proteína de familia HSP90 | Proteína rIIA de la lisis temprana inducida por protozoo | 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 e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 197 | 10366 | 10477 | 4 | MAVTCLEI SEIOKDAIVKNFKNGLY TKKELAENYGVSRDTIRRKFKE REARA JAAAVPAKEAEPVEREF KWAASSKFSITEGRTTYNADS QHPGFKSALQKLVDGDIAGAID HINLEQGIKKFVQGNVRIEDGTL FYKDIELKSGLTERIVRAMEDEGE DFKRYLPFELNMLNNSPRAV RLDFFLNANDIDITDDGHFIGWK VVRSNYFDCAASNFDNSPGKT VTMPRNQVDEDQRTCTSTGLH VCSSKSYIGHFGSSGSDRIVSVKY HPRDVSIPDVNDAKMRTCG YVVEDTDTRWGSELR | 303 | Protector rrlB de la lisísis temprana inducida por fago [Fago JS98 de Enterobacterias] | YP_00159539 5.1 | 3e-93 (169/318) | Protección rrlB de la lisísis temprana inducida por profago | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 198 | 10481 | 10511 | 7 | MINFPNVSHSKV VNLRGTHHAA TVFCHHVVKHEGDVHYAMLHC DELVELGDDDFVVEPDTCNHDD RVYFGELHHRGIYGIQE QSPAEI | 98 | Proteína hipotética RB69ORF272C [Fago RB69 de Enterobacterias] | NP_861962.1 | 1e-20 (52/96) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 199 | 10504 | 10563 | 6 | MALIMNKALQRNLNQLRTFLDQN KLREGAKVKUDLTARYSLIDPS QDRDVLKRCRCAIAPEAYVADF LDGYYNDQVVDHNNNDPYEW AWDVLAPHYQGVREVKTH VHDRAHNPKPWINTTGKDGPF PDGSQNLGPMPFHKVADCLIF VAEEPVSONVIRYTPMFAGGIEQ LMEVVKPSRVYGGYIMHKF | 195 | Endonucleasa IV [Fago RB14 de Enterobacterias] | YP_00285460 7.1 | 2e-49 (104/183) | Endonucleasa IV | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 200 | 10569 | 10593 | 8 | MSYELEKSLRAKGNASIAEL LKEYRILESMINWHAIIACDNG DSTYGGLYPNGAAARDEHKD | 79 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 201 | 10612 | 10631 | 6 | KVKALEEKIRNLCI | 64 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 202 | 10646 | 10691 | 2 | MRSSSFDRFLNLMRTVLSFIVA VALGIVIAFGFIFYAIOAQVIIQT DGLKSLVETWEGQK | 151 | Proteína de disrupción nuclear [Fago AR1 de Enterobacterias] | BAI83281.1 | 1e-42 (87/148) | Proteína de disrupción nuclear | Fago_T4_Ndd | pfam06 591 | 7,83e -46 |

Fig. 12TT

| orf | Posi- ción de deten- ción inicia- lón | SEQ ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | Dominios conservados | | | | |
|-----|---|-------------------|--|---------------------|---|----------------------|------------------------------|--|---|----------------|---------------|
| | | | | | Nombr[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 203 | 10708 7 | 10723 0 | MIGGAGGIWAALCVSTLTTGET SVISQA-AQGTLSIIIIAAFSND | 47 | Proteína hipotética EpIS98_gp256 [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159538 5..51 | 5e-05 (24/47) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 204 | 10722 3 | 10736 3 | MIKKILGAALVAALLIYYGMIY GMIYIV/FISDV/VQICSLW | 46 | Proteína hipotética RB32_ORF257c [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803199.1 | 5e-04 (25/47) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 205 | 10736 9 | 10875 7 | MDIFDTILKOAGSSIDDLAKASNLL RHROKLSIDNEAKEAYAITYVEN RAIPNLDGFKPVQRVFIARALD LARGNKENFKHLASVAGGVADL GYHHGETSAODAGALMANTW NNNYPLDGQGNFSRSLVOSA AASRYFICRISDNFRKIKYKOTEA PVHKDKEHVPAYLPVPIPTVLL NGVRGATGYSSTSILPHSFESVL ECTKAALRGEMMPEVQFPKF NGKVICTEDGSVSLHGGYKETS RNSHISEIPYKFERASVYEVKL DPLEDAGYTYDDCSKTGF KVFRKDYLALSEDPEQRHAKIM KDFKLIEKMSOIVVIDENGKL DKFKTSGEURHFVERKIFTAK RIEHKIAETKQAFNLQAQAAQFI KEVIGNIVIGKTRKOLTKEIE QNEFLFKOHSEKLVSMNIYHTD DEAKKLAQEAKRLAQEVKYWE KTTPAEYLKDLLEL | 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 topoisomerasa II | PHA025 92 | 0,0 |
| 206 | 10898 5 | 10924 8 | SHYVKGNNAVDFEVNREPM RQVIAASNYEDGEYQVVLCVY DDEVVV/KLENGDKFLIFNV | 87 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | |
| 207 | 10937 3 | 11001 7 | MSKTYIKASEDALNEKTAAILV QVAKKDFITSSSELREIETMINA SSVNSNIGVLIKKGLEKSGDGLI ITGEAQDIISKAVIYAEENKPEL LKKRNTRKARPITLEDMNEHKDL MMKLGEMEDILPKELTYRS NYIAVLEKRTFGIRSLLEVNNKG FRIGYKISEEEHQKHTOLGMS | 214 | Promotor medio activador [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803196.1 | 3e-76 (145/214) | Promotor medio activador | MotA_activ | pMotA09 114 | 3.76e -32 |

Fig. 12UU

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------|--|--------------------|------------------------|--|--------|--------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No |
| | | | | CRVATGNTYLDIARTAENETIIRSIKEL | | | | | | | |
| 208 | 11001 | 11018 | 989 | MELWEIYEDDNINRGSIFIKALD K-YHAEIUFQLQQQTYINESRYL IKLAMFIVE | 56 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | |
| 209 | 11018 | 11052 | 990 | MINKFKVNLNEELQRCAVEKVLNA NIPPTDCWDMWFRGHFIGYIDKK FTKCYANNAADGKHMIDVNQ KALAKFVPLAEAIVNSMEWLEKI QGEPVIRQGIREKKSLSWQKIKG 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 | 11095 | 991 | MISKFSEQMINKFIDASRHGALI NEPEEVSPIECFKVADWWGRR LLORRIYCAANRFELKSGGTIVV PGTRHYSVDMANVLDMFRLKL VSDFHVGDNNGFVDQWGEFF TREEAUJATHAGQVNNTVRPKSG PANELFSEDLY | 141 | Proteína hipotética EME08_gP240 [Fago INE08 de Enterobacteria] | YP_00373439 1.1 | 1e-36 (73/113) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 211 | 11095 | 11125 | 992 | MISTLKNINTLKIORKSLORSLE KFMKTLMDEKEVCPFSHPPFNGG AKPFLAEMYKMTTEEMIKDYYI KLECKEDKV | 100 | Proteína hipotética RB32_ORF280C [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803192.1 | 6e-15 (38/80) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 212 | 11124 | 11146 | 993 | YRAISAKADYFINSLRSEKAGIK RFILELGYVHAGDLKAHOECGI AKRFDITRNCLNEVIAHVQPSSE E | 70 | Proteína Arn.1 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861950.1 | 3e-14 (37/67) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 213 | 11143 | 11156 | 994 | MYNPVAKNDENFGGAHKDKRR AAKESKRIKQHKGDNAHSE | 41 | Proteína hipotética RB43_ORF288c [Fago RB43 de Enterobacteria] | YP_239264.1 | 7e-05 (24/35) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 214 | 11170 | 11182 | 995 | MVHDWNNNGITFTVAJIANVEPEE VLEQFQKCVDAYDIGDYL | 40 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | |

Fig. 12VV

| orf | Posición de inicio | Seq ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|--------------------|-------------|--------------------------|---|-------------------------------|---|--------------------------|----------------------|---|---------------|--|--------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 215 | 11182 | 11214 | 996 | MNTETLREDEAKAYHKRVELL SAIKVEYTLQVRLKVLNNSWAND LEVHKLEQAVMFIFTQEAKSGPKF SLSADAFHYGIMTIKAKDRGDIIS GVEVIESLGNRGEVVA | 103 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 216 | 11214 | 11240 | 997 | MSHNLESVIESORYLEALMNIKI AL GSLSLIDLSFOEAMDVCHWMN RRVRPIGKEWLTAKVKGDRY GLWMESSGAEYITTKEDLNSRW ELA | 88 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 217 | 11247 | 11274 | 998 | MTKFEI/QEIIVTVASILTKFNAEH IMEKRDEFIAFLNEIGKNEQGR QLNQSMFRKAVSEL TDEEKRL VEEYNNEGFSIYRTMAHNSNK | 90 | Proteína AsA anti- sigma 70 [Fago RB89 de Enterobacteria] | NP_861947.1 (53/85) | 2e-22 | AsA anti- sigma 70 (53/85) | pjam09 010 | 1,02e -19 | |
| 218 | 11340 | 11275 | 999 | MASKSIPFFDMFLGLLELFKD GATGRVLFESRVFVILLALLAFA GYKSDSLITATVDSYDKYDYL VQKORDTREFONTALEQLQINVHI SSGADFSAVFTFRPKNLNYFVD LIAYEGILPSTVDSKNLGGYPD KTSAEYSTHLSGRYFWTDKEFV FLPTKRPPEISYMFSCPYPFN DNVYAGTVEMYWWNSKPALSN ERLTSGICGOAVRALGRK | 218 | Mediator del lisis de holina t [Fago RB89 de Enterobacteria] | NP_861946.1 (132/217) | 4e-75 | holina (132/217) | pjam11 031 | 8,03e -75 | |
| 219 | 11397 | 11343 | 1000 | MAVTGPWVGSSAKAETGEFW MAQAGAKLRLGTPFMWSNMIG RSVFNFSLTVQYRNWNINYYR GSWVQGGWMWSPKPTTKNTV QGINFEKEVTLFVSVSQGGGV NYWNGEPOGTTLGIRNGDAINL RVMMSEGTTEDFTPGMRDGV RNYQUASNDDEANKLKWNWFSDR TDQYWMQGLTRR | 179 | Catalizador gp38 de montaje de fibra de cola larga distal [Fago RB16 de Enterobacteria] | YP_00385856 0.1 | 8e-23 (73/183) | Catalizador de montaje de fibra de cola larga distal | GP38 | pjam05 268 | 8,30e -12 |

Fig. 12WW

| orf | Posi- ción de inicio | Posi- ción de deten- ción | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | | |
|-----------|----------------------------|------------------------------------|-------------------|--|-------------------------------|--|--------------------|------------------------------|---|---|--------|---------------|
| | | | | | Tama- ño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e Identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 220 | 11858 | 11401 | 1 | MADQNLKQIFKRTSTENKAPG ADVARGEVNLTHGRTLAYTK DEADNVYVQLAGKGPFLDTAG NLNVDGTTLKDNYTISPNIKAIN FEATDLSGAIRHIVGKCATND GWYIGAGGTNSNSGLEIGTIDDG AETIQFVQRGGSGNVEARKVLL DGSQNTTLPGDURLSLTNKTVKI NINGSTIVLEMGVSSNDAYKRN QRGVGVLQLTNSNLTRFNSQ VYYAMNGRGPKGKSGTLLTNE NNRQIAWQYVISAATAGTRPWV KVATIKHPGDAASSQOLDUMITGGI DSGHGRHVDFITLGRNLTS WTSNLNDNWVERRIGSPNKG NVEPEYYVVKNDAAATSEASFDF YAKPVPYRGLYTVLNAYEYN GODSGKVIYEYGQDTGATTPS GSILVSMKQVFDISKPDPSDTT GTLPVNRGGTGATNVGDAARN LGLRTAVIDVYGESSIONMEV GAFGIGGGIGKSLVDITSDVOLM TRIKALGGTTFRANVASYGTGA PYYSHGAGFFFSRTGDTMSALNI DYATGNVRVFAINDSGLASGRV NSNLYGTANPKSKADVCLGN LTNDTOVKAGDITGDLTVP NLHASGTTGATSVYVNAGSGNA HWFRFTGGNERGVWATPNTA DLGQINIRAKTTGDSAGDFSF RSDDGRLDVDPVAVK/VUGGAAML KDGINITSGSMF-GGNLNNYNTSI KNITTGDSKOVSKTGDTMTG NLTMANLKVENPNQSMVOLGS ENSDKY'SRLTLARKV/GSGAAVA MLKITPEGVYIQFGYQDAVATPA PSKYIRVKPDGLDVEGLDFNQ TYRGTEDAINITDKTDLNINMVA KGSDLGTRQLYKCUSSGGGSN ISNKPTSDGNFVLEVLSRKISD SDWTCKQIFTTKNGNVEGTV RYCQNGTWSAVKEVVAQVQPI NLGGTGTATSVAAARNLIVGVE GOSVKFGWLVVNGVGTSDFTI | 152 | Proteína de la cola en forma de L [Fago K15 de Kloissiella] | YP_00358011 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 | 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 |
| | | | | TFKNGAVVREAQGGSTGALIMSVATAAASAKYAFRPFQDSSGSEIRVKANGSEPLLEWSYGPGLRSNDGAFIVYAKTGQUALHLRPNGDDSNQATVIDQKGKMTVUGEFFEAGONSKITGILNVSEDNRMIVLGKNSDGLVIKKNGMPGKMAIGKSNSFTVWVANTNNQINPADTFSDIFK/DASGNQTYVGNQI NRQLITVTSNTLNSDLVKGNSRFSGVINADGININVASKFVIAQCAPTONSHLTNKVYDDKVVASAINAGDQYLPAGGTVTGTLIVTGNOIKITSLWTTGDAAVNGVLTVDGKARPNOCIEFSVTSVNVONTGNSHVFRRKADGTEKGLLWADEPGNVSIRAGGASGPWNFWASGSCOFPGAISNYNGISTTNYPAGDOPNTYNTAGLVRSFINGAYASLYFQEYVGNFHQAIINVNGFRDSDFYFRAGGFICTRINGSEDIVERSDRRAKSDIKVIENALEKVIETLSGNTYELHNTSGGTRSAGLIAEQEVOLPFAVTQDIEADGGLRLNLYNSVIALVESVKELSAEVIGLKAIEELSK | 220 | YP_00355010 (120/223) | 1e-59 | Conejero de bisagra del conector distal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Kleissieila] | Fago T4_sp36, fibra de cola de fago T4 | p1am03 903 | 9.26e-51 |
| 221 | 11926 | 11859 | 1002 | MADLKAGSTVGGNPWIWHAGTFPLVAGNLSLTYRGKKVYTEIDKPOAAONDFVSKANGGSYSRIVTFETGLRVOTTGGGGMELVNGFVDGATLNGVAKITTWWGLGFESNSGSNGITIAFDLRSGNITTGGITSSNNQVVAAAAPTANSHLTRKDYDELINTVSNVANAAVKAGDTMTGVLRANAGVIVVICKATSGEVAPRLQVISRGVTIDFGTY | 220 | Conector de bisagra del conector distal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Kleissieila] | | | | | |

Fig. 12YY

| orf | Posi- ción de inicio de dete- cción | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Proteinas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|---|-------------------|--|-------------------------------|--|--------------------|---|---|---|--------|---------------|
| | | | | Tama- ño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E _o identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 222 | 12045 | 11931 | MADPLMAAFGEDEFVETRILSEA NSVK'WLIKAYATHSNAPVNKP ELNINGAFAFDMTSSLRRGIVVQ VNGDRFINIKIFDVTTDDNNAN NIKAFVEYANGLTSGLYIMMTHER FQSSPLIDRMFKNMWSASMPG SDFSKSFNSAYVGVLGAAKG RILIESEYGNNDGKVKEEDSRAKY DTYYDNVGDVGYTGCPRSIE DTNEYSDSTGTYEYKRYPVONE SISIKIADYGLSPGDSVFLVCDM YASKSLLDAGSTTRASLRWFKG TSLLSSMNVSLEVPKNGADRMLR FERFTAVPTDADGETIVVSRYP KTSMVGDSSKINLVFVQTSHGE QLNSMVOEFGVNGIRMNKGVEG GTTMMELPN SKVDPSGVIPVQ SFRETSD | 378 | Conector gp35 del conector bisagra del proximal de fibra de cola larga [Fago KP15 de Klebsiella] | YP_00358010 8.1 | 9e-110 (203/371) | Conector de bisagra del proximal de fibra de cola larga | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| | 4 | 8 | | | | | | | | | |

Fig. 12ZZ

| orf | Posi- ción de inicio | Seq- ID No.: | Se- cuencia 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 |
| 223 | 12429 | 12045 | MSDLIKQHFRATNGLDAGGNK VINVALADRNVKTDTGVS/EYV GRRWIAKNDIPIKPGAGEFNOAN WTSLRVDPNMITYVRKGFFEQ SGQFINVDNSNAAGNATLPLA PDEGDTIVVRDICKGRPGYNGILI KAQDTGASIVFGESELREVRLT RPSQIMLTFNSNGAWRASLTDF GDTAKAVKVPNGIVPTOVOSGD NVVRRTTSNSEIFITLPLFANSN DIINFIDLDGTSPINHMVT/RTFD PTISICGPQTEIQVRTSGSGFL VYDAIDKWRIFENDLRLTRVRLT SDVTIMPNEHISUFGADNSTVK TINITLPDVAVGDTVKIAMNYM RKQQTIVIKASDGDOTIASNLNL QFPKRSEYPDDAAWQSSSITF NGTTSYVVPVLELAYIEKDASKG SYWVTE-SOPTVERVIDAKONT RARLGIVIALATQOANAESENPE KELAITFETLNGRRSTETOTGIA RIATSGEVNOATTASYLDNVNT PKKLNERSATETRGLAEJIASN AKMDAGSTDDFTINTPKLLYRT TDSRSLGVQLVKTGGAPNITA DRSSAGTGFDHSYDKNAVTPK TLREYKATVNOSGIVMLASDE VRNGTIPASSNIPTV/TPESLHK KVATOGAIGLIOIATOEVNAGG VTNKAVTPTLNDRTAINDRTG IARFAUTGAQGEFEAGTSSTM VNPKLFLDKFANTSRCQVNTSS GLTTITGILWDHYTINIOEASTSQ RGTTTLATAAEVRTGTDARKIVT AATLHAKTATEGAIGLALOYATQ AQVDAGTLSDRVPPAYLKQTO VTESIQCATDSURGT/RLSTGD GTWKGINDTGSTLPGDNGYASK GVAVSEPELNLTIKHYLPRLGK AYDTGMGLGGQTDPKLYARRDIA QTISGAWATFSQDTVFNINNISVQ NILYANGGEV/KISPTADTGNAH VRFQNRDGTERGYIAETQAS | 1281 | 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 | PhA025 84 | 0.0 | |

Fig. 12AAA

| orf | Posi- ción de deten- ción inicio | 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 | |
| | | | AGNLKIVRKNGTGTAAASCY GNTIVGGTVWVKDTVLLTETON AIGARSHSAFDTRADATQFAR DNTNSYPILTTKNYARLADGRY VKKAGDTMTGNLNINSSAIVITG SESWYVPTNDTVLRQGSWTAE IKDATKLKGRLGYMVPRTIDP ANPSTLVVYGEEEKTAAGGVLT QVGVTINNTYQLWTPYPTE TADKRFAHTVWMRINYNPNLNKF DDWMRMVFTSATPPTAADIAPS SVSTOVKTLLEVLEWIKLGPKI WPDRPNQTLKFEMVYGD | | | | | | | | | |
| 224 | 12437 | 12530 | 1005 | MSDLNCLFAEEQDVKEGVILLDI SQIAMATILHYKEGDKLTTPMV RHLLSLTKFENAKMKKKDGTTK VICVDNAVGYWRDQVAYYK KNRAKAREESNWWDWEGYFG LRTVIDEFKQYMPYVIDIKAЕ ADDIAVLTKFSELEGHPVIMVS SDGDFTQHLHYPNVKQWSPM QKKLYKSITGSPALDCMVIIK GDKKDVAISKVRSDFWYTHV DGERTPSTKMTFVEECLDAGE NIKDLTEEOYKRFLENVLIDF DYIREDIVANILDCYNNYQLPGR GKIYSYFKSGLSKLMKEINF | 308 | RNasaH ribonucleasa [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049859.1 (202/306) | 2e-114 | RNasaH ribonucleasa | mh, RNasaH | PHAO25 67 -127 | 4,40e -127 |

Fig. 12BBB

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Nombre[organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------|--------------------------|--|--|-------------------------------|---|---|---|---------------|---------------|
| | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad (54/86) | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 225 | 12531 | 12558 | 1006 | MAKKKEQVVFDEAVHGOALR DMEKEASGNKLKAESYLLENKDI KDRAKKELGVEFGKLFNQQLAIF HKGTRDDRFETEKDEVVEAYDSI FA | 90 Proteína Dsba de unión de ADNc [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373438 0.1 | 1e-21 (54/86) | Proteína de unión de ADNc | Proteína de unión de ADN de cadena doble | PHAO25 99 | 1,94e -24 |
| 226 | 12556 | 12586 | 1007 | MTLSLKDGETSPSESINOLL DKOANGFAIESMVTTELGMGYLE ATTQWILEENSPIEGNSFRYIPP AIEKIMSEALEENMLRPFSQT HKTNSLDFLL | 99 Proteína gp33 accesoria de trans- cripción del promotor tardeo [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861938.1 | 5e-25 (54/84) | Proteína accesoria de transcripción del promotor tardeo | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 227 | 12586 | 12632 | 1008 | MIRLRMPQNNNRVYNGSYYL LYLMLKQHFAGRDYDVVYNNVV MRVSDKAYQKRRDKYFFEKLA EKTULKELTIFMSNLVANQDA WIGDISDALIFYREYGRLKQI KTFSEDVKNIYFFAKKVNVDKL HDIFEFYNEKVGTSVYFKLLOS VISFETMFLDSFLDINTHDAT DNLVWSHYSTKLAKYKLLNVD GAEAKRLFLSIIKSCKEISI | 220 Cargador gp39 de ADN helicasa gp41 [Fago JS88 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 | 12750 | 1009 | MFKRKRNPAQLQQLAGLKGS SFSNEDKNEWKLTNDAGNGQ AVIRFLPKDODNSLPLPVKLINHG FKHAGKMYIENCSTHGDIFDS CPVCAHLSKNDSYNSNPAYEYKL LKRKTSFWNLVIKDPANPENE GKVFKFRFGQKUMDKINAMYEV DVMGEFPVIDTCVYEGANFY MKVKKVGGFQNYDECFLGQS EIANINDEETOKFLTEMADLSE IVAPSQFISFEVNEAKFKQIMG TAALGAAAKAAAQDQKGGDL DSFDKQSLDFESKPTSSRSADD IMGDACGDSVGDDDLNDLNDL | 305 Proteína gp32 de unión de cadena única [Fago JS88 de Enterobacteria] | YP_00159536 4.1 | 9e-104 (202/284) | Proteína de unión de ADNc | Helicasa C de T4 | Pfam08 994 | 2,67e -28 |
| 229 | 12763 | 12789 | 1010 | MGKLNDIVAEPYINKSGFCFTDLI FEDGSRFYDTDGHGIDFDLVIKE GPGGGMPNIDLRSKAEVRAW LEANEWEDIMMEDWKE | 85 No se encontró una similitud significativa. | | | Proteína de unión de ADNc | PHAO25 50 | 5,68e -109 | |
| | | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Fig. 12CCC

| orf | Posi- ción de inicio | Seq ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|----------------------------|-------------------|--------------------------|--|-------------------------------|--|---------------------------|----------------------|--|---------------------------------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció n predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 230 | 12793 | 12815 | 1011 | MAQUTVEIYDYEHFIEITIEKYGLI EVSNKSAAPWGGNEITVEGDTP TLWLMLEQEYFPGMIDCRED | 73 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 231 | 12815 | 12852 | 1012 | MKLNEYTRIPSLAAMEWDLSS GNRNRMLMIEEHGSFFPTKM LDENDNSFEVVKPKDGTTADE GFGDAFEISDFEFKFYFEPYEEI GSAIQPSPTRLDLIVTPENAE MIDLKKVFKK | 121 | Proteína Frd.2 hipotética conservada [Fago RB69 de Enterobacteria] | NP_861934.1 | 3e-08 (45/130) | Proteína del bacteriófago FRD2 | pflam03 197 | 3.59e -11 |
| 232 | 12858 | 12885 | 1013 | MKLRQSIKLSEYRGKWNFCI CDKNPEELERVEEVLCOMEAP FTMGGETYYWNDYCDCNCPY EDGIGSGFWIPWIPDEEEFKKA KI AKAKC | 92 | Proteína Frd.1 hipotética conservada [Fago RB16 de Enterobacteria] | YP_00385846 3.1 | 4e-25 (53/89) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 233 | 12893 | 12925 | 1014 | MSKFSVTGYPVNIRNCDFEIP GVTHIELVDPHSRNQVSQSKI DSAYGEFLINDQVVAISAGEQ AGSUYLKREVFEESAIKEGFK TLOSMIKASEVKSCGF | 106 | Proteína hipotética RB51ORF237 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_00285419 0.1 | 6e-06 (39/114) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 234 | 12934 | 12950 | 1015 | MENFAIDYODLIWWDGREW VTCAMSNIDSAAIKRLQELQQK WEDGIVVERFY | 54 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 235 | 12951 | 13011 | 1016 | MIOIYAFAPTKTVGDGKNEAF GLGEGLPWKHISDMKNAFR TRDTLGAKTFMSFPEPLGR KTIVQDMSRALATAKGFFAD AVYSELEFIGELGDDIMAHTSY NSTITFNRLNYSIGGAGIOKA YPYADRIQITIIRKSIRVNSDV LPAEFVATPMWPESGFIFTKENH WYHIDEVNISEVYERKL | 199 | Dihidrofolato reductasa Frd [Fago ME08 de Enterobacteria] | YP_00373437 2.1 | 4e-44 (91/197) | dihidrofolato reductasa | DHFR 1, dihidrofolato reductasa | 2.29e -14 |
| 236 | 13009 | 13041 | 1017 | MSANYDITQLEDKVQKRWKR FPPKHGHLLVFSYNGLSTYNG STTYNFRNGNPIEIERDYKMF IGMSHGNVTVNDVVSIGRFE KRGDQFFFPLQEKNA | 105 | Proteína hipotética RB32ORF229c [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_00285456 7.1 | 1e-06 (36/116) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12DDD

| orf | Posi- ción de inicio 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 (217/286) | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 237 | 13040 | 13126 | MREYQELIKDIFENGYEITDDRT GTGTAKEFGTOHREFDLQEGLPA TNVKRAWKACIAELIMFMCGS TNVHELRLOHDSSLLEGKTVWD DNYENQAKDMGYSGGELGPVY GKQWRFMVGVDQLKLJUDRIKQ LPYDROIVTAWNIPVLDKMA PPCHLYQFNVRQGHDLQWY QRSDVDFGLPFIASAYAALVHII AKMTNIKPGHLVETGANTHVL NHEQCKEILRREPKECLCELEIA FPDTYETWOTSSOIRWLEQFA RPHHFELVGKSHPTIKGKMAI | 286 | Timidilato sintasa [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803170.1 | 3e-134 (217/286) | Timidilato sintasa | thyA, timidilato sintasa | PRK018 27 | 3.21e -96 |
| 238 | 13126 | 13146 | MNIREFRVKGHOSHOSKTVLGEHQD AFSSDPEVNIDTIVFDGTEQRV LSVIKSFEWSIGKTOLICWFEDV IT | 63 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 239 | 13146 | 13177 | MKICRVVNKYHSDFDVNIORG MWIGNYVGKODCDNRDPAIAAFK DDFIAKRNGEIKREHLETLRGM RLGCCTKPHI PCHGDIALV/NKI FKOTFELDCLK | 101 | Proteína NrdA_1 hipotética conservada [Fago 14 de Enterobacteria] | NP_049846.1 | 2e-36 (71/99) | 2e-36 (71/99) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 240 | 13176 | 13400 | MOVIKSGVSOEFDMOKIILKVE WACEGTIVDPYELYIKHSHLR DGMSTADIQKTVKAANNSISID EPDYQYVASNAAMFERKRYVG QEPPAFIDHISRCVNANKYDK EILSKWVAEFTILDSYKHERD FTMTYAGTMQLEKYLVKDRHT GELYETPOFAFMIGMCLHODD GENRLAVIRFYDAVSTKISLP TPIMSGVRTPTRQFSSCVIEG GDSLNSINEAAASITKYSKRAGI GINAGMIRAEKGSKIGFGEVKHT GVIPFWKHFTQAVKSCSQGGV RGGAAATLYYPIWHLLEVNLVL KNNKGDYDENRURHLDYGVQINN LMIERLKNDYITLSPVCLGAL YEFRDAQAERTLYTELEKNP DIRKKRKARELFLFLTFERAGT ARIYPYMDNVGEYGPFRDVA TVKQSMLCIEALPTSVQGQD GEIALCILAAFVLDNFMWQOE | 748 | NDP reducida NrdA aerobia, subunidad grande [Fago IS10 de Enterobacteria] | YP_00292257 1.1 | 5.0 (572/751) | Subunidad grande de NDP reducida aerobia | nrdA, subunidad alfa de ribonucleosido difosfata | PHA025 72 | 0.0 |

Fig. 12EEE

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO.: | Siguencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-------------|---|---|-------------------|---|-----------------------------------|----------------------|-------------------------------------|---------|--------------|
| | | | | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | EVNEIAEVIMVRALDNLLDYQDY PVDKALKAKDORRALGIVGTTNYA AWLASNFASYADANDTHEMM ERIYALIKASVKLASEKPGCAL YKETRYGRGELPIDWYNKRIDQ LAAPNYYCDWELLREDLKRYGI RNSTLSALMPCESSSOVSNSIT NGIEPPRGPVSYKESKESEGSFNO VVPNVEHMASLYDAMOLAKQ GNKPYLINGQVLMOKFDOSISA NTYDPAFPKGKVEMSVMMMD DLLYFWYFGGTLYYHNTRDG SGNDODMIDSADCAACKL | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | |
| 241 | 13400 | 13464 | 10222 7 | MNYQNVYNSLISRARESLLG YKETHHIFRCIGGSDDKENLVE LTGREHFIAHMLCKIYEAFGLK KAFLGMLCITGKNRSYKVASSQL YEGKRRLSEAATGRKASIETR EKISKSUKGREFTEEEHLANMRK PKTEETKNNIAAAKYGVLNPMY GKISPTRDVPHTETRDVISLRT KQGTEYPCPHCAGKKVNGNA | 213 | Endonucleasa buscadora putativa [Fago L27 de Enterobacteria] | ABA03236.1 (193/213) 4e-113 | | HNHC, HNH nucleasea buscadora | cd00085 | 2.82e -04 |

Fig. 12FFF

| orf | Posición de inicio | Seq ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|--------------------|-------------|--------------------------|---|-------------------------------|---------------------------------|------------------------|--|---|--|--------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 242 | 13464 | 13578 | 1023 | MSTVFNKEPKDINNEPMFLGS GLGIARYDVORHKVFEELIEKSL SFFWRPPEEVNVMDRGQFEKL PEHQQRNIFTDNLYQOSLDSIQ GRAPAAVLSALISDPSLDWTWQ TWTSETHRSYTHIMRNLYV DPAKIFDEVLDEAIMKRAESIGV YYDDVIAKTRAWENAKNRCFN QDNIEIKEAKRDLMIKSLYCLHV INALEAIREYVSFACTFNFHNM EIMEGNAKIMKFIARDEOLHLKG TOYLROLQOTGTGEEWVIAK ECEQEAEIFMEVNRIEQKDVAI HFRNGCLPGUNVKILHDIDYL TVSRMRSCLGPCTIDAPTRHP IPWIREYLNSDAVOSAPQEVEIS SYLVACQDNDVDDVLIGFKRYL | 380 | NP_049841.1 (306/388) | 0,0 (306/388) | Subunidad NrdB aeróbica, subunidad pequeña [Fago T4 de Enterobacteria] | Subunidad pequeña de NRP reductasa aeróbica | nrdB, subunidad beta de ribonucleótido difosfatasa | PRI091 01 | 3,79e -147 |
| 243 | 13581 | 13623 | 1024 | MNDIANEFSEKIVVQLELEPDFS IPVVLANKVNVYAAVDDDELV YIGTKNLRKRNYYRTAINRKD OTSDSAKSAAKIEEALMAGKVE FYARQGFLNLLNELGEMSIST MDLEEFMFIIKKFNPWPNTQHK VKKC | 138 | YP_00159535 1.1 (108/137) | 1e-58 | Endonuclease II DenA [Fago JS98 de Enterobacteria] | Endonuclease II denA, endonuclease II | PHAO25 98 | 3,38e -49 | |

Fig. 12GG

| orf | Posi- ción de inicio | SEQ ID No.: | Siguencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|----------------------------|-------------------|--|---------------------|--|-------------------------------|------------------------------|---|---|--------------|---------------|
| | | | | | Nombrelorganismo] | Acc No | Valor de E e Identidad | Funció n predicha | Nombre | Acc. No | Valor de E |
| 244 | 13622 | 13737 | MLEYKNNLMNCLSESSEVAKKFY KDFTGPMGKFRVFSYHASY SEWLKPDALECRGMFEMDGD TPRIASRPIEKFFNLNEPPLTM GIDISDEYIMDIKADGSLVSSYV DDGYLYLKSNTSLYSDOQARDAS ALLNSEEYSSLHQVILEALALDGY TYNMEEFVSPNMRVVLAYQEPO LFLVNVRNNTTGEVYKODLYA NAKIRPYLNAYGISDPTTIVEG VRELEGVEGYIAVLNTGORFKV KTEWYSAIHLHTKDSITSNERLF ASVVSANSDDDLRLSFAGDEYTI KKISAFEOAYLDLGKSLELCQ SFYDEYRGRARKDYAIAAQAKT VNQRHLFGVIMINMYEGTVDVD KLKDQIERVFLKYWMAGYYPKKEY EKEIESEE | 383 | ARN ligasa A [Fago RB59 de Enterobacteria] | NP_861926.1 (186/376) | 8e-109 | ARN ligasa A | mIA, ARN ligasa A | PHA025 89 | 6,98e -147 |
| 245 | 13743 | 13794 | MDDMOAITIDMAVVKYGTHSDGI FWWNGTKKVGFVTLRTHMAR KEAARKKOEKEYTRVNEORAE ALPEAVDEMIDLDNH-LAKYGA EVFKNITOPNVHANGCKCYIV DPIYGKHLIGMHRNLYNSEMA EYEAFCFKCPSSESDRHLISG LSRDIVEVILKLCISK | 169 | Inhibidor de la transcripción del huésped [Fago T4 T de Enterobacteria] | ADT39948.1 | 2e-46 (94/167) | Inhibidor de la transcripción del huésped | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 246 | 13793 | 13828 | MILKINTTWLIGVLA SAGGLKY LSWRVENILKA DKLVYQIDESDR QAKEIENGVSIK NLOTTKGYQ ENRAARDTSNAKMKNDSKRGN VVAAMPGLVEQKINASENKFAE DICEATR | 117 | Proteína PseT3 de membrana predicha conservada hipotética [Fago RB59 de Enterobacteria] | NP_861924.1 | 1e-12 (47/119) | | Proteína hipotética | PHA021 41 | 3,41e -03 |
| 247 | 13828 | 13857 | MKRSILAMCISLLAGCSSAAPD VPVLHAPEWPDPIQKWE GHWEV KVIDGKAWVGMPEESEOEYRI WMNDILRYT DANGMICYYRSE LKEPRCVK | 95 | Proteína PseT2 hipotética conservada [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292256 5.1 (53/95) | 4e-24 | OM_YII0 | TIGR03 302 | 6,31e -03 | |

Fig. 12HHH

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|------------|--------------------------|---|-------------------------------|---|------------------------|----------------------|---|---------|------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 248 | 13959 | 13908 | 1029 | MEPSHFSYFVKDASHLSIKNTOLRNMLAVGSCOLTPAKKATVIPENISNGYYVTVRV/SVPGALKERLFELNDQTRISFDVWFKLFMVEFMPDFLKVFQRKKEALKAEASELEDAEISFGKALQFVESGGVSEDAVNGFLKKYKGKRRSLAHRNLSKNNM | 161 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 249 | 13908 | 13929 | 1030 | VNQEQYETLKGIAENELACIVGRAAEENDKNDLSMMKPLRAI KEKYRANWGEKSALKHDFIDTLKDV | 70 | Proteína Pej1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049835.1 | 2e-05 (26/71) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 250 | 13929 | 14018 | 1031 | MKKVLITQGAPGSGGKTTWANEYVAANPGWYVLSRDLDREGIFGLDKRNIDYKYSKLREKSV/VSVCQFSMAKTILEMETTKGVIIADTNLNPTTIKKWQELAYEIDGVKWEIKRFDPWTELVKRNLYFGANAVIPEVLRSFYSKMHIPYDLYPDESILPKAIVFDLGTLDANHNRSPYDLAKCGKDHPKEMVIEFLKMRLNKGYKLTVSGRESGTEKOPTVYQRITKWLHDHYGETGEHFQRKQGDSEKODVKEEIJWDRIADRYNVALVADORAQVWEMWRIGIVECWQVAHGDF | 297 | Polinucleótido 5'-quinasa y 3'-fosfatasa [Fago AR1 de Enterobacteria] | BA183237.1 | 4e-92 (175/301) | Polinucleótido 3'-quinasas y 5'-fostatasa | cd01427 | 3,38e-08 |
| | | | | | | | | | Como HAD, hidroasas similares a halógenas y halógenas | | |
| 251 | 14019 | 14048 | 1032 | MFPKYSSEVKVSTQVVAHNLTDEFTPAEVAKMHAELSAMNALIPNGEVFKFSIDRGGSEIKISCGEGEHDWFVGIANFETQQVETYVV | 94 | Proteína Cd 3 hipotética conservada [Fago n° RB69 de Enterobacteria] | NP_861916.1 | 2e-06 (34/90) | pstT, polinucleótido quinasa | PHAO25 | 2,64e-105 |
| 252 | 14047 | 14070 | 1033 | MLSDAKFSHDEFISKVKVIAQEVARNPVGSKVTLRRESSFNYVDAYITVNNGKSNQHTQLALTGT | 78 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12III

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Siguencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------------------------|---|--------------------------|---------------------------------|--|--|--|--------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 253 | 14070 | 14105 | 1034 | MILREAVEALLIEHARGIKAEIS PNIGRLISAVICSDQGVWSIPIRE EVDAILYSNVKKEGQPMYGYV FSDSLERGNHFFPDGTGIRTSR VESFASPTDELKLVKTNTTYYL VI | 114 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 254 | 14105 | 14162 | 1035 | MKASTVLOQAVLVSQESKCCSW KVGAIEVKNGRISTGYNGSPSG GVNCQDHAEEQGMWGEIPYKST GLRODGQVKKKVLLKEHRAA HSAMSKVNEIHAELNAILFAR NGSSIDGATMVTLSPCPDCAK AIAQSGIKKLVYCETYDKNEPG WDDILRSAGIEVFNPVKRNLDK LNVVYNEKEFCGIE | 189 | dCIMP desaminasa [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803153.1 (155/193) | 7e-83 (155/193) | dCIMP desaminasa | cd. desoxicitidato desaminasa | PHA025 88 | 1,13e -81 |
| 255 | 14162 | 14182 | 1036 | MKLRIVENKLNLSGDVVISYSV ERRYWFKWKPLATFKFEDQAV RLIKELSKRKSVIHKTEITSK | 66 | 9p5 [Fago NA de Enterobacteria] | YP_950483.1 (29/63) | 3e-06 (29/63) | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 256 | 14181 | 14212 | 1037 | MKLTTEQNIHIRETLKAVLSMG SQIVFEKADGTTIRLRCTRDII PSDLVESTTKSARAESTTSLPV YOTEKEGWRSPFAFDKLISYNG MKV/EHILLOMIGK | 102 | Proteína gp31.1 hipotética conservada [Fago RB14 de Enterobacteria] | YP_00285454 5.1 | 2e-29 (65/102) | DUF2693 | pflam10 902 | 2,25e -22 | |
| 257 | 14218 | 14250 | 1038 | MELPKALGEVILVSEPAQQG DEIVSPGIII GKEEOGQLPDMC EIVSISGDYVPKGFEVGSDLTPLP VGNIRNVPHPVAAGVKKPKEI RQKFVTCHYKSLACVYK | 107 | Chaperona gp31 de ensamblaje de cabeza con GroEL [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373435 2.1 | 3e-40 (78/107) | Cpn10 | pflam00 166 | 2,77e -03 | |
| 258 | 14262 | 14287 | 1039 | MNKQLTKALELQRNAVNNSHE NYGASIDIYAEALEVKGFKHLN PAQAEFRDTLEAMDELKYAKHL GSAARKAV/RHFVVTLK | 82 | Fenotipo de lisis rápida de proteína III accesoria de inhibición de lisísis [Fago IME08 de Enterobacteria] | YP_00373435 1.1 | 6e-29 (63/82) | Proteína accesoria de inhibición de lisísis | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 259 | 14322 | 14341 | 1040 | MEDDKMAKOAKAKTAKTAKEVVG TSKRAGYKRSNSKRINOTVEKI MIRRARAVLRRDASRFGAPKA | 63 | Proteína de 11.1 kDa no caracterizada en Gp30-III | PI7310.1 (41/44) | 1e-14 (41/44) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Fig. 12JJ

| orf | Posición de inicio | Seq ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-------------|--------------------------|--|-------------------------------|--|------------------------|----------------------|--|----------|------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 260 | 14353 | 14389 | 1041 | MNFTINRKYVQNNAWDVSLLWEHNINGTVAQIDMYWEDNYVFSSFENGPTDIOFGNSEIKVGFDDEVKSHPSWNTNRQLLVKYLRLHGRKTTEEQRCAWDIVSNEIKF | 119 | Proteína g30.7 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049821.1 | 3e-26 (56/118) | Fago-T4-Gp30_7- | pfa06919 | 2,72e-27 |
| 261 | 14393 | 14441 | 1042 | MEKGKFYKLKKITPSLSPGALKGVFEQGNPNPKTRTKYKAENTGLYEVFKLPDKGEYKRVSDIEVRFSRMVICITNQEFOHYFEETTHKEPEPKTDGSNDWGWTSNKGNDTYKGGLTKEEAVNLAKVQIRLNATKDVKVIMQPFAVPVVHNIRPF | 160 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 262 | 14443 | 14470 | 1043 | MIVSARFDSSRKKVEFISDTRDGTPANKNGV/KAYIDKYCPCPFFRMIDGVDSLSINIINAKEFINETVPIGYSDGDGSNAKMPKEKFTIKF | 92 | Proteína hipotética EME08_9p196 [Fago IME08 de Enterobacteria] - | YP_003734347.1 | 7e-05 (24/66) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 263 | 14472 | 14489 | 1044 | MIVSVPKSKDGFSCSGLKHNPM | 56 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 264 | 14488 | 14508 | 1045 | MKYHINTVRLANGIPGVVCDTAPAIKAYSVEPYEVNWVDGNRSIHASESELYPTIOTRAANDDVYMSINPHGMVARTRTREMILNF | 66 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 265 | 14507 | 14528 | 1046 | AEVYNELIDIEPSDAGLWIFNFQGAANSVAKFKQALRNFPECQNQ | 69 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 266 | 14527 | 14611 | 1047 | MSKPVATDVGILIVKWSQSLPYFAQKYNLPVEHILDMMTTEKFIKPAELTDCEEIDLAVKLKLKYNSDFIRYLPYADALATVNLKKEKYDEFVATAALGNISVDANLRRENLNALFDPAFTEMVCDYDESKOALLEKAKVKGDRIVCYDDLPKHIAASKVFEDTEFVYMPGEREGSVTAPGIMVEDWHQIVTCLESLESVKKPOKSLSRLLWEEAKDQIRKEQHFNWPPRQVGDWWKQPIPFFSPSPHPVPGNDWWNNGRITCDNHQINC | 280 | Proteína g30.2 [Bacteriófago Ox2] | CAG29240.1 | 5e-62 (132/267) | 30.2 PHA025 proteína hipotética | 97 | 8,07e-59 |

Fig. 12KKK

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | Seq ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|---|-------------|---|-------------|------------------------|----------------------|--|---------------|---------------|
| | | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 267 | 14615 | 14636 | 1048 | MFVYHTKVKRWLSCDYGHVN QFYRWNPWREAKACPWNNECI NNGFVYTDGLTYHRSVSELSKE LGE | 68 | Proteína gp30.1 hipotética conservada [Fago T4 de Enterobacteriá] | NP_049814.1 | 2e-08 (34/75) | | DUF3045 | pFam11 243 | 3,18e -12 |
| 268 | 14636 | 14783 | 1049 | MIFDIKAIEDAKGSKAKTQIILDN KONVOLKRAYLAYSGREKFFIK KVPEYTPKVYPNPKFSKFDGL DYLQDILAARVLTGNNMAIQGLV DLLSKMNMEGDAASVLVRVLLKDM RCGAGSSIAKVKWKKLIPEMPQ MLASAYSSEKALSYIKFPFAFOKL ADGARCFAERGGDDIDVTLLT RSGNEYLGLDKLKRQLEMTKE AREFRHPNGYMIDGEVYHV/EV KEEENDLFDMFKEPELPELSKA KEFOQTARTESNGLANKAIKGTT SAEEAEGGMRFQVWDYVPLDVV YSEGKVPFGFAYDVRFRALEMM SKGYDKIILENHVHNHEARA YKTYVDOQGLEGILLKNICAYWED KRSKNLVKFKEVITYDLKCIVGS YEHRKQPGRMGGLMFVSEC RIRVNAAGSSGLIKOKPCEEELHELD THLWKIRDSSLPGTIWELECNGW VTAEGRRDDGTVGFLPIKORR YDKEVANTFEAAFGVNFTEATG IK | 490 | ADN ligasa gp30 [Fago T4 de Enterobacteriá] | NP_049813.1 | 1e-147 (287/503) | | ADN ligasa | PHAD025 87 | 8,32e -169 |
| 269 | 14783 | 14800 | 1050 | MKVLYEVIAKTTDDGRGGISVHT EVLDFDNIDVFKNFKENIEYES VNGLOMWRATTIN | 59 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12LLL

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamañoo (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|---|-----------------|--|-------------|---|---------------------------------------|--------------|--|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 270 | 14806 | 15018 | 1051 | MELLNEVDEEENSKIPYVENVKPLKVKPQFLUKVPGNNLMLIRLVHGSQGQDAVKNIKGDKFQPIGAINTIFETVNKVVKQIKADAVMFRNPKKMKGODKAIORLARLITTRTGGRFLNMDMAYYGKAYASIMVHKGGKLEIEGIPPEISDELYTKVIESKVGEIVSKEIGESVTKAEALANSIGEKEDKKSELAVMSKMKVYSRKDLIRAOYQCKFVSYVDEDWPEINKRERWYELTTNTPVNAEGDTVLQDKDAGLEKSIPFYVODIKHYRVRGGYGSNFGDAVERLFVGOMSRMHDDWVFISSGSDKMIAEQRISDVADVIAOAKNPASMETMRKIVEATRGDFMPPPADDFFGALRQYQNLVNYMISAYSVNGDSISKAIEYNREMOISRSEEERDAHHYCOSGYSFVNYYLIGMEISLGDPIDIKIRPLDSAAFEKGLRLEPGTLLYRCQRGYEDFKDNIESKMFYFQNYYVTSLSPIIIFGAYSNAGDSLMPDAPSSLLENKETTANAVSVIGTDNLERYDRGEEVAYGDEFKFGFVHGADIKVKVIPGVLSFSDEAEVILPRGLAMKVNKVVGTFRNVGVGANIKTFMVEMTVVPPEQIDESVHLYDGDLMEQGKVEPLFESFKGELNEIYFSPDRSTDKVSYTRIMELLAGAINLDGIPKEKA | 708 | ARN polimerasa Alt [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292254 | 48-115 (261/745) | ARN polimerasa ADP-ribosiltransferasa | PHAD25 66 | 1.89e -145 |
| 271 | 15025 | 15053 | 1052 | FNEEVUMLFGFNEGTPVLIQDIFRKPTEPSFVEAVLNGKAEGIIPVKVWTTKEMKLRTEPFIGCIA | A | | 92 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados |

Fig. 12MMM

| orf | Posi- ción de inicio | Seq- ID No.: | Sек- uencia de aminoácidos | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|----------------------------|--------------------|-------------------------------|---|-------------------------------|---|---------------------------------|--------------------------|---|--------------------------------|---------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció- n predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 272 | 15147 | 15055 | 1053 | MFITLEEFKSSQADIDFQRTINMF SIVVFATPSSKTOALLNDFGGE LYNNMIGLDGNWNLGLTPGEFNQ GTTIVTCGTRQVVRKSIVNTF MIGAMTORVIVOSLLGEFTVSY LLDFNIAWPTAGLIVYSAKIP ENRLSYEMDKFHNAPIKIKITGR DMEPLVLSSFRMDPEASNYRAM QDWVNAVEDPVTLGLLPQDV ECDIQVNLHARNGLPHTVCLFS GAMPVAGAPEFTYDGENTIAV FDVTFAVRSMOTGSVSKQAAAM DWLEDKIOTKETINPNQGLSTS ASRLSRGGGGISNNTTS RII | 3083 | Iniciador gp54 de tubo de cola de placa base [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159532 0.1 (190/303) | 1e-117 | Iniciador de tubo de cola de placa base | 54. Subunidad de placa base | PfA026 05 | 4.28e -126 |
| 273 | 15253 | 15147 | 1054 | MIEELADGLENIKKSGTRISQG KSRLTNAPITKVAQFPAAERSAG NDSAQDMIRVHDLYRNGLLFTA YDFKGRTTPDLRSFRRDVMS SVFEDSPMSALANSSSSSTTSTAP VANILLPRSKSDVDSVSHKFND VGDSLVTGESCTATGVLSNVA STAVFGSIESLTQGLMADNGEQ IYTARSMSYAGPDNRTKVFTW DLTPRSAADDLIOIRYEFNYYSY GVTGNSSSYAKEVKAIDEWYK GTLKSAAPDGAVENTVFEQT SFLSNVIVSNPMTIMVNRNEGYS TSMGDREDIFGPCCQIOSRFDK TPNGHNGLAIAPNLPSTFTLEI TMREILTNRGNVYGGIE | 350 | Caperuza gp48 de tubo de cola de placa base [Fago JS98 de Enterobacteria] | YP_00159531 9.1 (225/363) | 2e-126 | Caperuza de tubo de cola de placa base | Subunidad de placa base | PfA026 13 | 2.88e -137 |

Fig. 12NNN

| orf | Posi- ción do inicio | SEQ ID No.: | Siguencia 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 |
| 274 | 15427 3 | 15254 0 | MTKSENNSMIRRVIADSAPO KKAESQADAQINTLEDIGRRLD DQQASTLQDSVITKSNEIIKSV EDVSAAGVLTAEASERTKLADLSKK KLNDTASLINDKTLGTTGTSLEITEQ HDVOODVOKTGTSLEITEQ VPDAPIQOOPLEELLERLIPQD DRRPDAFFPNTFEEDERKEP NKETEDNKKKFGLXKFGELIKSV KSGFGKTISLTDKISSMLFSYTV SALAQMATAAMVLGVIMILDI KVHFNYWTKLFEKNFVEFENKQ AKEWGPILTASEMSNEIVKSFV KGDWCGLAKAIGSGLVIDIKL GETIMLGMSKLLAGMI RALGEN DSADNIEGAALDRFQITVGAEL DEEDAKMRAKYDROEREYDE QPEMWKRKLSAKFQKFTGQIDD DEVNKLISGERKKOSAYADLPED ERLKUTARNNAAEELKRTKAV EKTDAQSSTRLDSSAKDQAVQST TRYKELEKLSPEVARDLVYIELD QLOKLIDSKISEPAAPTAEAPAT EOPEVKOSASAKAAADSREREAR TRESNTOSQIOVNNTAVNKNST YVRTTPQTSTAAPGMQGANK TS | 577 | Subunidad gp29 del centro de placa base, determinador de longitud de cola [Fago RB89 de Enterobacteria] | NP_861896.1 (225/613) | 2e-77 | Subunidad del centro de placa base, determinador de longitud de cola | BAR_Vps5p | cdd7627 | 8.94e -03 |
| 275 | 15427 7 | 15427 0 | MNLNVILPIKKVINEKTSIPIKLG LKHNNIIMKDVKGPDENIMLLL DSICPCLTAAESDUIVLLHAFN NRKEVTKDDFTYDLNKVYICQ RUTORIDGKEFKFRAPRYSKL GSVDSLSEFLESVDGKPMINF MKLPAFTVKWADDLNVTIAIDG PEGPIKGMLNVMFIEF | 175 | Subunidad del centro distal de placa base [Fago RB32 de Enterobacteria] | YP_803131.1 (93/117) | 2e-48 | Subunidad del centro distal de placa base | Centro GP28 | pjam11 110 | 3.47e -53 |

Fig. 12000

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-------------|--------------------------|-------------|--|-------------|------------------------|--|--|---------------|---------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 276 | 15591 | 15476 | 1057 | 380 | Subunidad gr2 del centro de placa base [Fago IME08 de Enterobacterial] | YP_00373433 | 1e-145 (236/377) | Subunidad del centro de placa base | Subunidad del centro de placa base | PhA026 12 | 1,76e -159 |
| | 1 | 9 | | | | | | | | | |
| 277 | 15666 | 15590 | 1058 | 252 | Catalizador gp51 de montaje do centro de placa base [Fago JS10 de Enterobacterial] | YP_00292253 | 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 |
| | 6 | 8 | | | | | | | | | |
| 278 | 15671 | 15734 | 1059 | 209 | Subunidad gr2 del centro de placa base [Fago JS10 de Enterobacterial] | YP_00292253 | 4e-54 (103/207) | Proteína de montaje de centro de placa base | Placa base de T4 | pfam12 322 | 5,28e -51 |
| | 8 | 7 | | | | | | | | | |

Fig. 12PPP

| orf | Posi- ción de inicio | 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 |
| 279 | 4 | 15775 | 1060 | MSNDIKLYSDLDPEMIRLAWDT DVSKTVGARSVKNSLLGILITRK GSRPFDFAFGCDTNLFENMT PLTGDTIKRNIVSAVRNEYPRIN RLSVDVNLPLYDDNAIVTVQFSIV DOPDTLERIRIOMRSNANSSSR V | 136 | Subunidad gp25 de la cuna de placa base [Fago JS88 de Enterobacteria] | YP_00159531 3.1 | 2e-52 (98/128) | Subunidad de la cuna de placa base | PHA004 15 | 3,87e- 46 |
| 280 | 6 | 15779 | 1061 | MRIEELQDELNDLIDDOTKLQY EAANNPVLYGKAVWPKHSTICRK EMRLDLALKKONLKAIRDYYTG RGEVGGEVICMDVYEKSEMKT LSADKEILGVDTKLOYWIGILLEF CSDAMDAIKSRRGSFSIKHDLRQ FEAGA | 138 | Proteína UvsY de reparación y unión a ADNnc [Fago T4 de Enterobacteria] | NP_049799.2 | 6e-51 (99/137) | UvsY | pfaam11 056 | 4,75e- 42 |
| 281 | 3 | 15841 | 1062 | MSNTVCVCKGPIDEALVVQTD KGPVHPOGACYNAYIELPVTEDT 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 ADNnc | PHA026 10 | 3,92e- 10 |
| 282 | 2 | 15847 | 1063 | MIFKEDYEATIREATIDNFMSKI NACQTLDIGIKELEYDKRSKE TTLADSQDIDIVRDALAGRQALE ADSEDEDEDFF | 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 | PHA026 09 | 7,25e- 18 |

Fig. 12QQQ

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------------------------|---|-------------|------------------------|----------------------|---|---|--------------|-----|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 283 | 16021 | 15870 | 1064 | VHDQIKFKDFSHVHIECDDSIF YELRDYESFEADGYRFNPKYRY GHWDGRRLDYRNRLPFLGLVG QIRKFADOFGKVYFDPAFFEO ETLSREDDEFNWLSTKEIVSGLT KIEPHMYOKDAVYEGLVNRRRI LNLP7SAKSLSIQLARRYEN YEGRKVLIUPTTAVDQMDIDFC DYLFLPNAAMLGIRGGTARDS NALYYVSTWOTAVKOPKEWFS QFGMMMINDECHLATGKSUSTI AGLTNCMFKYGLGSLSLKDGA NIMOYVGNFGEIFRPVSTSKLM EDGQVTEKLNTIFLYRYPDAAN ALKGKTYOEEIKFTINVRKRRN WIANLATTKLAARDENAEFMFKH VAHGKELPEMIKAAGHEHVVYV SGEVNTERNALKAMAENGKGI IVASYGVFSTGISVKNLHVILIA HPVSKSIVLQTIGRVLRKHKDK SLATVWDIDLGVPKPSANAK EKFNYVMKTVNLL KKYTHLNCKHALERIQRYAO | 500 | ARN-ADN UvsW y ADN-ADN helicasa, ATPasa [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292252 | 9.1 (392/497) | 0.0 | ARN-ADN y ADN-ADN helicasa, ATPasa | UvsW helicasa | PHA025 58 | 0.0 |
| 284 | 16026 | 16106 | 3 | MLQDYEKEIOALDKKEAKOKLD EYAOITFGKIKKTRSEFDNMVAD LEKELAKLANEPMPEDNGLSI ADLQADDIEGKAVFKDEASD EAKLLEFDAPVNVGIKHIDPGF YKETPKVNDPGFEVKTPSINDK GFTAEAPIGDSVIIHDEEGQVN IPVSIIDPEEFSKAMDKVVKIKT DEHIELPENFSPNMOLLGKNGP YTILPWWIYQWIKONPDWKSRP TSFEHPSAHTQTLFLSIIYKRNQ SVMIREDTNSSEVTLK | 264 | Inhibidor de la proteína de cápside menor de proteasa 21 [Fago RB51 de Enterobacteria] | YP_00285413 | 6.1 (144/265) | 2e-64 | Proteína de cápside menor | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Fig. 12RRR

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO.: | Secuencia de aminoácidos | Número (as) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | | |
|-----|--------------------|-------------|--------------------------|--|-------------------------------|--|------------------------|----------------------|---|---|----------------|--------------|
| | | | | | Nombre[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 285 | 16107 3 | 16248 2 | 1066 | MAYSVSIAPLAASAVIGATINTF ATTGAAEAEGETTETFWTVNGV KQSVTAAMNYTAGPAGSKT VKVAVUTPAEGEVETAAEFT LTWNKIMPATIILTSPTSVSKIEI GOSQVTAADVGTGAPSGASIAYY WKGSSVISGOTKTITLTEST ETSYTLNCECTVTSAPDYNNTA TKGAVAAFTKKTMGSVSYLSP TSVSEKIGOSQVTAANVGAPE GASIAYWKKRGTVWIEGOTAKTI TITESAFANYTLNCEATVSAFDY NPVTIVSKGASVTTIKTMSGVS VTLPESTIVEQSDASFKADVI GSPFGASGTYSMWKDGSPVEG SSTSLVIDTDIGSCNVGSVEV SAEDYNSVTVTGNTTITKRV APTPNCELPYHPLPERETAX'IN CGWWMMIDEIQRMVTEGKDWK LDDPDSDYLLHRYTLAKMILDY PEVDICESRNGYIHRTALEAG IYP | 469 | Proteína Hoc de capside externa [Fago JS10 de Enterobacteria] | YP_00292252 7.1 | 1e-164 (295/468) | Proteína de capside externa | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 286 | 16256 1 | 16278 8 | 1067 | MKAQIA-HLMHESGRDFQEJARA LDITPAEAKLWVSEKAHERF KOKEKVYRKRLTNVGIKSRRHK KLVKHMRTL | 75 | Subunidad de ADN primasa-helicasa [Fago KFP95 de Klebsiella] | ABH10667.1 | 8e-35 | Subunidad de ADN primasa- helicasa | DUF2774 | pflam11 242 | 6.15e -16 |
| 287 | 16278 5 | 16311 1 | 1068 | MMSKVDPIVVEREEFLSKKFT PAANGINWLFASKEVSKMMA VQSYYYKSGARKITDLINERY GKIDWNLMDKIDPILVLEVGSKS QFEMIL-TSGYIMYREVPSGY | 108 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 288 | 16322 6 | 16348 3 | 1069 | MNLADMANTAINVATEELSA KEEVLTQIETALAGKRELMYP SSLVRKK-HITVNLNYLHDEGFVT NYTSACRNGDTDFMKITF | 85 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Fig. 12SSS

| orf | Posi- ción de inicio de dete- cción | 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 | ARN_lig_RN | Acc No |
| 289 | 16450 | 1070 | MFAKYSSELENHYINKIEKIRG AGFDNHTVEWVAREKIHGTNF FGHEIMMKYKDSFVKMQLMILN SVIITPEVPAKRTGPILEGESF TMOLVSVQIFGEFAGGGQKGV DYGKDFVVDLSDSGNEKVY WDYVWESFATGLGLKLAPLLG RGSAELSQYNNDFKSIVNYN ELVDTTDELEHANKHVFGPQASS ETGVAEGYVLPNPKF-FNNGI RVAIKCKNSKFSEAKSDKPIKA KVELTDIKVLEIFSEYVTWN RVSNVLSHIGTVTAKDGRVMG LTMKDIINEAAREGHDMLFADN PSAVKKELTLQNTIRTSKHWEV LE | 335 | ARN_ligasa [Fago RB14 de Enterobacteriæ] | YP_00285451 0.1 | 1e-104 (195/336) | ARN_ligasa | ARN_lig_RN | TIGR02 307 | 1,30e -77 |
| 290 | 16450 | 1071 | MRLAIGSREAPRVLSLMTIIG QRSEEGHFSSYSGGAPSDEA WLKYDRSNSCRIPYSGFCGH VPDTGVVWMSLNEAKUSIK AREVTSWYDCECSKIVQLTFLARN SMQVI GLECTEPDKVLYWAP EKRCGSYSGGTRVAVDIARRH GIECVNL YDKNVFKSLEEEYSP RFIDISL | 182 | Proteína hipotética KP-15p208 [Fago KP15 de Klebsiella] | YP_00356008 4.1 | 5e-25 (64/116) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 291 | 16635 | 1072 | MVKINELLRESTTSNLIGRN LVALTRATTKLYDLVATQTK QPVIALGYKILNPNGDLFNT GATYAGQGAPERESIEELTMA NKDFENKODMFKYONVVFKL KDSPEFTAETDEFGVSEAVA ANINRMLSDAAVTEKFEQPDSD PITEASFKIDKWOVOKVSKRKT DLTVELAQDLEANGFADPELID DLATEMAEDINKDILQSLTIVSS RFKVIAVGSDKGVIDLTKDSA PEQGRILYFECIMNSAVQRNT SYSGTYAVASTRGCAVLAASG WLTOKNODGSIPEAYGMNING LPLYCDINSPIVDVINGVKAEF GGKETVGSFLFYAPYTEGFLDD PEHVGAFAKIVVDPASLOPSVAL LVRYALSVNPYPTVGLDDEARYV | 426 | Precursor gp024 de la subunidad del vértice de la cabecera [Fago RB1 de Enterobacteriæ] | YP_00285413 1.1 | 2e-163 (293/428) | Precursor de la subunidad del vértice de la cabecera | Proteína del vértice de la cápside | PHA025 48 | 1,38e -178 |

Fig. 12TTT

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID No.: | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|-------------|--|-------------|---|--------------------|------------------------|---|------------------------------------|--------------|--------------|
| | | | | | | NOMBRE[organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Nombre | Función predicha | Acc No | Valor de E |
| | | | | INAADMIDKAGRSKMVSLLGV KLPKLAD | | | | | | | | |
| 292 | 16667 | 16644 | 1073 | MDAGIYAPVVALTPLRGSDPK NFQPVIGFKTRYGGINPFAADS AAQQPGRITSGMPSIVNSVGK NAYFRRVWKG | 78 | Precursor g023 de la subunidad de cabaza mayor [Fago RB51 de Enterobacteriá] | YP_00285413 0.1 | 6e-35 (70/78) | Precursor de la subunidad de cabaza mayor | Proteína de la cápside mayor | PHAO25 41 | 7.51e -38 |

Fig. 12UUU

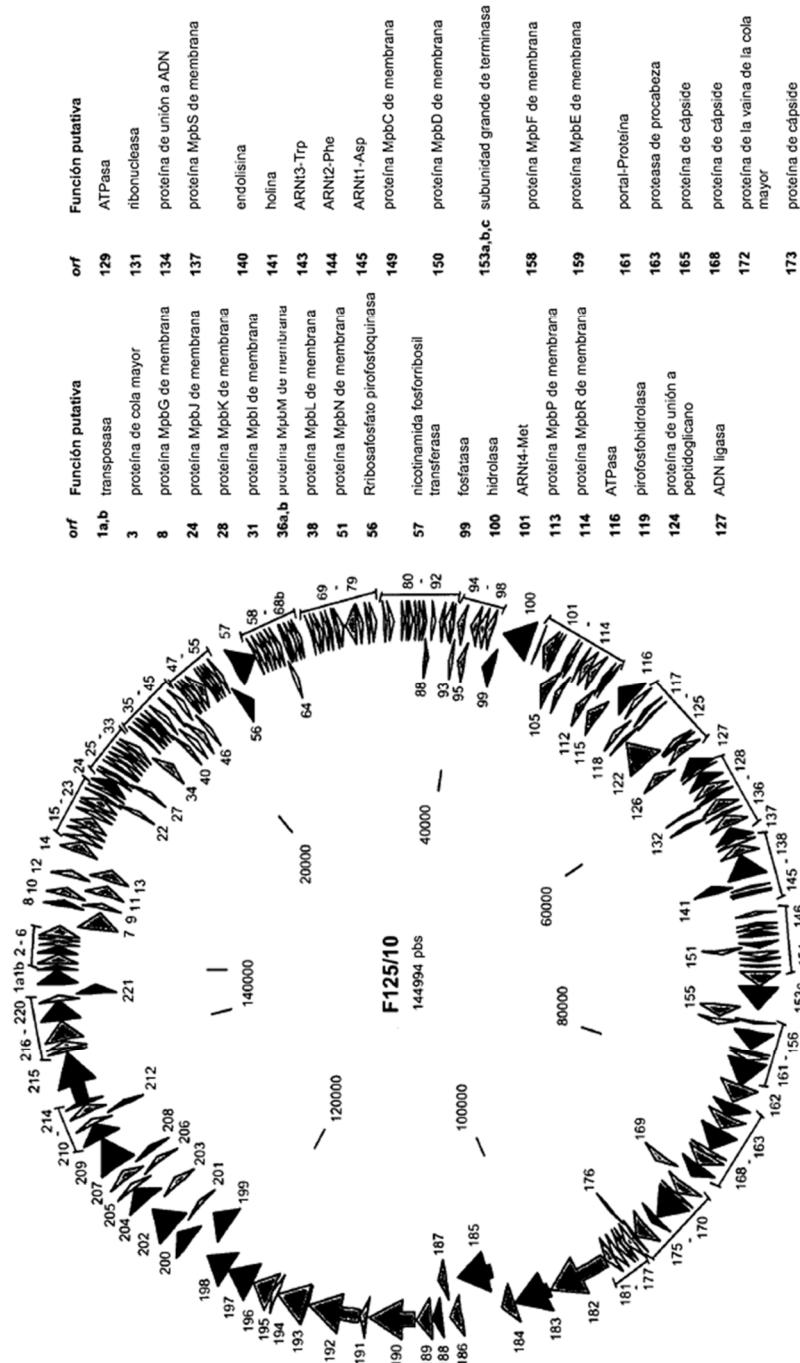


Fig. 13A

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 tioredoxina |
| 214 | proteína de unión/plegamiento de ADN |
| 215 | ADN polimerasa |
| 219 | proteína de reparación de ADN |
| 221 | factor sigma |

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

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas similares | | | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|---|----------------|------------------------|---------------------------|---|----------------------|------------|--|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 1b | 2 | 310 | 1075 | FVQIPFLSLPILRYKLEEQ GIGLIEFEFSYTSKTFSDIN EKPIKHNVYKGKRVKRGFL FKTEEGRILNADYNGAFOI MKKVFPDVPEIRDNGFVY NPLFLNC | 102 | Elemento IS Dka2 orfB [Archaeal Virus 2 hipermorfílico] | YP_003773391_1 | 5e-18 (109/405) | Transposasa | orfB IS605, transposasa probable | pfaam01 385 | 2,87e-36 | |
| 2 | 475 | 1107 | 1076 | MAKKNNVDVLQQESVT ADKYLOVKVNNDGYTRT HEGQYAYKVVSEGEELFL YPVQTDGKGTLINVMKKS PIAYTDGDNINHFFVNNTVV DPYNHSEFRTEIDKGLDKG KOLIOQAFLAFVEDDRFKFG VYNVFVANSKEDVLSIVD PTDNDADEVKDSLEHAIE DVIADEPASPARKDVKGV DSGEGOGDTSEPSAPKNV QVTPKEDGADVSAE | 210 | Proteína hipotética KgORF95 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024523_1 | 6e-177 (209/210) | Proteína hipotética | PHAA02283, proteína hipotética | PHAA02 283 | 4,55e-71 | |
| 3 | 1121 | 1642 | 1077 | MVNLAKLNLVKGNNLL SVEKTEGKSTTENULDAN TDYPKGIFKVFSNSDGE SEKVKDVPQFKTKAIVKIVSV TLDVDSDLITVGDTHOLS TTITPSEASNKVNFSFSDK SGVASVTSEGKLEAVSAGT ANVTVTTEDGSHTDIVAV TVKEPIPEAPADVTVEPGE NSADITA | 173 | Proteína de cola mayor putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024524_1 | 1e-88 (168/169) | Proteína de cola mayor | Big_2, dominio (grupo 2), similar a Ig bacteriana | pfaam02 368 | 2,14e-04 | |
| 4 | 1657 | 1884 | 1078 | METKLKVYSNGEVGVSQ VANNNDGATTVSITGLEAG KTYAKGAKFKVAFANDSG ESEKVDVPEFTKTPTEEP | 75 | ORF189 [Fago G de Staphylococcus] | YP_240967_1 | 3e-33 (73/75) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

FIG. 14A

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | | Dominios conservados | | |
|-------------------------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|---|-------------|------------------------|------------------|---|---------------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| Proteínas homólogas/similares | | | | | | | | | | | | |
| 5 | 1979 | 2239 | 1079 | MIDPIITLFRNPYDITYTKVK KLMEENKEQIVVKFDVS VHNUNVQGMNNVIQDYL HIYGYRVKKEYQQENASK DDERDVKGVLVERGE | 86 | ORF174 [Fago GI de Staphylococcus] | YP_240968.1 | 5e-42(86/86) | | | | |
| 6 | 2243 | 2998 | 1080 | MGIUVNSNHIQSDITLYEVD SEFDIEKVDTFEGLLSIQL DEPTVLAGFIYDDITENKV INSNSDDIDDYIKNNNDIYYV SDIGLLPDTITVDSDDKKY YSLLQQVVELSKDPPPKW VEDDAKGGLTAKYNNQDF EDVFDLINSFYKKEVDMV REKCYNNGNYYLLEYEV PDYKLPLAYSLLSNKEHGI VIIGSQTRSNNNDILTFFYVK GMDAKAIASMFMNVHADY DSNIFHTFVNSHINULGNQI TKFIREKGSSYE | 251 | Proteína hipotética KgORF97 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024525.1 | 2e-140 (248/251) | | PHAA02284, proteína hipotética | PHAA02 284 | 5.61e-42 |
| 7 | 2991 | 4241 | 1081 | MSNYKTIEEVQAVIIGVLF KDEGKVUTSKFNKITKEFG LDRIGKDDIKEIVEDRQD AYLNEILKNKAIGKVTLG DLKDVADNQVFEGINNYH EEVSTTYVAKEKELSHLR EQRKHNRRITAQPQIMFDE LKEHMVKELQGETLVEH HGSKANINDTELIVLSDF HIGSIVSDMTNGKYDFEV LKARLNHFINTTYKEIEDR EISNVTVYVFVGDLVHEHIN | 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 II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|---------------------------------|------------|---|---|-------------------------------|---|--------------------------|-----------------|--|--|------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | MIRDVNQAFETEFTILAEQI SKGTRLLIDININVLSNVVS GELREFIGGGNHDRMCGN KNQKLYNDNAIAYVVLDSL ELLFOEQGLLNGYDILDNRÉ DITYTDRTEGGKSHINHGDI GLKGKGKGNHINKFILDSDEN LLITGHVHIFESVKQEDEN RMHIVASSPMGYNYYAK ELHLSKTKPSQQQLFVNK ENKDIDIKTVFLD | | | | | | | | |
| 8 | 4255 | 4623 | 1082 | MDTIIIGVAVITTAFTNIV FRLEDLWTTKEKMKVMSQG QPPLSNFEYTHVIVPYLV GVIVITLSIHFDSLSYSAQS GFGIUTSFYIMLYVVIIGL VGSFILTFIQARKARQYQT QEDNNNEVQ | 122 | Proteína Mpbg de membrana hipotética [Fago A5W de <i>Staphylococcus</i>] | ACB89126.1 (119/122) | Se-62 | Proteína Mpbg de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 9 | 4610 | 4921 | 1083 | MKFNDIYEQLKNDTYQN IHESQDDKGHNLYTIQFDKG NDKYLFENVNDGFLKEMT NGMVVDHPPEGGPPYSVSLN KETPSMSVQYLTDVEDI VPTIRKAMEKDFL | 103 | Proteína hipotética KgORF100 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024578.1 (103/103) | Se-53 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 10 | 4985 | 5521 | 1084 | MDFNFSAFDNSSLAMRIS EGYYYENDTPYYFIEHVE EEMSEYVIVYDHREEK ENPQKKYRIEPYQRTPGG TPLSNLIKSMPORKYKP KVTEDEIFEVANVIPLGTDI VTGKIGKGFERDKDRTI YSQKEPTKVHGOVTGV | 178 | ORF075 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_240973.1 (178/178) | 1e-99 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

FIG. 14C

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

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|------------|---|---|--------------------|---|--------------------------|---------------------|---|---------------|----------------|
| | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor te de E. |
| | | | FIGLITSVKWNRTYPTPLES VVEYYKRVKGDRLNV | | | | | | | | |
| 11 | 5514 | 6281 | 1085 | MSNDVv/KFYEKDIKDLIR TKKHMFKDDELTSDINDIR IFNEKVIQOGKCRTDCLVL DRNGTYMGLIEIKTERDST QLNNNQLKYSSLVCKYV YVMCHDKHVPKVEQILK RYKHNIHVGMISYISFKGK PVVGKYKDAATPSPHRSPP HTMNLWKTNLMILRLI RDPTHVRTGYSYNASGRY SGEGEINSQTTOSKRMKK PAINQIHVV/GVDNTYKL FTRGVIVGYNRWEVIEE DFFNTMKNGVRVINEQRQ TK | 255 | Proteína hipotética Kg_Orf101 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024529.1 (255/255) | 6E-149 (255/255) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 12 | 6259 | 6705 | 1086 | MSKDKPNRRKEIQHQPVN FAPMINTLGANNSEFAKK PSEPKDATSVEYRILFIKR FDNVTTSTDVKLOQQYAL NLISEALDVKEYTLSLKQ KGKKTIESLHTDRVYYVH RGKLUICKCSIREQRTFKG KHLIFIKTRHRVKAERKD K | 148 | Proteína hipotética Kg_Orf102 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024530.1 (147/148) | 3e-80 (147/148) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 13 | 6705 | 7568 | 1087 | MLKGFSEHVDKPTTITKL YKTLTSQKAVELLGVSYDS DYPFGVTQSYIEDIGNE DEGLQFVNKINVESMKQ AVVGMNNOLGSSGLGYV RTEQLKKELETGLMTDL | 287 | ORF036 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240976.1 (283/287) | 1e-159 (283/287) | sepiapter_re d. sepiapterina reductasa | TIGR01 500 | 8.02e-03 |

FIG. 14D

Tabla II – Características de los productos del gen Fig 125/10 y asignación de funciones putativas.

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|--|--------------------------|------------------------|------------------|---|--------|------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | LARGTNLTSTKKVDIVSTF IEPEVYQDITIAKDIKLRL YKLEESPNGYTHIVYLL TTEKLYDGOTLFGMLSRK DKLSKGDTDKLALLAFFFNN SLISKSUVFCVKLSSKDYFF NLYNTTHETGIFILEDTDV TIACGOSYYVKVNNTIDKS SYVKIEDKTHKLTELVINL KGDDTLTILF | | | | | | | | |
| 14 | 7940 | 8671 | 1088 | MARKANLRNKNSDIKVV PDKEKESLKLHYHNLRR SKVDNALDEDMSYDIE LCKEVYDIELSKSAITRYKS KRKEAIFENGAWDLFELIK RKKTISKDIKEKEPILEE EQLSPEQSKHHTQTYD IQVLDMISSEGAKGLEFVE TLDPALMIRAMETKDKit GNQLKGMSFIGLRELQK QTAQDTAMSEVLEFIPEE KHEEVLRQRLEELQNEFYK NLDDEESRKLKAEALDRV GYTI | 243 | Proteína hipotética KgORF103 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024531.1 (242/243) | 6e-135 (242/243) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 15 | 8689 | 9147 | 1089 | MADEISLNPIODAKPIDI VEIMTYLKDGGRVLRVKQ DNOQDILVRMSPGKHKEFT EVSRDLKESFYVYKRIW VLYNVSVNLSLTFDVYLL EEFSETTKVYPKDTIVE YTREDQEKDVAAMIKEILT DINNGNYFYALTGETMLF | 152 | ORF094 [Fago G 1 de Staphylococcus] | YP_240978.1 (148/152) | 7e-81 (148/152) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

FIG. 14E

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------------------------|------------------------|------------------|----------------------|--------|---|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 16 | 9212 | 9655 | 1090 | MFIISLNQEKKELITKEESK YTPILETSKRFNTPKKEFIV TSYNEGKPLDYIAKEAKV SMGLIYTIVLNYKVGVKR NKSPSVEERIAHLKDKNL VKEIIKDYQYMMNLODIYS KYNLHKNGLYYLVDLYH VERKSELKDKALEEDNV VE | 147 | Proteína hipotética KgORF105 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024533.1 | 3e-77 (147/147) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 17 | 9672 | 10376 | 1091 | MRNKKSFQEQLNDMRNK EKWVSEEEFEETEEVAPSEFP EVVEEKLTYTLNELKENLL DAQGLKDVVADFPASKD LYEPNKKYICTPKGYQST EVQPOQYIGISTGILSESE DFSHLRGQMPRNLYETSH VLKPLVNIINTSIEYQQHE LLEFDIKEDKNNVYDVLED LRLATGEEISYLEVDSKF FESRINEVLDFYHELTDSDF DLIEYYNKLRELVGNDR MIVCPILLNMRCKVJID | 234 | Proteína hipotética KgORF106 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024534.1 | 2e-113 (215/234) | | | | PHA02290, proteína hipotética |
| 18 | 10522 | 10836 | 1092 | MYHDKAKNEVSTELSN GKIKEEKNVVFVGDYTLK KVEDNKAAYFMETLPTYL GRTGDNISDMRYKTSRF KEGVNFKLIRVYTEDGED NPHKYRTEAVPTKK | 104 | Proteína hipotética KgORF107 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024535.1 | 2e-54 (104/104) | | | | PHA02291, proteína hipotética |
| 19 | 10983 | 11225 | 1093 | MEMADLERFDAFVRJSD DELSERIELSVDLLNPIL | 80 | gp ORF144 [Fago A5W de | ACB89137.1 | 6e-37 | | | | No se han detectado dominios |

FIG. 14F

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

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : EGGTAYRAKKRRIKSKFGK LEAKNFKNYFELLSIA QIDQRR | Tamaño (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 de E |
| 20 | 11230 | 11787 | 1094 | MTERKLKIEEFAANDIQ LOLKEVDNYKDSIRSKGT RNYSITKVLDSDITVGFIVSF LILINRVLLEYFTGNAVV SPLAAPVIIIMFLVALAGCTW KVSKMINKIVSYRGITKMY WELSNAEOKOAKVKVYP NDEDIVSKFHNLRQITFSE INILHLYKMRYNKAIVEQH TKLSKELFKDKDKEVDKNN K | 185 | Proteína hipotética KsORF108 [Fago K-je Staphylococcus] | YP_024536.1 (133/135) | le-71 (133/135) | No putative conserved domains have been detected | | |
| 21 | 11823 | 11999 | 1095 | MVIPSIIKAQNKFKNELYEY YKQCHISESKMIELAFDY IQELQGNNYEVTNLLEE RVGE | 58 | ORF240 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240984.1 (58/58) | le-24 (58/58) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 22 | 11989 | 12240 | 1096 | MVSFKFIVYLEFLVVAL VYTGFELFFYGVASLVII THATIDPFVFLATEFLIGFL VIRTAHIRMARVINDAVA QAIDKENE | 83 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 23 | 12233 | 12466 | 1097 | MNKGEFIMDKTLPRFSVY EVIVKTIVMTPTEGSSDLE SFYFSTRELAERFVEENTV ETKNGKRYSAVKERKV NQPG | 77 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 24 | 12548 | 13192 | 1098 | MKVSEEVKOSYLENKAN TKMKIKSWSELKASPLGIT | 214 | Proteína Mpbl de membrana hipotética ACB89141.1 | 4e-88 | Proteína Mpbl de membrana | No se han detectado dominios | | |

FIG. 14G

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | SEQ ID No. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|------------|--|---|---|--|---------------------------------|--|--------|------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad predicta | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | LGDIIYSVVIIIDNIIAILT TLIGITDLSIESTLAQIVGV FIITIYGILSALIPLIHAKV SPGWSYSTEWNESYVRLP GEENYKYYSKWYLDLG VKEFYKKRDSGEEVKEK NISWAFAQAEVKRPEDVNH WKNQLTNRPLTILEYKK LKKLDKESEIRKQEDLEE YKQYNSN | 162 | [Fago A5W de <i>Staphylococcus</i>] | | (162/173) | putativos conservados | | |
| 25 | 13207 | 13455 | 1099 | MISSFDISLLVIVIIIAFAVA MAIYLVEKGMTILLDKL MIMLILSKTTLDVEACSMI MAVISITVFGIVLILWAV NNILL | 82 | No se encontró una similitud significativa. | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 26 | 13467 | 13643 | 1100 | MDFNDFINSESDRVGNPK QQKKYENKLPSPIEDRE KKLKEIRKKSLYIDLRRKR ND | 58 | ORF241 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_240986.1 5e-22 (55/58) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 27 | 13636 | 13932 | 1101 | MTKEINVLYKDKYRDYT IVVRLAGNIVTEVDKKH KTAFTPIIFDNGVEGVELV MRIGSVELSMTDLREFTK EVSTAQKALEYFNKKLYI KGLTDEAF | 98 | ORF152 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_240987.1 1e-48 (97/98) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 28 | 13980 | 14162 | 1102 | MLLGILWFIWGFVSYFVL MFGIEFKCKDRVMPGVIGA GALLFLFWIMKSHHNAM TVVYLV | 60 | Proteína MpBk de membrana hipotética [Fago A5W de <i>Staphylococcus</i>] | ACB89144.1 3e-24 (59/60) | Proteína MpBk de membrana | | |

FIG. 14H

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

| <i>mf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------|------------------------|---------------------------------|---|--------|------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 29 | 14175 | 14543 | 1103 | MIDLIIHYKETNKRVLKET IQTIONHLNDEHGLVKMT ATKLRSRENIEKRFNNYIV IAEDDDPDSYHSEAVEE ADFHIDIPSYLDIHAGVEW DYNPNPVMDMLDRNPDFIEA VNKLNEDELML | 122 | ORF119 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240989.1 | le-62 (119/122) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 30 | 14556 | 14903 | 1104 | MLNEKLKNLEDTKVYMI NSIASLSSLASTGSSKVF DEGTIKIVSGETKAVED NLVPHPHSGRLPKITTERIA LGRLTDTSLOFVISEIEVVK DQIDEENEAYIDFVMD 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 | MIDLITIASVAFIAVVIIDL NDIMSYMLTGTAILINIW AGFYCGWFLLQAGMLLF LLARKVKDDKESILYSS ASLICALGMUNLSSFS | 90 | Proteína Mpbl de membrana hipotética [Fago A3W de Staphylococcus] | ACB89147.1 | 8e-42 (90/90) | Proteína Mpbl de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 32 | 15251 | 15556 | 1106 | MSEKETRQFSNAEIMAT TKEWNNFPKSNTSKEFK IKTFKNDTLVEVREGSR NLGSFVIFTNIDFDYDKLE GTSTQYMINYFAKKLTKD MFNYHKLQL | 101 | ORF140 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240992.1 | 8e-51 (98/101) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 33 | 15571 | 15921 | 1107 | MREEELKPENRKVKOVNVKG YLDDVWKYSKRRHKGNQ HGCVKITVTDVKINGIPID HVNIEVGISFYEKLIKELQG KRHQFVGTVYKVVKHAR GRSGRIKGEKYKEDYSVTL | 116 | ORF122 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240993.1 | 2e-59 (116/116) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

FIG. 14I

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : DKKLQKEEK | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] [Fago G1 de Staphylococcus] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|---|-------------|------------------------|------------------|-------------------------------|--------|-----------------|----------------------|--|--|--|
| | | | | | | | | | | Nombre | Acc No | Valor de E de E | | | | |
| 34 | 15921 | 16523 | 1108 | MIKRKHLDSLQPEKG WRTVPFNGYYEAHPTGLI RNKVTKKLIGKTQTRKNH PKWTIAHEIVYLINPKKTS YSRGVVIAHTFPEMISQR GDLKGNGHVCFKDGDRSN CHVDNMEIGKGNVNWKNI YKLNDSYLTKDIEEDVN NLVNVERLFSQLELLIKNE PERITPSNHFIKRDNVVFSI TDLSKNSLVEFELEHKNIK | 200 | ORF065 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240994.1 | 2e-113 (200/200) | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 35 | 16537 | 16716 | 1109 | MNEWYALCYYDKVGKK KIPRQKAHRDVSVLEDL KDRLEEGNPKEEYKIKTT 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 | MKLEDKVLERIDSUGNRKA GNLSNQAMESLVKYQITY GIDIVVSILVIALTFLGKV YLKEYKKVKMDLKESLL YDDYDILSLRNNSCRYTNN | 91 | Proteína MpB/M de membrana hipotética [Fago A3W de Staphylococcus] | ACB89152.1 | 1e-35 (81/87) | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 36b | 17223 | 17291 | 1111 | MRLINPEVYAVKDLIEQV KGGN | 22 | | | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 37 | 17293 | 17586 | 1112 | MKORDFEEFEEDFVLTYEC EDCKHFEDWGHDDEPEEC SECSSDLDINTSHEDTEC DMCRGYIDMWQDGYR MGDNKEYIEKEESGLICE DCYEKLDI | 97 | gp ORF160 [Fago A3W 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.

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|---|-------------------------------|------------------------|--|--|--------|------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 38 | 17603 | 17890 | 1113 | MNKAVEQASNALCQGFS AMVWHHQVIAGLGFLILG LVLSLLWVVLVKKFHYPF NHPTAFYVYYSIMLVSIVAS FIWGGHLHVNPNEYAAILELKGFHK | 95 | Proteína MpBL de membrana hipotética [Fago 15W de <i>Staphylococcus</i>] | ACB89154.1 | 2e-45 (94/95) | Proteína MpBL de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 39 | 17901 | 18017 | 1114 | MTKEELQOKVKELEAEN KELKKQIERFEDEGGKTK DEQ | 38 | ORF362 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_241000.1 | 1e-10 (38/38) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 40 | 18007 | 18273 | 1115 | MNSRQKILTVSNFLIL ALDTVALIYKKKGKIKQE NYNTGQQTMRKEVATTANSL GILYLEEQRKEVAKDICKV GTEIGALKRKEFTNNK | 88 | ORF170 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_241001.1 | 3e-31 (68/86) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 41 | 18351 | 18656 | 1116 | MKGIIIFYKEETKEDLGYF LGFINIKLEGLSYTTEGTL VNDYVVLKDQNQINEDN LEQFSMSNNNLVIGILGHIS SLSVRRIYEKGIRQREFDRE EYLEELRQ | 101 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 42 | 18656 | 19057 | 1117 | MIFILIFGLFISLGLIFYF IVLRKKKGQLIEERESFGTY NRTEKEKLGDVTRLGYESDF VYKLHINOSNKTIIEDKKS KVVDTIKKMYEELTSVD VSKVEGLSPLDTEPMTNM KLLSYKLDREGLYSLSKFI | 133 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 43 | 19068 | 19304 | 1118 | MEFIDKNNVIKAYDIPNV YLKGYVLUQACDKNGDTT AYDGYDQIHYKEGRVLTF | 78 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

FIG. 14K

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

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-------------------------------|--------------------------|---|--|--|------------------------|------------------|---|---|---|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | PFDKPLRKINVLSGYYKLF KKEDII | : | | | | | | | | |
| 44 | 19301 | 19828 | 1119 | MIYFVSDLHFGHDNIREFE APTRSHWNSEEMNEGELI ELWNNTITNNIDIVNYNGD FFENMKPSKVVEDILNRLN YKEMILLAGNHDKKLK LYERNGITVKYADMICKD GRKFYLSHYPTLGRKNM FNIGHIHSQLMGTTEYHIN VGYDVEGKIAYSFDDISR AGEYNGEIQR | 175 [Staphylococcus aureus susp. Aururus TW20] | CBI49957.1 (124/165) | 2e-66 (124/165) | | MPP_AQ15 75_Aquifex aeolicus AQ1575 y proteínas similares, dominio de metallofosa- tasa | cdd0739 0 | 2,83e- 37 |
| 45 | 19809 | 20129 | 1120 | MEKFKGKDLYCTRIRKQT IKNLVIKTEKLHNHKHGKY RPIGHVYYYPKTKKEFTLS KPEQKIEYMKELGFNV KHRRRKKTLLYKNAFTE YISMYHEAIEQEQQGT | 106 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 46 | 20129 | 20359 | 1121 | MEYLFLFIGIGMIIWGFIA YLAFVVYVYKAVRENHNG FSDEESLEEAATVLMGMGFM FIAFPIGILVVIIEKILFF | 76 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 47 | 20412 | 20618 | 1122 | MKHIFLILGIVILVIALGIVI LVIALGIVLPAWILQLVLS AGFVKVSIWVCGIFILSA IGSMFSRN | 68 [Fago G1 & Staphylococcus] | ORF236 YP_241002.1 (59/68) | 5e-20 (59/68) | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 48 | 20633 | 20896 | 1123 | MAKYESNINGENYIATPS QALREALAKLITEEKSAE YQTKGGGEQYESQLRHFD DAMISQYEAFIRVLEDKY | 87 [Fago G1 de Staphylococcus] | ORF171 YP_241003.1 (85/87) | 1e-41 (85/87) | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

FIG. 14L

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|---------------|--|-------------|--|-------------|------------------------|---------------------------------|--------|------------|---|--------|------------|
| | | | | | | | | | Nombre | Acc No | Valor de E | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | RPQIFPKDNKEEN | : | | | | | | | | | | |
| 49 | 20899 | 21216 | 1124 | MKAESIAREFFNDKVLUQIE GYKVRPQOASSYILDIDIT VDESVLFLDAQVSTLSGK HLLDTAIIERPETISAKE LYTEISNKLQAVGDQTKT TELRSYFKEEK | 105 | ORF137 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241004_1 | 2e-51 (102/105) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 50 | 21217 | 21897 | 1125 | VSNKTINHLLNLKGINIE TYSIIARIKKQTWSGDKG DSFEISISYKADKDPRTVR YITTEITIDYSSNNNPKEILL QLKDKIFSIVVEEQVETTDND FIESIKEINNSTKALEKLKPY INNEYYYSMFKSSIEKEIPV ALSSEVLNRCCTGTKTSTLA YLALEKDPLVVSNEPMR KMLKNKFPHLRVSSAEDY SNYDICKGEIVLVIDEVIDQ LYSADAKVSVDAALLVGILK 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 | MPIPIVILIGLFLSSGYKL VLGKYDDVDLKULFTIF GVGLALLLGGFIL | 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 | MNYEEVLRTIKENPKCV RFTGNILAINVEEFNAFDT KGVLQOLDVSNINKEGYIR LQQCYCLERDDYTUVGAIL F | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

FIG. 14M

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|--|-------------------------------|------------------------|------------------|----------------------|--|------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 59 | 26404 | 1134 | WEWLOP | MUDKLNQVKLEIGGHVV SFSVSKFKTINGERQLLDY HHIKRKCKQKVFRTEEFY NEYKEIKPDKNEDBMFES LGYVDTKLEDVVRNQEKG VTEILCVSEQVLNQSYKAIEEYDVKIVTLEIKELKG EK | 130 | ORF113 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241014.1 (121/130) | 3e-63 | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 60 | 26406 | 26603 | 1135 | MNSWKEGVNYWENEDCPREY LEYKAFLIEVVEYEG VTVPSPRDVQQLREDKLRE DIGFYEVADK | 65 | ORF194 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241015.1 (58/63) | 8e-26 (58/63) | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 61 | 26668 | 26964 | 1136 | MMNGKQIYVFLSDQYSK DILSLQGLIKEWSRELTY YDDDVGSADVVCTDIV RDDFVKLSSKNNSNALFV FISSFWIGYKGGGEFFVAV QDYVKGM | 98 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 62 | 26968 | 27229 | 1137 | MKKLLILFTLASTLILLAGC TPDNHEGVLTGTOREP TTYIKSGSVTVPIVGEMK YYVDELETDKGEDRAYLN REVYHKFDKGDDDFSNVG KKVYRNDELHYKGD | 103 | Proteína hipotética K _g ORF113 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024541.1 (102/103) | 2e-51 | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 63 | 27285 | 27384 | 1138 | MKQFHDKDSYNSTNRRN FDIQYTKGIPLOOIDRGYQ QARARRFTINNTNQNIWPM MTYLKPNGTLKNNNDIDW ILVKERCSSLKKAGLVIK | 99 | Proteína hipotética K _g ORF114 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024542.1 (98/99) | 2e-50 (98/99) | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

FIG. 14P

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

| orf | Posición de inicio | Postión 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 |
| | | | ITGDV | | | | | | | | | |
| 64 | 27584 | 27823 | 1139 | MYLERTIAGFAGOTEDIL PYYFKSKKEIVNFLKLM FLKEETNYWVKKNGNYTI IIRAKRILYIEFHQKLKEW ENDL | 79 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 65 | 27813 | 27968 | 1140 | MTYDVYVLYKRGEPIAQ GSMEHCLDYYWVERVHG YSNKGYELLPMGYEQEE | 51 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 66 | 27972 | 28166 | 1141 | MNIEIIDYTIRTVDNRKY TYYSKHESPVTLYKNIIGK DCIEVTKYGDKKKVIIAT KYIVSIEFW | 64 | gp ORF179 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89172.1 | 5e-23 (55/64) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 67 | 28184 | 28537 | 1142 | MNARKARKNTKNTKVNKDSN VVTKEOHUTYIYVNLNYL IANNSQQGKTYVVMNERT DYPDEFSI SKLKYKEIKQ HYKDOLVFNVKTQVRKAQ WSEKSURYYVFNLYIDS 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 | MEFKKKKLSNVEKIQRN RNKEDKERKEHQDKLD DMYKTYELDKIVEHLRK 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 | VCLGTRLVYYSSIGKDW NKOVYSLNELEYMKKKF KKLGFFETQITNDIGFQPY IYLRLWDA | 62 | | | | 7e-29 (61/62) | | | |

FIG. 14Q

Tabla II – Características de los productos del gen F125410 y asignación de 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 | Facción predicha | Proteinas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------|------------------------|------------------|-------------------------------|--------|------------|--|--------|------------|
| | | | | | | | | | | Nombre | Acc No | Valor de E | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 69 | 29627 | 29788 | 1145 | MNLTPEDKLEDLKKVRS GEIEPIEYSSVNDEHNGK TTCGVTFKFIDIPTK | 53 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 70 | 29883 | 30188 | 1146 | MILFTQDYDITLMKVIL QDINTMRPNWKYSVNHP EKEEDYHQAYEGEDIFD DIEELSDSTDQDIVIGVTE DCISESPYDFNGGLRLVTK HIKEHIEKFL | 101 | No se encontró una similitud significativa. | | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 71 | 30200 | 30499 | 1147 | MIDIYLGEYNKEYLSKA LRLINDHAPRELSYDFNN VEADVNHTMLYVKPDR YVYKDISYDFPGDLJICTE DDAIVYHQGKVSGISILR HEELI | 99 | gp ORF182 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89175.1 | 5e-47 (91/98) | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 72 | 30596 | 30889 | 1148 | MEIYLSENYDKOLLKAE LKWKIKETASRELTYDVNR NPNLQHVHSPEFYTKDEV KEISLIPQFEDDVCFVIAE TWHHEYHRGKSIGYDSME EYVKEM | 97 | gp ORF185 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89178.1 | 5e-39 (80/97) | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 73 | 30892 | 31149 | 1149 | MFKVYYTYHKGSMKTI KDKLDRSLLYFLYDTWY KDISNVFPNHYNKEFGSN SDDIDIDKLEAVNEEGILL 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 | MVLTITYTHKESDRVIAS GLDELEVNLVORMVNTN LVTDISLDYIRRPSGID VLNLLVDIRRQGVFDNFH | 79 | gp ORF187 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89180.1 | 4e-32 (69/79) | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

FIG. 14R

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|--|-------------------------------|------------------------|------------------|---|----------------|--------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | TWHVG | : | | | | | | | | |
| 75 | 31517 | 31864 | 1151 | MIVYTDSKDYLKDEFI PWLNEDRYLEDYKDEL EDISSIVSVVCKDME GILERKDIVIGNSYNEPVA LLGVPEFFGNYSNYFYR GESISKHDLGELIVRLKAW QRGGD | 115 | Proteína hipotética KgORF118 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024546.1 | 1e-57 (112/115) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 76 | 32069 | 32069 | 1152 | MKHNNINNIEMFSKYIKE NKVYSKKTKNELLKKDKN NFYRMTTDINKARKVKID TLLQYNLKDYNISNNLPN EKWKRIENNINNNENYVS NYGRIKRHGNYYMIEKL KPHNHKGQGYKIVKUNYKH HSIHLRLVVEYFGNDFNQD YHFFHIDGNGKQNHHINNL OCISPTEHNLLHHKDETIN NFRRGKSLTDNERKNIK LYTEKGFTOEELSNMYNV SRITINRNKRFK | 230 | ORF085 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241035.1 | 3e-37 (83/165) | | HNHc, HNH nucleasus | Smart 00507 | 5,48e- 03 |
| 77 | 32902 | 33210 | 1153 | MEIKEIADTIMYLFNMDG YRCAEPLYLESTLNHTRT HTALIVSIKGNYDTVOMF RKTPIMSMRGQQSOPASML VNVIDDVIIIVYENVVYGV QNKEIKFIEE! | 102 | ORF145 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241031.1 | 9e-49 (94/102) | | No se han detectado dominios putativos conservados | plant04 545 | 6,44e- 03 |

FIG. 14S

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|-------------|------------------------|---|----------------------|--------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 78 | 33417 | 33704 | 1154 | MTNKLYEETHIVQGQ DITAFRIPNDTNGNPYVV HFMDLNIKLAODYDNINKL 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 | MILEIEITKPVKTKLKAJDD TKNIKNSIAEHUQUNREQF KLSRNLITLKGYSEEFKC WYNLTSTIGNFPKYKLSE LYNEYKLYCNVELKTK | 90 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 80 | 34550 | 34708 | 1156 | MLKFKWKNKTIKSTQKT DNILLIJIGGLVATITPKLV NWFLLIQDNINIFLR | 52 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 81 | 34875 | 35255 | 1157 | MFKLQNKVELLVPKEDNN GVEIAKDRIKEVYNSITME AGGCITTEIKGQWYSEDE KRIMEDNNLNEWYYIPD RAKFMTVELKGIVRRLIE VYGEAISIKVNGTLYIVD QSDEELHTLLNIMK | 126 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 82 | 35747 | 35968 | 1158 | MNRLEIVKDTAMEYILM MDNSVMMDGVMHQEFYN EAVSFEKVVYDYLSEANK ECKFLGGKVLTFLVHEAI EEYA | 73 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 83 | 36049 | 36186 | 1159 | MRYEIVTLVNQELFMYAT FNKQEAEAKYSEWCELY GQENVSMEMKN | 45 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Figura 14T

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------------------------|------------------------|------------------|---|--------|------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 84 | 36215 | 36493 | 1160 | MILNNTKEKEMIQMKLL NQENQIVISIA TI LSVVQAL LIWEYIDHIDYNIWNNEEL DDEAVVVKISGILQSIFKA DTMEDLQEYIGDGIWKLJ | 92 | gp ORF194 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89187.1 | 3e-24 (56/78) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 85 | 36584 | 36823 | 1161 | MKKAVKASTIEWLELTQ GHGEFDGFFEDMDFRK LDDEDIKWYFFENWYFTTE KOEQIIDEIQEEFEAYSS DDIKEYN | 79 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 86 | 36898 | 37158 | 1162 | MTKFKLIDKNSFYVNDNY NNETYLTSQIVLSGEAGR LLDDMIEDCEDEHDKDIN YKKLDTNINIDDYLECA NVYIYPYNKTEFKY | 86 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 87 | 37176 | 37349 | 1163 | MNTRANKALNEAVRL DKQIEDIQTKTMQELNKL EQIQIKAKQELMTLVDM TGDE | 57 | gp ORF002 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB88993.1 | 2e-19 (50/57) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 88 | 37349 | 37618 | 1164 | MNIKEAHKVYRSAKSLL QEQEHTNHIIEDYIEELH RRTQGSGTQMNNTASY SNGSYGSLELREAYDLS SLSTGEIKELELTFFV | 89 | ORF166 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241041.1 | 2e-33 (71/89) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 89 | 37720 | 37971 | 1165 | MKEQIKQFKEKLEMVN NLFLHLHDGGVSQAKIEEQ NOKVYVLKAIVENMKAY EEIRVEPKSEEQFFKELEE ELEEEEKILKG | 83 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14U

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad % | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|---------------------------------|------------|--------------------------|---|--------------------|--|--------------------------|-------------------------------|-----------------------------------|---|----------------------|--|--|
| | | | | | | | | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | | |
| 53 | 22386 | 22586 | 1128 | MINYRDFITDCISGGYNVH ISVTEKRVHUSEMTSASYP KKIEINLDELOAQAYYYMN NFCSQITTEGL | 66 | ORF211 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241008.1 | 2e-31 (6/66) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 54 | 22587 | 22877 | 1129 | MELVINIVAVL/GMYAIY FYVTKFSTGSLSGILIVLGM AIGLYFYLDYLNVRENVIR RLYSVMFGAFLFSIEMIYN KIMFEIKKSNVQKTVRVY DKEQ | 96 | ORF155 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241009.1 | 7e-46 (9/96) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 55 | 22971 | 23279 | 1130 | MYPEIDVEKLAYKLKSTR EYLESIKIKEVEYIEVHLK TGKLVFKEGYIEVKELLRK KMYKENITLVVDVTMLSIK GKGFDVKNISAENVFOQIT TYKELSTK | 102 | Proteína hipotética KgORF109 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024537.1 | 2e-47 (9/102) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 56 | 23276 | 24184 | 1131 | MIRKISEVDKEYKPITEKF PNGEINFKYDDKLKVLEE NLREDFVFFKWENDADLM HLYMFITKYLEQOLGDKRKA EFLEIAFLPYSRMDRVEE GHNNMFSLKYTTEFINNL NYKSVVWVVEPHSPVTEEL LTNSVAIDVTLKLNNQYIE MSSEEPVTIVLPDKGAYDR YLFDVERILMESNIESYI VYGEKKKRDEFETGKIGIKI IKDKNTLYDNCIILDDLTS YGGTFVGCKKALDKLK SSVSILTHAERAFAEGAL LSSGFKDIIIVTDSMPPKNN WEKAIAKHRARINGTELQ | 302 | Ribosofosfato pirofosfoquinasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024538.1 | 2e-172 (29/302) | Ribosofosfato pirofosfoquinasa | RibP PPKin, ribosofos- fato- 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 | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--------------------------|-------------|--|-------------------------------|---------------------------------|---------------------------------------|---|----------------------|------------|--|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad predicha | Funció n predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 57 | 24202 | 25671 | 1132 | IKDIERYL | 489 | Nicotinamida fosforibosil transferasa [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024539.1 | 0,0 (488/489) | Nicotinamida fosforibosil transferasa | Como PBED, similar al factor potenciador de colonia de célula pre-B (PB EF) | cd0156 9 | 2,88e-163 | |
| 58 | 25750 | 25995 | 1133 | | | | ORF178 | 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 | Posición de inicio de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|---------------------------------|------------|----------------------------|--|--|--|------------------------|----------------------|---|--------------|------------|
| | | | | Tamano (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funciòn predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 90 | 38522 | 38259 | 1166 | MKLYQVEHDNCEPYEDN YSYREDKVYTNKENLKR IKAEGYEKEISGYLQDGY TYYKKDNEDDVPIFREDM ITTHELEVNNNTSEE | sp ORF004 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB88995.1 | 5e-19 (52/83) | | PRK14902, ARNr 16s metiltransfe- rasa B | PRK14 902 | 6.40e-03 |
| 91 | 38955 | 38524 | 1167 | MENYKNFHFEANKKAHL VTKAEQIKGDRLKLAETEL EEVYTRKAEEAFLDEIVNELL YOLQNLQESWDTLDQKDC QTLKQLEENIKEEKOME RFKVKRHTTEEVRYDAE TEFDAWYSVEYEDEGTD TAHFSAEYGEWSYEREDN | ORF103 [Fago A5W de Staphylococcus] | YP_241047.1 | 1e-67 (129/142) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 92 | 39149 | 38958 | 1168 | MIELISWTYLITFLLLWSA GTLYINYLVYRURLTKER KEMSKEHHRNREIKQR ENRRDK | ORF224 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241048.1 | 1e-26 (61/63) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 93 | 39394 | 39146 | 1169 | MRYDINEKCYDEKDFUL QIYENYSDETDRREVETY NKAEAWDKLCEMLKDK DMSDGHFFEEEMFKLFSRT GKSFTIDKEESQ | 82 | No se encontró una similitud significativa. | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 94 | 39876 | 39394 | 1170 | MNKTFKKFELGKNTEYSK QGLGFILVALPIMLIJFSVFL AFIIGIPAVITYALHALNID NDFELIQLPVMWFILYGI VRTDEHKKFVVLKLKD YLLSIL YLTITTAISVLESY LLFOLL PFTGDXRAVITLL SFIVFVA VNRGICKIAKSY | 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 | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------|-------------------------------|------------------------|--------|----------------------|---|-------------------------------|
| | | | | | | | | Función predicha | Valor de E e identidad | Acc No | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 95 | 40300 | 39869 | 1171 | MINKYIDLVLENCDVVRLESKDVSRFHISGTTEGIDYGYTYKETSNISRTRHCTYFGILDIPMEIPQVGFAYPDNTNAYEMITAYSDTIAIDLYENDANEYIVYDFNEYNDNYNNQKNDYNNMLEITITESNSREEEDE | 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 | MDKINLNKKHDGSTVVNISSNMILKIQCTDLRKECD DSEAPPTYTHFKAYIVNNI FIVNDRKQKKVKVQDY YNDHVGRGNVKDLLKVKDVIIFOLSTQLNTNEIKISG ADERRYKIKYFYIEKDIFREDNMYYSKSNIWINNFSLOKFQWNTVVTKGDYNNKKELKKVDKEWKELLI | 180 | ORF073 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241051.1 | 8e-96 (177/180) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 97 | 41356 | 40868 | 1173 | MRETSEYIMFWGKEDIYSNFYPIKFKHQGRTFNNSE QAFMWRKARYFNDFQIA GEILNAKKNPNHAKSLGRK VRNFNEEQWNKVRYDIM VEUVKDFKEMTTHLKQRIIDTDVRKDFVEASPYDKIW CGVGLKANDPKILEQSNW KGQNLLGKVMDVRVHC YNRK | 162 | Proteína hipotética KgORF4 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024433.1 | 2e-90 (160/162) | | | | Fusión de Ribofl., proteína hipotética conservada, ribA/rbd fusionada | TIGR02 464 60 2.28e- |
| 98 | 41767 | 41369 | 1174 | MKKKYYFKGKLNLDFEKEVFG1KKNNKKYKMKKKL | 132 | Proteína hipotética KgORF5 | YP_024436.1 | 8e-69 | | | | No se han detectado dominios | |

Figura 14W

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S10 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 | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | | (130/132) | | | | putativos conservados | | |
| 99 | 42471 | 41764 | 1175 | MAYYVVDIHDIGEYQKLTTI MDKINNERKPEETIVFLG DYVDRGKRSKDGVNVNYF DLMSNDDNNVVTLLGNHD DEFYNIMENVRDLSIYDIE WLSRYCIELNSYGVSTV TLKYSSVEENLRNNYDFI KSEILKKLKESEDYRKPKI LMVNCRKYYKEDKYIFSH SGGVSWKPVEEQTIDOLI WSRDFOPRKDGFYTVC HTPTDSGEVEINGDILMC DVGAVERNRNIDFFIKLEV K | 235 | Proteína de fosfatasa putativa [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024437.1 | 5e-134 (234/235) | Fosfatasa | Familia MPP_PPP_proteínas de fosfatasas de la superfamilia de metalofosfatasa, dominio de metalofosfatasa | c00014 4 | 6.21e-23 |
| 100 | 44413 | 42563 | 1176 | MTKLLKLYDYFNNLKS SENEDSIGQIVIENLNPD TYEAGHFKICWIDINGEESI KVDPKFEVLTSSQDKLI VTYNEVEPMNIKAENIIGL QDVIDTQFDNHKEEFM EINKLJADNKPTQQPSSTTI SPLDKKKVIFIGDSITEVN ARTTKNYHQFIADRTGLI NVNKGTSGTGYQDRKNV AYTTDKPDPLICVMLGTN DYGLVGGKTKPLGTAKE HSYTTVAGSIYYTYQQLS KVFTPTVPIVVLTPRIE SN | 616 | Proteína del dominio de lipasa/acetilhidrolasa [Fago SP-beta de <i>Staphylococcus</i> epidermidis RP62A] | AAW54968.1 (277/503) | 2e-149 (277/503) | Hidrolasa | SNGH hidrolasa similar a 2, subfamilia de SNGH hidrolasa | c00183 4 | 2.31e-08 |

Figura 14X

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 |
| | | | | PFKEVENGQQGYTLGQLVD VIKEIAKOFSPFPVLIDLRE SNIRWDNNVNKTFFAW KEGMEDGLHPNAKGHEFI SYTIQSFLESKGTVGAIAS PPSIDTSVKDLGNGVYSK LIRPTGMRWKDKDTSFVM NMSTDDIDLTANKILNVS YNGKSLINPEGYTSNSPV WYTLPAYEDGNKYNRISE VNFLNAAFTIDDNAQGL EFMRDIIKVIIVDVKTKTN IVGEYTQVGYKDITASTP PTGDTSGTTIPVSNGDGTY TATIFTTAIYWKEQDFSMI NIDKTKLDLTGKSVTKLE YNGKTLVNNNTSLASNSPY WLTVPTATECTTNRTPE VKDFVSVITLESTGTDR KKYKNEVILKTYK | | | | | | | | |
| 101 | 45043 | 44972 | 1177 | GGACUCUAGCUUAAG GUAAAAGCCAACCGCUCA UAACGGUUUGACUGUA GGUUUCGAGGUCCUGACA GUCAA | | | | | ARNt 4-Met | | | |
| 102 | 45871 | 45323 | 1178 | MEKIVILEEEEMDYDL WEEDTVTTSYEVILGTY DSLEDAYIRDNYGTSNPI FINEYPVLTKEKLIEEQRY FRYNSYLELKRVNGYFEIS EINELHVTEDFSINKDDKN FDSPPSINMFSHNRNSIGIE FIMFSEYNDKEDIEKEKN SELMKLYKLKHREADI | 182 | Proteína hipotética XgORE8 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024439.1 | 4e-88 (162/169) | | PHAO2241, proteína hipotética | PHAO2 241 | 1,20e- 23 |

Figura 14Y

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|------------|--------------------------|---|-------------------------------|--|--------------------------|-----------------|---|--------|------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 103 | 46093 | 45875 | 1179 | MKNIIINFVYDYNINFSYSE DSLNVMMNSYLVDKHGT QDYEVGNYEHITGVFSY QTEEEVIAKLNLIQIWE | 72 | ORF201 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241058.1 (71/72) | 4e-33 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 104 | 46288 | 46094 | 1180 | MRDKRHSSELLYDIIGKHI QEENENITPYIEAIYVDMM NIVVEYTFFYNENGTRML GQYPIGEVM | 64 | ORF218 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241059.1 (64/64) | 8e-29 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 105 | 47015 | 46278 | 1181 | MNLEKSFLLSTIETFGSTYQ GTSEDEHSDKDYMISLVLVQ PLSDTIERNNNEAKSKHTEV SRYAAVERFISLVLKSGFD NVLNLCAQLEQAKNTRF NKTVDLFLFYDDFFILTYV RANFKPLAYSVGINNINIL KKGELTGKDLVKFYTFYN HLEYYYNDLDDLDLNLNV SYKDFAKVYKYMKEVLD NKRSNVSIEKKKDLVNKV EPLIQEVKDKLKYNESNIK HYKDAMELVEKSLSKDKT VAFLTEVYNER | 245 | Proteína hipotética K8ORF9 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024440.1 (243/245) | 2e-135 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 106 | 47182 | 47078 | 1182 | MKYILGLITLGILFKVYE HFKYKQDEVDEEDI | 34 | ORF437 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241061.1 (34/34) | 4e-10 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 107 | 47442 | 47194 | 1183 | MSNMDFYQFLNHENVVR NSTPSQKNFIRENLTN LEDTIDFISSKKAKEEIK IIRIKNEEYDMAMDALA | 32 | gp ORF020 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89011.1 (80/82) | 6e-40 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14Z

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

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|---|-------------------------------|---------------------------------|--|----------------------|------------|--|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 108 | 47824 | 47435 | 1184 | GWVTKHGY | 129 | Proteína hipotética KgORF10 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024441.1 | 2e-69 (129/129) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 109 | 48096 | 47923 | 1185 | MFKKAPQYIMEKVEKEN NILGEDILSDIYKKGVKL VKRHPETGHNLNGYTLP DNEKEYDSLLERRAHRGIT YDDYDYEGRVLGFCA HAWDMTPYAIIGSLDDQY RDLEYVLSILKDMAEYVK KDE | 57 | ORF245 [Fago G1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_241064.1 | 7e-25 (55/57) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 110 | 48619 | 48137 | 1186 | MEKVNHIEFLAELAKSNSP VLNSXPLOQDGIDYNEIFDY DGFHFFSQKNQYQWQK YNAK | 160 | Proteína hipotética KgORF11 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024442.1 | 2e-85 (159/160) | PHAO243, proteína hipotética | PHAO243, 243 | 2,31e-36 | |
| 111 | 49211 | 48669 | 1187 | MANEKEIRMVNYLIDNM SMWHNYYARAVLIPSEVE KIIKEHEKFDLLKKRGE WL VKGSDTDNIDDLETYN QIMNNQKDEMIMIQEIDY TQKITITDNEHYSSDLIN EVLNKLEQSEDIKKSNYK SLYVGTYNVGYEVTYA SSYEETFKNDLEKDL | 180 | Proteína hipotética KgORF12 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024443.1 | 1e-94 (177/180) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Figura 14AA

Tabla II - Características de los productos del gen fago F12510 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | 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 |
| 112 | 49744 | 49711 | 1188 | MVYDSIIRTMAVSLINK WIAELITDVTLDKCKFT EYKGKVVTNSINKIQDVLI EKNEYEVTDGELYDIVCTE LINPIKNNTTEEEKHINEKND LLEHLEDLAERHDIDLGY VSDGSYNLTVTTHWLIMOD EFTDVNKVNNDDEDFYTV TIPESKYFWLPITKENLEM FLTQDPINKGEVK | 177 | Proteína hipotética KgORF13 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024444.1 (177/177) | 4e-97 | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 113 | 49911 | 49747 | 1189 | MKNPIKLLSIAAVTILTFSL TYVILKKETNKRNNGYAP FDSLEDFHHLNKEIK | 54 | Proteína MpBP de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89017.1 (54/54) | 2e-22 | Proteína MpBP de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 114 | 50192 | 49914 | 1190 | MANNIWAVVLSIIIILLILI LWFLFRKKVNGGGNSKVN EIQKAENNNDNKEOEVEE AYRRELNEEKEENNESS KDVKYDKEVKVKNKLKE E | 92 | Proteína MpBR de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89018.1 (92/92) | 2e-41 | Proteína MpBR de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | |
| 115 | 51037 | 50192 | 1191 | MGRRLIDNSELNVKYD LPDFFSAALKKNRVSGRDN SSDTGSYDFTGTHSfQEAE YNLMMVKGDRESYDMVV KLKKMKTDAFLRMIDKSVK RKPVVAPEGYQPHVPNAI KGLPNSMMMSQORVKAEK KVIDVFYNSISWREDPEN LAYRGAIMLSAIQTLTEK GYSINLYLGKLSNSGYED | 281 | Proteína hipotética KgORF14 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024445.1 (280/281) | 8e-161 | | 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 | 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 |
| | | | | KLTGFVNVNIKHSYQRLNV FKSSFYLNPSFLRISR VLEVEPDMDVQLTNHGYG SVVSKSSYGNKLTEHILD NAVIFDSSVGIDINNDSE NLRAVKKLFGGRLL | | | | | | | | |
| 116 | 52167 | 51049 | 1192 | MAKQDTIERTLERLVEQQ METTAIDLAKKLGEKNSN PYEQAIIVDAIVEKAGTESR EIIITDVKAQOEYVVEEQLS NLPVKIELQQEKGKTIKDIS GIFHYRYQDILLKLYNONIP VFLKGGAAGSGKHNHVLEQ VAEAALDIDFYSNAITQEF KLTGFDIDANGKFHETOQY KAFTKGGGLEFDEMDASI PEVLLILNSAIAINKYFDPI GRVTAAHDERVVVSAGNT MGTGADHIIYVGROOLDG ATLDRAFAQVEDFYDTKE HOLSSNEIDLVNFWQQLRH ENDEKGLPYVFSMRAIN GSKLDCGMEDFVVESIUF KSVPKDENEINOFTISLPEGN RYTEATRKLLGMQOQPK QEPRKSDSTSCKDSMDFTI MDKLGLLE | 372 | ATPasa putativa hipotética [Fago K de Staphylococcus] | YP_024446.1 | 9e-110 (194/194) | ATPasa | PHAO2244, proteína similar a ATPasa | PHAO2 244 | 1,23e- 175 |
| 117 | 52645 | 52319 | 1193 | VSKRTIDNFIFYCKYYSE YLPSSLGVVEVLNHNETSHG TMEGVVKRYIANILYEGQ ELTVTIDLEEFNNATSMH NMLEIMNNHTYNNCMFMY DMDTTHETKDIDDFKLM | 108 | ORF134 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241072.1 | 6e-56 (106/108) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14CC

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) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|---|-------------------------------|------------------------|-------------------------|----------------------|----------------|---|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 118 | 53054 | 52638 | 1194 | MIAKEFMKTOAQVEDYL DKLKVTIUDALSVKESWS NDSNDIGYALSSLGESIGL LENNYYNIQVDAHLPEHYK GSKDVISFEHFVSYDCGV DSMIFNIVKTYTTRLGKD AVDKEVKVQKTYVYRLER NIKYGDSTRV | 138 | Proteína hipotética KgORF16 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024447.1 (137/138) | 7e-74 (137/138) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 119 | 53488 | 53186 | 1195 | MEKVELIKQWAKDRLNQ TGKPEGONMLKKLLEEAGL ASGIAKSNDHVTRDGSVGD IFVVLTVLCLQDIDIEECI DMAYDEIKDKRGKLINGV FVKEEDLKK | 100 | Proteína hipotética KgORF17 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024448.1 (100/100) | 9e-50 (100/100) | Pirofosfohi- diolasa | MazG | pJano03 819 | 7.10e-03 03 |
| 120 | 53676 | 53488 | 1196 | MEKFOQDYNNIDIRVKAY VRVGYRYEEIDTNNLHEL VEDNLNNTSDSLSLIKDT EIKGDIE | 62 | ORF228 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241075.1 (61/62) | 5e-26 (61/62) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 121 | 53881 | 53720 | 1197 | MVKPVITLEPDVKVLLD YLSFLEDDMRNYEGMRE LYEEELHKKYQLAKGNYS D | 53 | ORF239 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241076.1 (53/53) | 4e-22 (53/53) | | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 122 | 55932 | 53881 | 1198 | MATYQKGLTEQEUNLP KVNKGCIYIGEEDVFLK KKNININLGSKELFRIHN IFSFDITATEIHLFLALCGN KEVTNFITGNPYETIEKLVE CVIEENKGRSYKEYTASSR ERKEFPFLYGSKRITOIKS | 683 | Proteína hipotética KgORF18 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024449.1 (591/683) | 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 | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID No. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|--------------------------------|--|-------------------------------|--|------------|------------------------|-----------------|---|--------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No |
| | | | KGYVEE X KELENETRLR | WYESRQDYEKEVVDSL NNNDMDILYQGKYGLIKS SITSRNLNEDETEKGSSKYYK EISDSL YSSTWYMHPSTE NSSSGFLKVRHIDKYM GNRWVLENKSSFDVKTG EVKFELTDSL VNKEITNL YKD DISKSEYKNEELNLA LLNVILK NYSTPNL SKNV IKHEETLRNDGF GLSSWC LDEVDYVG RVN YGGN KY KPLKGENSTS NLYLTLDI VKNIDKINN LEEFEL FERN SLLFHIPKKNPKWKHAEAFN LTKQT YKKLLT LNNFEQS NYLRFSDTLYNNYNHLH NEVNLHOLFDDTFMLVQ DVRNVTDA LKV PIVNEI LSISF ANYKKMTHYLDVD AQDRQRITGYALDSYYLD YLHDLSI LREGYRTLESV NLTPFSLK LEHDIVTDEKQ SIOQOLDDAELKSKYENK LEKIDKTYKLKGKVK FLP ADT VSKL KNEGKMLS HC VGGYANRIUKNSCLILL ARLEEDLDNSWFTVEIRIT DNGYVLGQQQSIDAYKLP NELKEALEKD KINKEEF KEVA | | | | | | | |
| 123 | 56273 | 56010 | 1199 | MSIEKEE VVAHNEVVFK SLTOGLYVKEV D IYSDVIS YTKS IDE ALAMPNTNFK NSRK YEK LIRN LDKPLN | 87 | gp ORF038 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89029.1 | Se-39 (79/87) | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 14EE

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteinas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|---|-------------------------------|------------------------|--|---|----------------|------------|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Funciòn predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 124 | 56465 | 56292 | 1200 | LNDLKEGKYYHKVRA GETLWTISKNYGVDIKKL QELNNIKSVTITSLEYVL CVE | 57 | EP ORF039 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89030.1 | 1e-21 (52/57) | Proteina de unión a peptidoglicano | LysM | pflam01 476 | 8,09e-07 |
| 125 | 57050 | 56472 | 1201 | MDNLSHYLSILYAILVTV GYPIGLIAVKSDSVKGWS SYFWYLIVATVGISEFYNNL ITDATMFQIVSVGVNLTL GIVCLLVAISYRKDDYFSP FIIVFSVLLFLLSDEFTALTQ TIATITIILAVVTOITTEYK TKSAEGTNREFLFLIGLGL ASLILSMVLSHTYVHIAI EFFVNFLIJLICYLQANYYS RR | 192 | EP ORF040 [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89031.1 | 5e-92 (177/192) | Proteina hipotética | PHIA02246, proteína hipotética | PHIA02 246 | 2,51e-33 |
| 126 | 57636 | 57043 | 1202 | MVNNTKDKVYCVMGGHL LNQAMVEYRTKQHEQVE GIVGVTPYSPHQDKSIND KANAEQTGLAERILNNDF KAMQESDIFVFDILNEGK GTIAELGILLGMKHOAQK IIDKYEDIDPRDLEPLTQY DILEAVNIVNKPVLYCSD IROGHGKGKYDIDPRAEFS TNQFIYGCVLSLTNGEGFI SWEEVILKRLKEKLGGQDG | 197 | Proteina hipotética KgORf20 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024451.1 | 8e-79 (153/210) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 127 | 58522 | 57629 | 1203 | MKSYTAKVKNKGSLDKF KDRGFVVQEKLDGSNA SF TTENGELVCFSRKKLNE NETLNGFYNWWHENMTD | 297 | ADN ligasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024452.1 | 8e-134 (237/298) | ADN ligasa | ARN lig RNL2, ARN ligasa, familia Rn12 | TIGR02 307 | 1,21e-07 |

Figura 14FF

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 | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|---|--|-------------------------------|---|-------------|------------------------|----------------------|--|-----------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | KLDLSILEGIIFFGEWLVKH KVNYKEECYNNFYVFDV YDKDSETYLPYSEVISLSE TLGLKTVKTLMIIEPSFYL NKLNPQEIQDLVGKSDMT VKPNTGEGIVIKYVLGKS EHDDYDFKLVSKEFKFESR KKMKSEVRNSNDSVADYA TKSRMEKMFRAIEEENRLS KDDLELENGFLIMKQVQGQ NFVDDIMEEEKENMMKII EKOIKKKMPPHLRGILEEK GDTIDG | : | | | | | | | | |
| 128 | 58750 | 58526 | 1204 | MNYLAKVFINNNWLVKLI TIVLLTLLGGLYVVISAV AFLSTVNLNPLGLVVLAFL LASVSLILFSIVHNNSKEDN | 74 | No se encontró una similitud significativa. | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 129 | 59558 | 58818 | 1205 | MAIQLKELDFKLKDYPNV RYNMGEHLVFNEFLEKAT TEQLDFCEDEFNDNVEIL WNEQSAGTGKTMCVAC AYADYLNKDRKLVFISP VSEDLGSRGNQOTEKEMA YFMGLHDALIELNMNPEQ QITEMLMIMEDNVKEDKL GDCWVVSQISHFLRGGNL RDSTIUNEAQNFKRSELK KVLTRVHTKNSTVIVEGN FKQIDLKNESKSGFGDYM EFYKKYDGAVFHNFTVNF RSKLAQYADNFKW | 246 | Proteína relacionada a PhoH putativo [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024453.1 | 4e-142 (242/246) | ATPassa | Proteína similar a PhoH | pfam02562 | 3.99e-21 |

Figura 14GG

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 |
| 130 | 60224 | 59610 | 1206 | MKKINSVIKGEKGKKVQTT DVRKISYYVKDYNPCMT VDDANDYNTSQQYLVSD NGKFKIAYNKDMNAVG YEESGDTVKHLTHTPER LEGTVFTIEETFKIDLINDT LPQGDILIKEFSDGSYLPDN ESVLDSSVNYLADNDWDS VDDIYTGLSGRNSENCIV DFNYYNYDYGDDVEDEE VCDNNYPECECSNYCSSTG EVIGN | 204 | Proteína hipotética KgORF23 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024454.1 | 3e-111 (200/204) | | PHIA02248, proteína hipotética | PHIA02 248 | 2.68e- 96 |
| 131 | 60665 | 60240 | 1207 | MQDSVNIYTGGSSSYNKG KVGSAGAVLVSKEGNIIAEI SKSVDKPGLIKVNNAVE ILACCGIEFAIKLGYNQA IVYIDYIGLIHWYEGTWSA RNILSKTYINMIREYQKVI DINFVKVKSHSNNDKWND YADNLAKKSIDI | 141 | Ribonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024455.1 | 1e-73 (140/141) | Ribonucleasa | RNase_HI bacteria_HB D | cd0927 7 | 8.50e- 30 |
| 132 | 60846 | 60655 | 1208 | MKKGVFTVIADGCFKFNV AKDKKEVQEHCFCKCDF NYISVSFCREVSDFEFQ 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 | MENNVLVNLMLTTDDID DTIEMVDSFELQDINKVL GEDTFLTMITDSLPLDNQ YKIVLLSSLDDKLNTDRK ELVEYDEEFPTRKHNVSE LKRTDVNSVIDSYMTNTV EILYTEPTISNSVVVDS VKVLNTLYLESKNGKIEA | 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 F125c10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | SEQ ID No. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|------------|--|-------------|---|-------------|------------------------|---|---|--------|--------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor i de E |
| | | | TLSEDGEDLHEYISEGYS VTDLINKFDDVEDLFDED DSLNFNSDIEGKNTIKS FIELVINLK | | | | | | | | |
| 134 | 61730 | 61500 | 1210 | 76 | ORF187 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241088.1 | 6e-26 (76/76) | Proteína de unión a ADN | HTH_XRE, proteínas similares a la familia XRE hélice-giro- hélice | cd0009 | 9.43e-07 |
| 135 | 61960 | 61733 | 1211 | 75 | ORF190 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241089.1 | 2e-33 (73/75) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 136 | 62778 | 62071 | 1212 | 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 | 264 | Proteína MpBS de membrana hipotética [Fago A5W de | ACB89042.1 | 1e-137 (237/261) | Proteína MpBS de membrana | Dominio C de banda_7_Hi de proteínas | cd0340 | 3.25e-11 |

Figura 14II

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

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : | Tamaño (aa) | Proteinas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|--|-------------|------------------------|------------------|--|--------|------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funciòn predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | PFDKVNKYPTKTQTHKY KDLNVATSDGKNLQMDI DVSYKVDAIKAVDLFNR FGSADIEELEKGYLRSRV QDNVRQSVSKYSVIDAEG VKTGQIKKDTLSDLNDNL EKQGFVIEDIALSSPKADK NTQKAIDERVKANOELER TKVDKQIAEENAKKEVE AKGEKKANDIRSESLTDE VLQQQKIEKWDGKQPIQI GGDTIVDVGTGK | 51 | [Staphylococcus] [Fago K de Staphylococcus] | | | | | | |
| 138 | 64077 | 63769 | 1214 | MALFLTYFAIFIVFLVLVG FGMSYVFDFLSMREKKSN IRKQYRELVROGTLLEEYG LEQYVVKYKKQFLNDRRQ SLVTKAQDQEQIDKEEKAL NSLIKEIEKGEM | 102 | Proteina hipotética KgORF29 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024460.1 | 3e-47 (94/102) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 139 | 64810 | 64190 | 1215 | MENIIGKKIEKLFWEEYYGV SDKIKGKLYLCLCDCGMDS RVLSKSQLYYKSCGCM KSRRNGSKKKHPEYTWRK MKERCYNNKNDQSYPPYG GRGIEVCDRWKNSFESFL YDMGKRPSDKYQLDRKD NDGNYSPENCRWTTRSEN IVNRPSKLEGKKNIQERTIN GYRVRVSITRNNRYQSQY VDSIKEAINLRDRMLKEY EETKSITIFK | 206 | Proteina 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 GTVDSPYRKATSYDP | 496 | Lisina putativa [Fago K de | YP_024461.1 | 0,0 | Endolisina | PGRP, proteinas de | c00658 | 3,07e- |

Figura 14JJ

Tabla II – 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 | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|--|--------------|------------------------|----------------------|--|------------------|-------------|----------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funcióndpredicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| | | | | FGVMEAGAIDADGYYHA QCQDLITDYVLWLTDK VRTWGNAKDQIKQSYGT GFKHENKPKSTPKKKGWI AVFTSGSYEQWGHIGIVY DGINTSTITLEQNWNNGY ANKKPTKRVDNNYYGLTH FIEIPVKAGITTVKKETAKK SASKTPAKKKATLKVSK NHINTMDKRGKKPSEGMI VIHNDAGRSSGGQQYENSL ANAGYARYANGIAHYYG SEGYVWEAIDAKNQIAW HTGDGTGANSGINFRAGI EVQCQSMSASDAQFLKNEQ AVFOFTAEEKFKEWGLTPN RKTVRLEMFEFVPTACPHR SMVLHTGFMNPVTQGRPSQ AIMNKLKDYYFIKQIKNYM DKGTSSTTVIDGKTSAA STPATRPVTGSWKKNOY GTWYKPKENATFVNGNQPI VTRIGSPFLNAPVGGNLP GATIVYDEVCOAGHINWIG YNAYNGNRVYCFVRTCQ GVPPSHVPGVAWGVFKG | Staphylococcus | | (492/495) | | | reconocimiento de peptidoglicano (PGP) | 3 | 10 | |
| | | | | | | | | | | Dominio CHAP | p fam05 257 | 1,42e-15 | |
| | | | | | | | | | | Dominio SH3 bacteriano | p fam08 460 | 6,49e-14 | |
| 141 | 66866 | 66363 | 1217 | MANETKOPKVYVGGINLST RTKSKitFWVAIIASAVALFA NQITGAAGFLDYSQIEQDG VNIVCGSILTLAGLGIVD NNTKGGLKODSDIVQTDWLK PRDSKDPNEFYQWQANA NNASTFEIDSYENNAEPDT DDSDEVAIIDEIDGGSAP SQDEEDETEHGKVFEE | 167 | Holina putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_0724463_1 | 6e-90 (165/167) | | Holina | Holina 1 de fago | p fam04 531 | 1,53e-25 |

Figura 14KK

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

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|------------|--------------------------|---|--------------------|--|---------------------------------|----------------------|---|--------|-------------|
| | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad predicha | Función | Nombre | Acc No | Valor de E. |
| 142 | 67136 | 66951 | 1218 | MASAKOLYYTESLIVGKAI INNKVSNKEEVWDKLELL PETKLEDLDNKQMSEVK KLNQINE | 61 | ORF233 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241098.1 (61/61) | 1e-25 | | | |
| 143 | 67369 | 67298 | 1219 | ACACCCUUAGUAUAAUU AGUAQUAACAGGGUC CAAAACCCUUAGGUUU GUCCAAAUCAAAGAGG GUGUG | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 144 | 67448 | 67376 | 1220 | GGUULCUUAGCUAGAU GGUAAGAGCACUAGAU GAAGCUCUAGGUCAU UGGUICAAUCAAUAG AAACCA | | | | | ARNt3-Tip | | |
| 145 | 67528 | 67455 | 1221 | GGCUCAUUGGGUGAACU GGUUAACACACUGGCCU GUCACGGCAGAGGUAC GAGUUCGGAGUCUGUAU GGGUGG | | | | | ARNt2-Phe | | |
| 146 | 68901 | 68683 | 1222 | MKROKMFYSSLICKECGN VFKVPRKRANKRKEGHK DIYCIKKCKTTKHIEDNRS EAERRWDAIQEELTKDN | 72 | ORF200 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241099.1 (72/72) | 1e-34 | | | |
| 147 | 69593 | 69384 | 1223 | MSKHIEITMSSGAKYFLVS TDEKSYNRDIDYMLRG MDETSIKVYTESAITSPOV YINPNRIESEFKIVF | 69 | ORF207 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241100.1 (69/69) | 1e-32 | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14LL

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

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|------------|--------------------------|--|-------------------------------|---|---------------------------------|--------------------|----------------------------------|--|----------|--|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | | |
| 148 | 69939 | 69606 | 1224 | LDKEINNLVSQVETIKSKI QEKNYDTRGTFKDLEVEV AELRKMIIVS1DKDVAVNS EKQSAYVQLERLDEKISE LAESTKTKD1KKKDTEK VLLVIGAILSEVFNKFA | 110 | ORF209 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241101.1 (108/110) | 5e-53 (108/110) | PHA02414, proteína hipotética | PHA02 414 | 8.04e-30 | |
| 149 | 70277 | 69951 | 1225 | LTKYKDILKLEFKDSLH FKRDRRIFFHMYRIDRILLIN GSIIYFDYYYLPSDDPNIVI KELDLODFGKLRFEDITK TSYGKVTDNYME[NDF LENYDHSESETVVRP | 108 | Proteína MpBC de membrana hipotética [Fago A3W de Staphylococcus] | ACB89047.1 (100/108) | 6e-51 (100/108) | Proteína MpBC de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 150 | 70717 | 71103 | 1226 | LNNNIIAIFFKTLVIIIPLL FLSVVNSLISLYSIRPSVV MAYFTGGIVSDVALMT DKFLLKKEOPIPEYVKK VEINDKEISIUKIIESNYDI TSEEIKVRAKAQQRLEED SKEEDDNEEERN | 128 | Proteína MpBD de membrana hipotética [Fago A3W de Staphylococcus] | ACB89048.1 (112/128) | 7e-42 (112/128) | Proteína MpBD de membrana | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 151 | 71081 | 71359 | 1227 | MKTKKEIQRKELKDG ATTVSILVKKGDKRASPS RICSLCGCQLSGMSVTKG KALSKVNHFHQYSKYIV FDICAIIDINCYKLNRRKG EMD | 92 | ORF161 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241104.1 (90/92) | 3e-46 (90/92) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 152 | 71356 | 71766 | 1228 | LSAENIRDIIKKKKLEED TRKYIADGFMMNGIGKLMY EFNKKVDNKEIEVKDPND LYKLFVIFESOMQNVMNET SEGGAPQLSRPOOELFEEI TTEDSGESTVLDQKISE | 136 | ORF133 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_241105.1 (132/136) | 2e-69 (132/136) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14MM

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

| <i>orf</i> | 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 de E |
| 153a | 71782 | 72021 | 1229 | MSAEDITEMISEKEKVMN EENSKTF | 79 | Proteína hipotética KgORF35 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024465.1 | Se-34 (68/69) | Subunidad grande de terminasa | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 153b | 72255 | 72398 | 1230 | MIVNDTHPNKAVIKSRQL GSEMGMVYMEMVHFADM HSYANAKCLYTFN | 47 | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 154* | 72647 | 73558 | 1231 | MGKKLTNTFLNRFQLV SDTEYSFLEEKGRHTRKL CKHNLCSYEWDFPSCYGN LGNKNAKGSPCSCPSCYGN VTKTTDKFKKEIYNLTKD EYRLSEYTNAAKTKVKIK HSKCGNTESMTPNTFEINGS RCPECNPQKPNTDASAKD RINKETNGTFLVSEYKG CYELMKLKHHECGNIVEI NMQSIDSNRLNCPCYNR SRGEILLVSSFLSKNIPPE VOKRFDGFKKYPYDFYIA DNTVIEYHGEQHYKPK FYGGEDRLVROKNIDLKK KNFVEGKGINYLEIPYTLN NQNKVNNEFLINYFK | 303 | ORF031 [Fago Twort de Staphylococcus] | YP_238727.1 | Se-49 (119/307) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 153e | 73663 | 75123 | 1232 | MKKFVQSLNVELEKEYF RDIVWDKDLSLGFKJRN SSLFRTSSKASTVEGVDI DYLSLDEYDRVNLAESS | 486 | Proteína hipotética KgORF35 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024465.1 | 0.0 (486/486) | Subunidad grande de terminasa | Terminasa - GpA | pfam05876 | 5.63e-17 |

Figura 14NN

Tabla II – 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 |
| | | : | | ALESMSSEPKIVRWSTP SYPGIMGIHKLYQOSDOW YYGHRQHQCDYLNEMSY NDYNPDNLFEESGNMLCV NPEGCVDEQAKTVQNGSY QFVCOQCCKPLDRWYNG EWHCKYPERTKGNKGVR GYLITQMINAVWISADELK EKEMNTESKQAFYNYILG YPFEDVKLRVNNEEDYVG NKSPIAETQLMKRDRYSH IAIGIDWGNTHWITVHGM LPNGKVDJRLFSVKKMT RPDLVEADLEKIUWEISKY DPDIIAADNGDSGNNVLKL INHFGKDKVFGCTYKSSP KSTGOLRPEFNIENNRRVT VDKLMQNKRKYQALKTK DISVYSTVDDDLKTFLK WQNVVIMDEEDEKTGEM YQVIKRKGDHYAQASV YAYIGLTTRIKELLKEGNGT SFGSTFVSTDYNQEGNKQ FYFDE | | | | | | | |
| 155 | 75116 | 75937 | 1233 | MNRGEIDLTDKLFYGTIS NEELINKSVNLILLGEELS DVSKNSDTLDVKYEHV YKSUGFDNFFDCFLYANR EPEIVHKGGDKNLGGLINK VKRTVIRNGKEMEMTVY EDGINKENDSKEKEQEGKE EVRSAVGARAISNGEEG KVNPKKVAVNSLSSLSSKG VDVSHINTNLSLYKEFVID DNGDTLGLTSFKRTENDII | 273 | Proteína hipotética KgORE36 [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 | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------------------------|------------------------|------------------|---------------------------|--|------------|--|
| | | | | | | | Acc No | Valor de E e identidad | Funciòn predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| | | | | LESYASSPDSGDVGARAI MELLRLSIKENKNAVYD IELPEAVEYLKLTLGFKPNK DGYTRKKDVQFLGDYS DFI | | | | | | | | | |
| 156 | 75915 | 76097 | 1234 | VIIILFESTIVISVFILYIV LKTIVIKSNMSRUDNTTEL LKIQDIEGKIKKEGRNK | 60 | ORF235 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240894.1 | 4e-23 (56/60) | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 157 | 76094 | 76573 | 1235 | MTLEENKLITLEESTPLSK EEKEDSIKEFSSLCEMVN RLYKSYNVPRQDPMDET QRDGSLMVFOQRNLNDPL TGDLHDKMYKLAESKRID IFEAANKQFRKDVEAGKAI ELGDAVADITALSNILSGN EFOQSIISFMRLRKDFEEKER IRKEEEKLNNL | 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 | LKKPKQGNEVVITVMIA VFVVIMTIFFNKYQDAKE DKDRYQRLVELYKADD NDGETKKKYVKRLNKAЕ EELKVKVKETNYKDYNK KSSKEROKEDKETREKIY DVTGDDDLILVKNNIDES DKVDKPEILISEDGIGITIV PVDSGYEKQTVGSMITSVL GSPFSLPGNSNIDGLSVND NVYPNTVDSIVEDTKPSIN LPMMDNPITTPNVEPTIPSIDT IPPIDNPSPVVPFPENPVDN NQGNIDNPNPPPPGYTD DGGRGSGGGGNSEPPSTE | 403 | Proteína Mpbf de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89054.1 (375/403) | 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 F12510 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/familias | | | Domóticos conservados | | | | |
|-----|--------------------|------------|---|--|------------------------------|---|--------------------------|-----------------------|---|-------------------------------------|-----------------|--------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| | | | EPSDNQNTGGGDWEEK DPEEPEPSDNGNTGGNGE VTEPEPDTSEPEOPNENS DEGNEEKPSPEPSDNPDEN GGWEETPEPEPSPEFD KVDEEDEKNEEDTTDDKOP TEQPDNNNDNEDEKTEE | : | | | | | | | | |
| 159 | 77969 | 78253 | 1237 | MIIVHSKFKSSKNVFLVYI YAIGKGTIVLTMQFQTIS VLIKNDVDSILENTEHYGF NDPHLTTSFIGIAILGGIWY KAMMKURKSNFKDKK | 94 | Proteína MpE de membrana hipotética [Fago A5W de Staphylococcus] | ACB89055.1 (94/94) | 2e-55 | Proteína MpE de membrana hipotética | PhA02256, proteína hipotética | PhA0256, 256 | 8,96e- 22 |
| 160 | 78262 | 78642 | 1238 | VNLIFSKDKKKWDEAKDF IKGQGMQDNWIEIVDYYR QIGGKIVAVFTALNKKVY MILEATKDNDKVLVIDKDN NILEDYDIVMESKMFY YIEEPFVKINPQHIRDVT YNNTVLTTVRGSRGD | 126 | Proteína hipotética KgORF40 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024470.1 (122/123) | 2e-54 | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 161 | 78646 | 80346 | 1239 | LADLFKQFRGLKDYNNS TIAQVPIDEGLOQANIKJE QNKEYQDLTKSLYGGQ QAYAEPIEMMDTNPEFR DKPSYMKNEHHNHDVLK KFGNNPLNAILTRSNQV AMYCOPARYSEKGKLGFE VLRDLDIAEFGRKKEEE MKRIEDFIVNTGKDKDVD RDSFQITCKKIVRDYIYD QVNFEKVNKNKNTLRE KELAVDPSFYATDKKGK IIKGKIKRFVQVVDKRVVA | 566 | Port-Protina putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024471.1 (55/566) | 0.0 | Port-Protina | Port-1 de fijo | plam04 860 | 1,00e- 13 |

Figura 14QQ

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 predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | SFTSRELAMGIRNPRTELS SSGYGLSEWEIAMKEFIA NNTESFDREFSHGGTTR GILQIRSDQQSQSHALENF KREWKSLSQSGINGSWQIP VVMADDIFVNMTPTAN DMQFEFKWLNYLINUSAL YGDPAEIGFPNRGGATGS KGGSTLINEADPGKCCQQQ SQNKGLQPLLRFIEDL VN RHIISEYGDKYTFQEVGG DTKSATDKLNILKLETOF KTVNEAREEQKKPIEGG DILDASFLQGTAOLOOD KQYNNDGKOKERLQMMM SLLEGDNNDSEEQGQSADS SNDDKSINPEVGIDSQIKG DSNVYRTETSNKGQGKK GEKSSDFKH | : | | | | | | | |
| 162 | 80364 | 81518 | 1240 | MSVIYKDNINWIDLTNVPPY LQKGDSGYRKDIPRKRKW KKCLNTEVSESYKQKKGL FYVTYRKEDKGKVKEY DKYVKIIDPHDLKTLNINK IVNPPNKAKYREQEAVING DTVRNIRKVKNTGIVYTM LCSEYEELVEDIRESDLRLRG RGSPYKSGRKVCYNNSLY SVENIREYCDLEYAKTV TKFSHKDICKCKPCISEEK VMKVNKLVNNGFSCHRC SSTITYPERLMLGILLELNN LNEYQKVFKDLPNRKFD FYLPKLNMMVIEHTGLQHY RELNGYMNHEKTKESDL | 384 | Proteína de fago conservada [Fago CnPH82 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_950629.1 6e-53 (133/332) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |

Figura 14RR

Tabla II – Características de los productos del gen fago F125/I0 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|------------|--------------------------|---|-------------------------------|---|------------------------------------|------------------|----------------------|----------------|---|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad % | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 163 | 81712 | 82485 | 1241 | LEIJKFNAAFVPMIDLKKSV STASDTNEYSVISVGWASTP SMDLQNDIVINPKGIDIEYF KSQGYINNVEHQSDKVVGI PTENCYVDIEKGFLFIAKL WNNDENVVXMLDLAELK EKSGSGRRLGFSEIGEAVK KRNINDNRVIDEVMTGV ALVKNPANPEATWESFM KSFLTGHTGSPDTQVDAG ALARKEEIASSTINLAYVTK IKDLKEFNDVWNGVVED LSKSNNSMGMYESVSLTQL AKGLSRKDAAELAVMDIN KQKLE | 257 | Proteína hipotética KgORF42 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024472.1 lc-146 (256/257) | | Peptidasa - U35 | pflam04 586 | 8.72e-05 |
| 164 | 82504 | 83460 | 1242 | MSKEMQNILEYDKLNA QEAVSKSVEDDEKNTVES TEEQVAETTEPAAKEPEK VSEEDAKEAQEQGEKVES EEVAEDNEDEEVEKSAKE SKDPVQDQDKDTKTENKDN EKRKNKKDKKEDSDDD EDKDTDDDKDKKEDKKE KTKSISDEDITTVFKSILT SFENLNKEKENFATKEDL SEVSKSINELSAKISEIQA DVSKSVDTDEAVEKSVT STNGEQEKVEGYVSKSVD | 318 | ORF029 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240902.1 9e-170 (317/318) | | - | - | No se han detectado dominios putativos conservados |

Figura 14SS

Tabla II - 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/limitares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|--------------------------|------------------------|------------------------|---|---|------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | TEEQAEITGEAKSEEAEV QEDNTTFKGLSQEERTKFM DSYKAQAKDPRASKJIDL QSAYQSYLNINTDPTNAS EKDIKTVKDFQAQI | | | | | | | | |
| 165 | 83576 | 84967 | 1243 | MTIEKEISLSDVQOKYADOF QEDVVKSFQTYGIFTPDT QIDAGAFLRREILDQDITML TWTNEDLIYFDISRSPQAQ STVVKYDQYLRLHGNVNGH SRFKKEGVAPVSDPNIRQ KTVSMKYYVSDTKNMSIAS GLVNNIADPSQLTEDAIA VVAKTIIEWASFYGDASLT SEVEGEGLFDPGLAKLID KNNVINAKGNOLTEKHL NEAAVRIGKGFGTTADAY MPIGHADFVNNSILGRQM QLMQDNGSGNVNTGSVN GFYSSRGFIKLHGSTMVE NELIDESLQPLNAPOPA KVATVETKQKGAFFENEE DRAGLSYKVVVNSDDAQ SAPSEEVTTAVSNVNDGV KLSISVNVAMYQQQQQFVS IYRQGKETGMYFLIKRVP VKDAQEDGTIVFVDKNET LPETADVFVGEMSPVVH LFELLPMAMKPLAQINASI TFAVLWYGAALRAPPK WARIKNVRYIAV | 463 | Proteína de cápside patativa [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024474.1 (462/463) | 0,0 (462/463) | Proteína de cápside | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 166 | 85059 | 85355 | 1244 | MLYYKKLLDKKMATVY GTVEIDKDGVVKGLTKEQ EKEFANVPGFEFEKKT | 98 | ORF151 [Fago K1 de <i>Staphylococcus</i>] | YP_240994.1 (97/46) | 9<46 | | | No se han detectado dominios putativos conservados | |

Figura 14TT

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

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|------------|---|--|-------------------------------|---|------------------------------------|------------------------|--------|---|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad (97/98) | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | TRKQSASTSKEEPPKEEK KASTRKTTSTTRKSTARK TTAKKDENK | | | | | | | |
| 167 | 85368 | 86276 | 1245 | MVNNSMFGGDDLPYEKSL NEYEPVHPSGNPKHIDVS EIDNLTLADYGWSPDAVK AYMFGLIVQNPDGTQPMG DEFYNHILERAVGKAERA LDISILPDTQHEMROYHET EFNSYMFVHAYRKPIQLQV ENLOLQFNGRPIKYK PAN WWKVEFHLAGHVQLFPTA LMQTGQSMSYDAVFNGY PQLAGVYPPSGATEAPQM IRLEYVSGMLPRKKAGRNN KPWEMPPELEQLVKGYAL KEIYQWGNLIGAGIAN KTLEVDDGITETIGTTQSAM YGGASAQILQINEDIKELL DGLRAYFGYNMIGL | 302 | Proteína hipotética KgORF45 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024475.1 3e-117 (301/302) | | | No se han detectado dominios putativos conservados |
| 168 | 86290 | 87168 | 1246 | MEKPYMIGANSNPNVINK SITYTTTQAQDEQDKPKY TTRLEFDITDMIREINDRG KVLWEAEYFCPCLNPDTG HPRVDOPRCHIGKGIAYL PKETIMAIQSQEKGITNQL DIGILDGTAAIGITQOLEKRI SYRDRTFTVPEVLMQPMI YFVNKDRIKKGIPLYYYDV KEVTYIAATQDGTVYEEDY EIKNNRLYLNEKYENHTV TLKILMTLRVVSDILKES RYQYTKEFNOPKSKEFNL OKLLKKREDIVVLDQPYK | 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 II – Características de los productos del gen fago F125/10 y asignación de funciones putativas.

| m� | Posición de inicio | Posición de detección | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : VNDGIEEDLEIQVDDPKASASNPSNLGGFFGAFK | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|--|-------------|------------------------|----------------------|--|-----------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 169 | 87168 | 87788 | 1247 | MPVHGKRPNLFKNNKNYQVGKRTIDGMRSEVLDFKLQATAQQVENTSIKRMPYLOTEKKLEKEGVVVDLKKAFAHSSKKKTSKDGGWYLTVPIRKTSRMNNNSTYQDMRTLKVDKGTGSVSKITDYLEGRRAKNSVSHPSMKPEPMTHNMNTKVKRGKQSSYFIFRTVSSSKSPASSWILNRDKVNEDNFSKTTLKTVKQLMNWKMKNLN | 206 | Proteína hipotética KgORF47 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024477.1 | 1e-116 (206/206) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 170 | 87807 | 88643 | 1248 | MAITSVDSYLLSEIKPRLNTVLNCYIIDEVLKDFDQTRESEKEAFCGKNAQHEVTVGDNPKFANNYEAHYLIQLGQQQETKNSLSQISQSYFEATGDTLVESSTTAIREDDKLVFVTKSPIGELIKVEDIEFAKYDNLQVEGINKVSKYOTNEDYENYNANIFTEKKNDSKGLVKGFTVEEQVTVVGLSFNVDVARCLDAVLKMILISMRSHEEQTFQLQNLSPFGDIAPIEDGDSMIFGRPTIKYTSSLDDLYTITQDINKLTIFKERKDWK | 278 | Proteína hipotética KgORF48 [Fago K de <i>Staphylococcus</i>] | YP_024478.1 | 4e-160 (278/278) | | Crotono-betainil-CoA; carnitina CoA transferasa | PRK03 525 | 8.14e-03 |
| 171 | 88645 | 88860 | 1249 | MARKKTPENNTPKFNGYVHIDTFLDTAKTLFMKMD | 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 F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio de detección | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos ; : ; | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados |
|-----|---------------------------------|------------|-----------------------------------|-------------|-------------------------------|------------|------------------------|-----------------|----------------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | |
| 172 | 888887 | 90650 | 1250 | 587 | Staphylococcus | ABL87117.1 | 0,0 (584/587) | Vaina 1 de fago | pflam04 984 |

Figura 14WW

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

| m� | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : : | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|-------------|------------------------|------------------------|---|--------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 173 | 90723 | 91127 | 1251 | MASEAKQTVTHTGNTVLL MKGKPVGRAQSASQRE YGTTCVVEIGSIMPQEHV YLRYEGTTTVERLRMKKE NFADLGYASLGEEILKKDI IDLVVDNLTKQVIIYHG CSANNYNETWQTNEIVTE EIEFSYL | 134 | Proteína de cápside [Fago 812 de Staphylococcus] | ABL87118.1 | 3e-73 (134/134) | Proteína de cápside | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 174 | 91547 | 92476 | 1252 | MGKNOYTENKENKNKW YEWCCKLQNVPLVYEVEN AQQIFYFEFLGKFKGLIG KTY'WASINRGSNNMRMSC LTSESKDKYKLKNLIGRKKG IEVEDYKGGRKLKHKKFI VLEGKYQGCCGEGYTILNDL ENLGRVIDNRSLSSEKGRKO YFDKOARLRDCILEYPKD YRIKTKDKIVVKDKEGHV HNIV/QDFFEKSSLLELSC ASEGEKIV/KEELTKNSIKFE KEKSFRNKEGVQRDFY INENNKEYAIEYNGAQHY IDSTGYLKDTLETTQKRD KLKKEYSKDKGGINLLIIPY TTDKKEMEKKILNFLNK | 309 | ORF018 [Fago Twort de Staphylococcus] | YP_238556.1 | 2e-19 (79/239) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 175 | 92534 | 92692 | 1253 | MNNRQAKIKGYNOFHYY DPPTTGKFKDIMRKSR 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 | L.TNKRKTTIGKMSNTRAT WNINPVTKVKKDKTKYS RKNKHKGLDNYN | 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.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|---|-------------|------------------------|----------------------|---|---------------|--------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 177 | 92864 | 93322 | 1255 | MSTFWSERRTTKDRQV KKHYTQMSMYERKKCVE LLQEITTENRINFRHSAK KVKGKPTTNIPKLIGIFIK NKFAVENIYEYNNNTDYG NIERRIVVKHPKVITVEGK PSYQFLTISLEDARVTVW YNSVDDOTHRTLDNYYS KDLTIQ | 152 | Proteína hipotética KgORF51 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024481.1 | 2e-84 (152/152) | | PHAO02264, proteína hipotética | PHAO02 264 | 1,25e- 30 |
| 178 | 93335 | 93526 | 1256 | MGITVNSYFILSNIFLITI LNKGKGTIVTRESLTMSKIL VVTSIQFLACLINGIYWS 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 | MSODKLRAIYTEMKVEL HKFFKEVDITSKTAIAIN QILDKEFKTLTEQAGKITRK YLEGQEILTIDYEYYDSLQ EYYIYLRRNSEKIEQLQEIJ TKRTGEYVK | 103 | Proteína hipotética KgORF52 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024482.1 | 3e-51 (103/103) | | PHAO02265, proteína hipotética | PHAO02 265 | 2,50e- 17 |
| 180 | 94042 | 94500 | 1258 | MAEIKKEQDVQETTKEE KKDVSKMTPEEIDLKLYQ DKQEKEQVINKVIKGVND TWEKEYNFEELDLRFKVK IKLPNAREQGNIFALRSAY LGGMMDMYQTDOVIRAYQ MLATLQEVGIEVPKEFQD PDDIYNLYPLTVMYEDWL GFLNSFRY | 152 | Proteína hipotética KgORF53 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024483.1 | 2e-82 (152/152) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 181 | 94544 | 95080 | 1259 | MESIVKOPLSRNWLAIMK EFNVLPTEQRFKDLDYQ IEFIIGNMMNRDVYEHNKQ | 178 | sp ORF080 [Fago ASW de Staphylococcus] | ACEB89073.1 | 1e-98 (178/178) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14YY

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 | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 182 | 95136 | 99191 | 1260 | LKQAQKGGKFDSQFEDDLDDDLAQVEAKLSDRDKERAKRNDAELNDETEGLTTOHLLAMMEYIROKQQLDDDEVNGKTSEEDATISQDSVVKALEFDLDDWYM | 1351 | ORF001 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240918.1 | 0,0 (1348/1351) | | COG4372, proteína conservada no caracterizada en bacteria con el dominio similar a miosina | COG4372, 72 | 9,12e-03 |
| | | | | MAMNDDYRLVLSGDSSDLENSLKIAELYMDLSLEKNIDAPLDNFLKKLLKVIAKEVKVNQNAMDQDGKSVISSKDMDESIKSTOSATKNNIELKKALDDLOKENISKGIAPOPEVEKAYAKMKGKVVDETOQEKLKEMSSQKIGSDASIONRIKEMKTLNOVTEEYNKISKDSATKDYTKRLRANRNMTGYMERSEGTRGRITYDOGARVSELGKISSEYESQRKQNQNLGQAREQYSNYRNQQQDLTKRASGQINKAQEYQELASIKQEMKAREELISNEYKLGAELDKTVQYYKGSVQKDFQSRSRDYDQQRGTFGRMVQERLPSIGSHAMMGTTAMATGLYMKGASLSETNRPMTVSLGQNSDNMDIDSVRNAYGIDLSDNKLGYNSTDMLKMATSYEASVGHKSDEDTMAGTKQLAIGGRSLGIRDQEAYQESMGOIMHTGGVINSNDNMKEMQDAFLGGIKQSGMVGRQDE | | | | | | | | |

Figura 14ZZ

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 | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|--------------------------|------------------------|----------------------|--------------|----------------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | QLKALGSIAEQSFEGRTL TKDQMSNLTAMQSTFAES GSKGLQGEQGANAINSID QGLKNGMNNSYARIAMG WTGTYQGLEGGYDLQKR MDIEGISNPENLTDMADM ATOMGGSEKEOKYLFLNR SMRKEIGANLTMEQSDEIF KDAQSGIKLSSKEELAKKA KKMEEKEGIKEEGEDNAATD YKEKSKGKNDQNKSKTID DKAEDTYDMAQPLRDAH SALAGLPAPIYLAIAGAIGA FTASLIASASQFGAGHLIG KGAKGLRNKFGRNKGGGS SGCNPMAAGGMPGGGSP KGCGGSPKGGGTRSTGGKI LDSAKGLGGFLVGGAGW KGMFCCGESKGCGFQTS KEAWSGTTRKVFNVRDNGR KAMDKSKDIAKTGTCSSL KDYNIDSIFGKERRQNLG EKAKGFFGKAKGGLYGF ADKFGDGGKNGILSQSPK AGGSGIGKLKLAGGLGK GAGVLGVATSALSILP ASCDSKAIGGGIGSMGGG MAGASAGASIGALFGGV GAPGALIGGAIGSFGGGA VGKEVGDMAKANTKEG WNLGWNTNGDKGNKF QDSLLGKPI | | | | | | | | |
| 183 | 99270 | 10169 | 1261 | MRIIRRPKVRIELVTDDNT FTLRFEDTDRYNGDEFGA KLLGFQTKNSMEDSSVF | 808 | Proteína hipotética KgORF56 [Fago K de | YP_024486.1 (806/808) | 0,0 | Cola de lisina | Dominio CHAP | pflam05 257 | 1,02e-14 |

Figura 14AAA

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : QINMAGDTYWDKLVMAN NDIIRIFITPNDDPNDEKGR QERLIQVGMSQVSKVGS YGNNDQTQFRITGQSFKP FMKFGLGVIQEVQAALPE VGWLIDGIGDNEVKFTG SSAHEVMTGIIRRIPYMK YNYTEKTYNTIDNYLDYD DLSSWDEFELTEVSAFT NEDGSLKQLMDMVTARP FNELFFKNSKEKTPGKAQL VLRKTPENPTEWRALDMI KVPTEDFIEEDVGKSDVE TYSIFTATPAGMLKELNG DVFSKPQFHPELTDRGY TKFEVENIYLSTIKSGSATE DSDSGGDDNGTERGTSYK IMKDLISNYGRDNISKGD KYTSKLSSKYYKNUKKAQ AKKIIEKFYKEGVUTEKE YEKITGINKRVDDELTSNDR PKLTKDLSILKEKFKT QDDFNNSKKKKKAKTDA LKELJTKYREGNKTHATT LLDEVYIKYKGEPNPIDEAF DKYLLKAIEGYSNVATDTG SDASDSPLVMFSRMLFNW YHGNPNFYAGDIVLQDP KYDLGKRFLIEDKQRGDT WEFYIESVEHKFDYKOGY YTIVGVTRGLKDAILEDG KGSPHIREAGLWNQSSDF MGGLMGEOTSKELEKKG VAEKOSSGGKDGGSDSG GAQDGGSLSLKKYNGK LPKHDPSPVQPGNRHYK | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|-------------------------------|--------|------------------------|-----------------|----------------------|--------|------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | Staphylococcus] | | | | | | | | |

Figura 14BBB

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) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Proteínas homólogas/similares | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------|--|-------------|------------------------|------------------|-------------------------------|--|--|----------------------|--|------------|--------------|
| | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 184 | 10171 | 10259 | 1262 | MATDKEAKDVIDKFIIDNV FNFDVLTKEERIKEKEDEIK KITTDDMYEKVVYIRPYV GVIQSLNPQHVQYQYESFSN NGYDIEAELSFRKVSYLV DKGSIPTDSLSTLTVHILVE RNQELLIDYFDEIQDVLV GEYMEEFYVFDEDFVPLST ILALDDNDNLKSLNSNIKY MFKGAPKENPFGTDKD YIDTYNLLYWLYLGEDEE LAYPMNNINYFFTEGRFTI FGKGHKYKVIVDSKFTVGD ILFFGRSDTNIGITYVGDG FISMGMGKPKKDETPIGYK KLDDYWNEFNGRVMRFD EEVYI | 295 | Proteína hipotética KgORF57 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024487.1 | 4e-167 (295/295) | | | | | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 185 | 10259 | 10514 | 1263 | MVVRFQSSMGRSLKRV SDDLNVKGLVATVSKIN YKQSVSEVKVNNLTLGS RIGDDGSSLAVPPYPKSFIGR TPEGSVVFGTKPLITEGSVV LIGFLNDDINSPIHLSSVYGD NEONKMINNTPLDGKFD TESVYKYSSSLYEILPSLN YKYDDGEGTSIRIYNGKS FFSMTSGEEEKPQATDFY | 848 | Glicerofosforil diéster fosfodiesterasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024488.1 | 0,0 (845/848) | | | | | | Como GDPD_SaGip Q. dominio de glicerofosforil diéster fosfodiesterasa | c0860 1 | 1,43e- 60 |

Figura 14CCC

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Post. de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : TGTEYQDLFTSYGGNKT | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|--------------------|------------|---|-------------------------------|--------------------|--------|-------------------------|----------------------|--------|--------|
| | | | | | Tamano (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E. e identidad | Funcióndicha | Nombre | Acc No |
| | | | | IEPRIQKAPNMILFKHQGV FYDDGTPDNHITTLFISER GDIRASVNLNTETQKRRTQ EMSSDGSYRVIKQDDDL MLDEAQWVIEYGISEDNK FYIKNDKHKEFFTDEGIYI DDKPMLENLDESIAEAMK NLNEIOKELEDDINYLLEG VGKDNLLEELIESTKESIEA SKKATSVDVNRLTTQIAEV SGRTEGITTOFQKFDETFF KDFYEDASTVINEVNQNF PTMKTDWKTLTKTKVDNL EKTEIPNWKTRLTELENN NNADKLIISDRGEHIGAMIQ LEENVTVPMRKYMPWPWS KVTYNNNAEFWDNSNNPTR LUVPKGITKVVRAGINV WDSNATGQRMLRILKNG TYSIGLPYTRDVAISTAPQ NGTSGVIPVKLEGDYFEEFE AFQDSEGDRQFRADPYT WFSIEAILETETMKDFFM LIGHRGATGYDEHTIKG YQMALDKGADYIELDLQ LTKDNKLCLCMHDSTIDRT TTGTGKVGDMLTSYQTN FTSLNGEPIPSLDVLNHF GTKVKKYYIETKRPFDANM DKELLTQLKAKGLGIGSE RFQVIIQSFARESLHHNQ FSNIPLAYLTSTFSESEM DCLSYGSYAIAPKYTITIK ELVDAHISKGLKVHAWT VNTKEEMOSLIQMVGDG | | | | | | | |

Figura 14DDD

Tabla II - Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos : FFTNYLDEYKKI | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|--|-------------|------------------------|---------------------------|---|-------------|--------------|
| | | | | | Tamano (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funciòn predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 186 | 10525 | 10604 | 1264 | MPOSDGISNLUHRIALRFPK EGGYDYMRFKVNPNFY TIDSPQRTTAIKTKSDIVIE DYGKDIEVINFITGGFRP VREADGLKTGKQKMEEL OSRVSEYAMOGGSGINV GSYLQFFNFTDDSYYYKVH LAPOQGLKITRSKDEPLLFR YEITLVVICSLTEADRSAV TTEFGGNVKPNAQRVDE GIKEELDKNARKTRDRNNQ EISRRRENTIPKSTGDNTNE GMRLKQSFPSIYNPRQS TNGLKGNIIDNMALIIGY 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 | 10656 | 1265 | MNNFPIPOQQLJREFNAL DDDLTSSHMLNLDEEVSF VSKFYTPQLQSELAKKV LTNIKTDIFPVLEREFNDN THHKANDTLKVQAPRM YMIHQSVLEAYAIVNCV ENPSSLKYLTEEDVSITRE NLNVYADYLGNYDDYNS VVLDLRLDLCFSAIELQL PLIKKEANV | 174 | ORF078 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240925.1 | 3e-95 (174/174) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 188 | 10656 | 10726 | 1266 | MRFKKHVVQHEETMQLAI AQRYYGGDVSYWIDLVEH NKLKPYLYETDEEKMK DPERLASTGDTLIPIESDL TDVSAKEINSRDKDVLVE LALGRDLNITADEKYFNE | 234 | Proteína de placa base de bacterifago 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 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 |
| | | | | HGTSDNIALFSTNGNGDL DTVKGIDNMKQQLQARL LTPRGSLMLHPNYGSDLH NLFGGLNIEPQATLIEMEVL RTLTSNDNRVKSANLIDWK IQGNVYSGQFSVEIKSVEE SINFVLGQDEEGIFALFE | : | | | | | | | |
| 189 | 10728 | 10833 | 1267 | MKTRKLTNILSKLIDKTIM AGTSKITDFTPGASRLLL EAVSLEIEFYILTKENID WGIQEGLIAFDQFKRQSK RAYGDDVITQFYQPLDMR MYPAGTTFTSTROEYPOQ QFETLVDDYYAEPDSTEIV VEVYCKETGVAGNPPEG FNTGTKEESQDFKRRFH SFVESGRATNKSVRYGA LQPDVEGVVVVEETGHHT VFAHDRNGLNSDTLKEDII DALQDYRPSGIMLDVTGV EKEEVNVSATVTISNSKRI GDTLQKHESVIRSYLNNL KTSDLIITDQIAIMND VLIYDVSFNDNLDENIVPP QGIIRAGEIKVELK | 348 | Proteína hipotética KgORF62 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024492.1 | 0.0 (348/348) | | XdtT. homólogo no caracterizado de la proteína gp47 del fago Mu | COG32 | 2.38e-05 |
| 190 | 10835 | 11141 | 1268 | VANFLKNLHPLLRRDRNK KDNOQDPNFAIDLALNEEM NQVEKDIAESKLQSSLKT TSEYLDKFGDWFGVYRK TDENDDVYRARIIKYL KRGTINNAIDAIIKDYLL DDIDVSVYEPFTNIFYTNK SHLNGEDHLMGYYYRFA | 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 Fag0 F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|--------------------|--------|------------------------|----------------------|--------|--------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | VINVSIGDYFPEVIIIDVINE FKPAGTVLTYVTDYDGASTI RGGAIKWLDGLPKIETYQ EFDRTFCYDDTFYGHINM NOSKDTDNSSSDIFKTNHS LINSLDIVLTGSSSVGRQYI NYGYVTSYVYVNPGMTS VNQISASTIEGRGQEYPTD YMMYESTKANNNTVELSM QTTSGSVYLYNNNFNFIRDY MSKYPQVDLQSDEARRI VSDYIKELSIDYYTLSAVPP DESHKLCQVYDFESINRWL TVSINNLSFYEKNGNSNIG YKDYLSELNMIFTREIN AGKRDSVDIKVNVLDM FYYVERGIYTICKPYKALIE NYLDISBETYVEAKFIAKL SNGDITTKTGFOPIGYKL VGNYENTRTPSTINIVAKDT DNNPIESENELDVYVNTVEN RNLLQSYKGANTIAREITS TKEFT/SOW/AKEIYSTNY LSKVLPKGKVYTLSTFDEI TGNDLTLSKSYSDFNHHGYL YSNTKGIVVNGVKSMERT IGNKVSVIQITFTAPITDH RLLIYGRYTSODGKASTPP VFNTVKUTTEKLSEGTSN LEYSPAPEDKPNVIEKGK FNILNLNTNQTLSINSDTILK NVTLYSYGGDNWVELK TLGNISTGETETNNIDL YGLQTVDYSNINPMASKVS LRSIWNVKLGELNNQEGS LSNMINDYFAVWQDID | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | |

Figura 14GGG

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 | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|--------------------|-----------------|--|-----------------|----------|
| | | | | | : | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre |
| 191 | 11152 | 11204 | 2 | KLSDIEIGSMARMVKDTEGVFDFGATGEUKATLENVGSYTDLDMIAYTILNTYEPLTLGSSRLISELKEELLTSESFNVDRNIKVIDSIYEELPNTSIKNGFVEREVTSKYLDYGLYEPIDGTRYKLIVEGEFKDNIEFIFYLYNSNPNFINEFTYPSEHINGVAEKEFIAKPSTEKDPRLNIDVRYIRPYDSTISKVRRVELRKV | 173. | Proteína hipotética KgORF64 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024494.1 | 6e-96 (173/173) | Bacteriófago T4, Gp8 | pfaam09 | 2.26e-03 |
| 192 | 11206 | 11552 | 3 | MAIATYNSHIVELAKYLVSKADSVYLTIGKSTPWSNETNPPQPDENATVLOQEIGYKKATKVTLVRPSKSPEDDNKNLISYGNKSWVEVTPENAKAEGAKWVYLESSIVGDELPLGTYRQVGFVMDLVAKSGISKFNLVPSEVESTGTLFFFDNKQFQRNRSEQTTAKERFIVEV | 1152 | Proteína hipotética KgORF65 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024495.1 | 0.0 (1151/1152) | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14HH

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--------------------|--------|------------------------|----------------------|--------|--------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | SVPKSYDGLGTAENESTIFN KSNNNSISLANSVPKEIRR TGQVILIEKERVTREGAQGD GQDFLSNNNTAEEIVKVWT ETSPGVITKEYKQGEDFR LTDGQTIDWSPQGQEPSG GTSYVVSYKYNKRMMEAG KDYEVTTQGEGLSKKKWYI NFTPSNGAKPIDQTVVVL DITYYLARKDSVFINKYG DIALPGEPNIMRLVTPPL NTDPENLQLGTVTVLPPDS DEAVCISFAITRLSMEDLQ KVKTVDNLEYNQAVNA LDDGAMEGQNPLTLRSVF SEGFISLDKAIDTHPDFGIV FSFEDAETLAYTEAVNQ PKIIPGDTTAHHIWGRLLISAP FTEERIYTQGQASSETLNV NPYNIPNKQCVLKLTPE DNWIDTENVTTIEQKTKK VTMKRFWRHINESYYGET EHYLYSNLQOLDAGQWK GETYAYDREHGRGTLL SGGQRTLEEMIEFIRUDV SFEVKGLNPNDNNLYLLF DGVRCAITPATGYRKGS DGTIMIDAKGTAKGKFTI PAGIRCGNRREVTLKNANS TSATTYTAQGRKKTVDI IIRTRYTVNLVDPLAQSFQ YDENRTISSLGlyFASKG DKQSNVVIQORGMDQG YPNKTIAETVMNADDIK VSNNASAETRVYFDDPM MAEGKEYAIVITENSDY | | | | | | | | |

Figura 14III.

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 : TMWVGTRTKPKIDKPNE VISGNPYLQGVLFSSNAS TWTPHQNSDLKFGIYTSK FNETATIEFEPIKDVSADRI VLMSTYLTPERTIGCTWE MKLILDMMASSTTFDQLK WEPIGNYQDLDVLGLAR QVKLRATFES | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|---------------------|---|-------------|---------------------------|---------------------|---|--------------|---------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E c identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 193 | 11557 | 11572 | 1271 | MPIPREVRDPYSOAKLFIPT VEEKSIKELEKTYKEKIDE ATKLINELKGERGEK | 52 | ORF262 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240931.1 | 3e-20 (52/52) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 194 | 11572 | 11765 | 1272 | MAFNYTPLTETQKLKDM YPKVNDIGNELKTEVNL DVKQISQPDFNNILASIPD SGNYYYVTNSKGAPSGET AGFVRLDKRNVNYYKIV YSPYSSNNKAMYKITYANGT VYDWISFKLDEGNLYNEG NTLNVKELTESTIQYATL VNPPKENLNTGWNVNYKE SKNGVSSLVEFPVNISTST FKAMIRKLPVQEOKPNLK DSLFVYPETSYNSNIKTDN WDTPPFWGSSNSNSGRSGV RFRGENTVQIDDGSNTYP LYVSNRFEKMGKELSVGD TVTVSYYAKINDPALLKD NLVVFELAGYDVTDDTSK NPYTGGGRREITASEITTEW KKYSFTFTIPENTIGASGV KVNYVSSLRLRMNCSSSG NGAVVYYALPKLEKSPK VTPEITHENDVRKYDEIW SNWQEVISKDELKGHSPV | 640 | Proteína hipotética KgORF66 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024496.1 | 0,0 (633/640) | | PHA01818, proteína hipotética | PHA01 818 | 5,89e- 04 |

Figura 14JJJ

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|------------|---|--|---|--------------------------|------------------------|---|----------------------|---------|------------|
| | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | DIEYNDYFKYQWWKSEV NEKSLKDLAMTVPGYH TFYCQGSIAGTPKGRSIRG KLLFTDTEGIPYTLYYGG YNQGWKLKQSETSTLL WEGTLDGFSTEAVNLNDS LDNYDLIEVTWTRSAZH FSTRKLDKNTSNLLYRD FNISNDSTGSSVDFEGYC TFPTRANSVOPGMVKSTL DGSTNTTKVASWNEKERI KVYNIMGINRQ | 123 | Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024497.1 (123/124) | 2e-63 | DUF2977, proteína de función desconocida | pfam11 | 192 | 2.73e-12 |
| 195 | 11767 | 11804 | 1273 | MAVKYDGINNEIVLHLRE GKYITGFTTVGGYDKELG QVKVNREILPAVFFDNFA YERYLYYSKPEEVENKN YVPPQINDDDEESQOITVPK EQYDSLKEELEMMRKOQE AMMENMLQKLLQQKG | Proteína hipotética KgORF67 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024498.1 (448/458) | 0.0 | PHAO1818, proteína hipotética | PHAO1 818 | 0.0e-00 | |
| 196 | 11805 | 11942 | 1274 | MALNFTTITENNVRIDLTT QVNNGIEELTKERNIFDT DDLVYNFNKSQOKLTD KGLTKSYGNITALRDIKEP GYYYIGARTLTLTLLDRP MESLDVVLHVVPVLDTSSK VVQHLYTLSTNNNQIKM YRFVSGNSSEWQFIQGLP SNKNAVISGTNLUDIASPG VYFVMGMGTTGMPGSGVSS GFLDLSVDANDNRRLRALT DAFTGKEYTSIKPTGTY TSWKKEFEPKDMEKYLLS SIRDGSASFPLLVYTSND | Proteína hipotética KgORF68 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024498.1 (448/458) | 0.0 | | | | |

Figura 14KKK

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F12S/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 de E |
| | | | | KTFQOAIIDHIDRTGOTTF TFYVQGGVGSGSPMSNSCR GLFMSDTPNTSLLHGIVN AIGTDGRNVTVGSVVGGN WTSPKTSPSHKEWTGAQ SELSVGTTKKNLADDISNYS YVEVYTKHKTVKEVKTKGN DDSGTICHKFKYLDGSGTY VCSGTIVSGDRDTDKPPV TEFYRVGVSFKGSTWTLV DAVQNSKTOQYVTRIGIN MP | 582 | Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024499.1 | 0,0 (580/582) | Helicasa | HELIcC, dominio C terminal C de la superfamilia de helicasa | cd00007 9 | 1,74e- 13 |
| 197 | 11951 7 | 12126 5 | 1275 | MRLRIKKNLYTYVEFEEDD KYLKDIFLKRVHTTIGAR QEGFOYSPAYKRGSWDG YVDFYYVEEDKFPTGLLF KIELLGGELOSRYNFQFET IDERDESEFLSEEDDIDEITL LDNNNVQITLRDYQYEAV YNSLTFYNGIAHLATNGG KTEVASGHIDOLLPOLEKG ERVAFFTGSTEIFHOSADR LQERLNIPIGKVAGKFD VKQVTVVVMIPTLNANIK DPTQGVKVTPKONISKKI AQEILPKFEGGTQNQKLL KVLLDNNTTPKTKEVNVL SALEIYIYONSKTDAEVLLN LRNHNAHFQKIVREKNEK KYDKYQDMRDFFLDSVTV MIVDEAHHSKSDSWYNN LMTCEKALYRIALTGSID KQDELLWMRQLQALFGNV IARTTNKFLIDEGHSARPTI NIPIIANPNDIDRIDDYREA | | | | | | | | |

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|--|--------------------------|------------------------|--|---|---------------|---------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | YDRGITNNDFRNKLAJKL TEKWYNQDKGTIIUVNIE HGDTISEMLNDLDVEHYF LHGEIDSETRKEKLNDMR SGKLKVMIATSLIDEGVDI SGINALILQAGGKSLRQL QIGRALRKKKDDNTQI FDFNDMTNRFLYTHANER RKIYEEEDFEIKDLGK | | | | | | | | |
| 198 | 12127 | 12289 | 1276 | MATKTKRQLYQYLEENA TENKFHISTKELADSLG VSISALSNNLKKLEEEFK VVTVSKRGKNGGVIIITLV REYDTEELKEFNNSTDNII TSDLQYAKALREKHPSY RYERKEQRRTKIEMAQY NAIKDEKRRIIADMNFYE GLPYSKDFNMWSYDPFGF YKAYILCKLYDQYAISHM DAKHTSHLKAMSKATTK DEYDYHQHMSEYYRNK MIONLPRNSVSDFNFFGSK MFNTFYNFYLKIKDKNNIN VFKYMQNVFKNVTFYYE NGMOPNPSPNPFSSDKY FKNNNNYIKGIKKGAVNST NRHLGDTDSIINSSDYVK NPAVLHLHQLYTITGLNST LHDIDTMFEQALDLENAS YGLFGDMKHHILLQYNM IEEEIKNLPREEKDINKYV KOCIIINDYSPTSISPSARLS MFTMOKEHIVYNKQLNK GIKRREDLPLSLGGIVNKD SLSGMDIQNLQEONGNEYL | 357 | Proteína Rep putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024500.1 (536/537) | 0,0 (536/537) | Proteína reguladora de transcripción | HTH 2, dominio hélice-giro- hélice | pfam12 840 | 2.66e- 0.3 |

Figura 14MM

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/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 | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 199 | 12288 | 12432 | 1277 | MSSKIKELILHKSMKDIHF AREVKIDLNLPKPNLPSAEESE DMGYLFLTAIKRTAHISDK MSNEALAIKVEQLMGINN KEDEEKVTKTLTYLEDLY KVDVNEKDESVNYEIEKY IKTEMSKEVLVKFIAENK QEDSDNLHELVVDKLKQIE VSDISGGNGEFIDFFEDTE KKQELLSNLATNKFSTGF TSIDNHIEGGIARGEVGLII APTGRGKSLIMASNLAKN YVKSGLSSLVLYIALEFKMD RMVLRAEQQMAGAEKSQ IVNQDMSLNNKVKYDAIQN HYQKNRKLIGDFYISKH MPGEVTPNQLEQIVNTTI KKDKNIDVVIDYPHLMR NPYAKYHSSESDAAGKLFE DIRRLSQOQYGFVCWTLAQ TNRGAYGSVDITSEHVEG SRKIVNAVEVSLAVNQKD EEFKSGFLRLYLDKIRNSS NTGERFVNWKVEPTKMIN RDETPEEKQEHIQLLSDN GKEDTSKFQNNDNKIEAI NNTFGGGLPGV | 480 | Helicasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024501.1 (480/480) | 0,0 (480/480) | Helicasa | Helicasa 41 | PHIA02 542 | 1,01e-9 |
| 200 | 12440 | 12542 | 1278 | MKFVVFDTSHFHFLFTINYA KPDNEFVNDRFKEQIEAL OKVFDIAKKEEATVIFGG | 341 | Exonucleasa putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024502.1 (480/480) | 2e-172 | Exonucleasa | MPP_Mrel1 N'_-Mrel 1 | cd0084 | 1,01e- |

Figura 14NNN

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|--|---|-------------|---|--------------|------------------------|---|-------------------------------|-----------|------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 4 | 9 | : | DLFHKRNSVDTRYNKVFSTFAKNDDEVPVILLRGNHDATTNSLYTDSSIDTEYLPNVSVIKSLNTILKDNNVNIVFTAYGDETEKEIKTYINSNYDKDMVNVLVGHILGVEGSLTGKGSHRLEGAFGYQDLLPDKYDIFILLGHYHRRQYFQNPNHFYGGSLMQQSFSDEQEANGVHLIDTEKMTTEFPIPHTRREITIQEDIPENFQQLIEEGNFIRVIGTA NHAKVLEMDDSMKDNVEQIKKEYTVEKRISDVSDDPLTIASTYAKQYSPESEQEILECLKEVL | 1295 | (295/345) | | | | nucleasa, dominio N terminal de metalofostatasa | 0 | 20 | |
| 201 | 12542 | 12580 | 1279 | MKKYREYLNKTDAAENLAEDWEKVTEDLWVKFDMKPKINTLDISNVESKNLDKSKPILQFQDSDCVIEINI CNVEGLEDGGLSKMKKKVFDSSNFEKHYYSRVRVDHDEYYWIDYGSHHCFRVTKGDK | 125 | Proteína hipotética KgORF73 [Fago K de Staphylococcus] | YP_0245031.1 | 7e-65 (121/125) | | PHAA0275, proteína hipotética | PHAA02275 | 1,65e-21 |
| 202 | 12580 | 12772 | 1280 | MVVFKQVEVNINFLAIKEATILEDNRQULIJEGENKSNEFHNSNGSGKSTLISAITYALYGKTEKGLKADDVN NIEKKNTSVKLKFIDIGEDSYLIERYRKDKENKNKWL FVNEKEITGSTNDVTDQI QDLFGIEFNNTYVNAIMYG QGDIPMFSQATDKGKKEI LESITKIDVYKQAOQDAK | 639 | Exonuclease putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024504.1 | 0,0 (638/639) | Exonuclease | 46, subunidad de endonuclease | PHAA02562 | 1,71e-21 |

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 : | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|------------------------------------|-------------------------|---|--------|--------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E. e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No |
| | | | | EKVKVEEEQONNIHQEQY KLGYQLSTKDEYFQREIE QYNQYKEQLVQIENSNKE KDRLREQQEKKQIAQIEQL ASQIPTEDEFKHKSEEEYN KASQSLDLLSNKLTELNO VYSEYNTKEQVLKSEIAT LNSNLNKLDTNHDHCPVCG SPIDNSHKLKEQENINNOI ENKKQOEITSVLEMKDTYK EAIDKVVKDKSQEIKDKMS QEDOQEREHHNNKINSIIQE ASRIKSDISSLENNKTYLK VKYQHQSVPQGLEREPK EKHEEDDKKELQESIDKHE ENIVQLETKKGKYQQAV DAFSNKGIRSVVLDFTPF LNEKANEYLQTLGSGDIEI EFQTQVKNAKGELKDKF DVIVVKNSKGGSYKSNSA GEQKRIDLAIASFIAQDLIM SKDEISTNIALYDECFDGL DTIGCENVVKKLKDRLNT VGTIFVITHNTTELKPLFEQ TIKVKENGVSKLEEK | 198 | Proteína hipotética Kg_ORF75 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024505.1 2e-111 (197/198) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 203 | 12772 | 12832 | 1281 | MKLKILDKNATLNVFHR NKEHKTTDNVPTANLVD WYPLSNAYEYKLSRNGE YLELKRLRSTLPSSYGLD DNNNQDIRDNNHRCKIGY WYNPAVRKDNLKIEKAK QYGLPVITEEYDANTVEQ GFRDIGVIFQSLKTIVVTR YLEGKTEEELRIFNMKSEE SQLNEALKESDFISVDLTY | 198 | Proteína hipotética Kg_ORF75 [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> | 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 |
| 204 | 12833 | 12940 | 1282 | MRFEDFLTQELGEPEKENTI GELRYCCPFCGEKSYKFY VKQALDSSNGQYHCKKC DESGNPITFMKTYYYNITG KOAFDLLESKNIDIERAPL LTNNNKDLTESEKLILML RGVHQDKGTTSIKPPRLPE GYKLKDNLNNKHEIPFLK YLKGRRGITLEQINNNNGY VINGSFYKVVDGESKVSLR NSIUFFTYDNDGNYQYWNN TRSIEKNPYIKSINAPAKQ DEVGRKDVFIFNLNIAKK KFLVITEGVFDALTIFHEY GVATLGKQVTENQIKKIID YVSIDTSIYIMLDTDALDN NIDLAYKLKTHFNKVVYFV PHGDEDANDMGTTRKAFF LLKQNRLVLPTEPSIQSYKI QQLKL | 355 | Primate putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024506.1 (354/355) | 0,0 (354/355) | ADN primasa | dnaG, ADN primasa, núcleo catalítico | TIGR01 391 | 1,95e- 16 |
| 205 | 12946 | 12980 | 1283 | MSNNKKDILEFVDEYITA LRVGNEQRQHOLEEMGK EETATLTDVAKAITNML GVNEQMTDLEYNNELNL NILIDALYKAELINEDVLD YIQESIDKSQEEPKNEEK GEQE | 112 | ORF127 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240943.1 (112/112) | 7e-56 | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 206 | 12980 | 13025 | 1284 | MEKNISTHTKGISQADME KWIEAVVQGTVDGKQVD EKTAKQLDRIGRSVSLEE ATRIAKVLNAVTAQEVTG | 150 | ORF098 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240944.1 (149/150) | 2e-78 | PHA02277, proteína hipotética | PHA02 277 | 9,45e- 43 | |

Figura 14QQQ

Tabla 11 – Características de los productos del gen fago F12S:10 y asignación de funciones putativas.

| <i>orf</i> | 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 | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| | | | DFNDAFNIAIDLMMIIMED ELGVTOEKVGKAKDKLN EKREAYLKEKQEEELRQKQ QEEAQKETTESDSNEKVHQ LKKNDEQ | : | : | | | | | | | | |
| 207 | 13084 | 13085 | 1285 | MTNSSKKKGDTFERKLAK LTAWWGYQFNRSPOSGG ASWGKDNNNAVGDIVPQO EANFPLVECKHREEWTI DNVLLNNREPHTWWEQV INDSSKVNKTIPCLIFTRNR AQSYYVALPYNEKVVYEDL RNNEYPMRITDFIDNIRK DKFFYDVLITTMINGLTSF TPSYVISCVDKDKIPYKK VESNLSEVSKHDELNDL LSDI | 202 | ORF064 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240945.1 | 2e-115 (201/702) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | | |
| 208 | 13084 | 13126 | 1286 | VIIYKEKGKISMSTSKERPLIV YFSGTGQTTERLVNKINNN SFETFRVKSGKEKVNPKF LITPTYKKGAIPKQIERFLE INGSPKEVIGTGKNCQWGS NFCGASKKISEMFKIPHLIA KVEQSGHFNEIQPILEHFS NKYKVA | 139 | Proteína NrdI putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024509.1 | 1e-68 (130/130) | Proteína de ribonucleótido reductasa | Flavodoxina_ NrdI | pflam07 972 | 1,62e- 29 | |
| 209 | 13127 | 13339 | 1287 | MATYGKWIENNEITQLD DNGKNKLYKDQEALDEY LKTYIEDNTRKFENSEVERIR VLTKEGTYDKIFDKVPDTI IDEMITKLAYSFNFKPFPSF MAGQKFVSYASKQYDE NKKPPIFVEDYEQHNVRVA | 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 14RR

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S10 y asignación de funciones putativas.

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Tamaño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------|---|--------------------------|------------------------|---|-----------------------------|--------------|--------------|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E. |
| 210 | 13340 | 13445 | 1288 | LYLFONDYVKARELLVQL MEQTFQPSTPTYNNSGQA NRGELSSCYLFVVDDSISS LNFVEDSVANASSNGGGV AIDLTRIPKGAPVRNRPN SSKGVIYAFAKAIEHKVSIY DQGGVYRQSGAVYLNIHF NDILDLLSSKKKINASESVR LDKLSIGVTIPNKFMLVK EGRPFYTFTDITYDINKVYG KYLDELNIDEWYDKLLD NDSIGKVKHDAREVMTDI AKTOLESGPYVVFYIDNA DNHPLKLNGKVKMSNL CTEISQLOEVSEIYPYSYS NKNVINRDVVCTLGSNL VNVEKGLLNESVDIGTR ALTKVTDIMDLPLPSVQ KANDDIRAGLGSMLHG KETGKPFKGEFKSDYATG LLAKNMISYGSREALDLV NSLYSAINFQSIKTSMLMA KETGKPFKGEFKSDYATG EYFVRYIRESNQPKTDKA KKVLDKVYPTQDDWDE LAKAVKVHGLYNGYRKA EAPTQSIYVONATSSIMP VPSAIENRQYGDMETYYP MPYLSPITOFFYEGETAYK IDNKRIINTSAVVQKHTDQ AVSTILYVESEIPTNKLVS LYYYAWEQGLKSLYYTR SRKLSVIECETCSV | 349 | Subunidad menor de ribonucleotido reductasa | YP_024511.1 (348/349) | 0,0 | Subunidad menor de ribonucleotido reductasa | NrdF, subunidad menor de | PRK09 614 | 4,21e- 80 |
| | 6 | 5 | | MDTITQKVQOHNKNAVLK ATNWNIEDDGMSDIYWE QGISQFWTPEEFDVSRDL | | | | | | | | |

Figura 14SSS

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 | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|-------------|------------------------|--------------------------------------|---|--------------|--------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | SWNSLTESEKNTYKKVLA GLTGLDTIKQGGEGGMNLV SYHEPRPKYQAVFAFMG GMEEHIAKSYSUHFTILLS NKETSYLLDTWVEENDFL KVKAQFIGYYYDOLLKPN PTVFDRYMAKVASAFLS ALFYSGFYYPLLLAAGRQ MTOSGAIYKITQDEAYH GSAVGTLAQYDYNLLTEE EKKOQADKETYELLDLILYT NEVATHISLYDPLELSED VINYVQYNFNRLQNLGR EDYFNPPEPYNPVNENQTN VDRLRNVDEFGSKADYE KSTNIKDIKDEDFSFLDSK EYSTAKEFL | [Fago K de Staphylococcus] | | | | ribonucleótido reductasa | | | |
| 211 | 13447 | 13480 | 1289 | MDRKEAMDLLSKAEILFK KHDEFSCVSIDINPMKLF SNSDAKADDTSKSFSQLE FMHDIMTMYTLSYSGSQL KLIDLAEGYEAQAKATVVN SFPEIIKTLEKDDSEDGNE | 109 | Proteína hipotética KgORI82 [Fago K de Staphylococcus] | YP_024512.1 | Ic-55 (107/109) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 212 | 13478 | 13510 | 1290 | MEKMSLVIDLNTAIRQK KDViVMITQDNCGKCEIL KSViPMFQESGDIKKPILT LNLDADYDVREKAVKLFD DIMSTPVIGYKDGQLVK KYEDQVTPMQLOQLESL | 106 | Proteína similar a tioredoxina [Fago K de Staphylococcus] | YP_024513.1 | Ic-53 (106/106) | Proteína similar a tioredoxina | PHAO2278, proteína similar a tioredoxina | PHAO2 278 | 2,95e- 30 |
| 213 | 13551 | 13590 | 1291 | MDELISKSRRYIMRDENH YMLFNEKYNNDRRIEKC | 198 | Proteína hipotética KgORI84 | YP_024514.1 | 7c-109 | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |

Figura 14TTT

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|------------|---|-------------------------------|--|-------------|------------------------|--|--|----------------|-----------------|
| | | | | | : : | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E de E |
| | 3 | 9 | | KHGGKVTTYYTDSVLPPYY VLIKDLSSHPDSEVVYRMR NGFTAKEVDNIALSFMGT KVINDISVVFPPVNPYDIR SLHDIKTNVDEVHLSFPR LEVDEKEQEKFYFFDGEAY DLKPEYKVDFADKIRVSL SVWKMYIYLTSRSDFED VDNVITKLKQQRKIKI | [Fago K de Staphylococcus] | | | (196/198) | | | | |
| 214 | 13591 | 13622 | 1292 | MSTANRDIARKISENTG YYIQDVEEILSAETDAISD LLEEGYTKVKNHKFMQIE VIERKGKKAWDGLNLKEY FHLPNRKAIKFPLKELEE VIDRLNEEEFK | 101 | Factor del huesped de integración putativo [Fago K de Staphylococcus] | YP_024515.1 | 2e-51 (10/101) | Proteína de unión/ plegamiento de ADN | Bac. unión de ADN | pflam00 216 | 4,57e- 12 |
| 215 | 13630 | 13951 | 1293 | MKVVLIFDHIREEHFSVSK DGSVKSNSVNLNTPNGKTLK KLLKECSNLKRDKTNRDY DIDFLYNNAVPTPIRNDYG KIKYQDVVKQAEVKPYYE RMNNIIIIDNSYTDMLIPVGK LGVKYLLNVTAGKVRGV PSKVTIENGTSSSHDWVWL PTYSEYTNVNKNNSERHV VSDLQTVGKFVEQGEEAF PKKEVSYELVDNIERVREI FNKEVKNDNYDGVDTA WDLETNSLKPDKEGSKPL VLSLSWRNGQQVTIPLYK SDFNWENQDDIDEVELL LKNWLASKEDEIKVAHNG KYDIFKFLMSTEINFKDYESI QDTKVGWYLAUTQEVEK SLRSLSLAYEVTDVGGYD | 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 |

Tabla II – Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

| orf | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/Similares | | | | Dominios conservados | | | |
|-----|--------------------|-----------------------|--|--------------------------|-------------------------------|--------------------|--------|------------------------|----------------------|--------|--------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funcióndicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | : | KPLÉDFKLWVFVTKLRLFF SDKIKEIÖKENKKIAKKEY DVKAPEYKEWLLENKLN TVVLEDDTEKKFRVSELE KKYIQLGLSPEIVNMNLV MNNDEFISIAEQSPEYMG LSDYAKSYTLNTAATLINE YRDVKDVVNNDIDOGNFN YDWFFPIELMHPYASGDTD VCRRIHCDVVKKLKEQDR PKSMHILLEVNYPRLTKSL ARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMAMKNHATMRE HWAVEKEFEETYOYNLYQM ALEEHHEKKPKDRDKDIHQ YRDKFDGKWMFSPSSG DHKGGRVYDILGIOLPYDK EVVKKEKPFNANVKEADLT WODYKTDKKAIGYALDN LELKDDVRELLLELYHA SMQTKRNSFTKKLPNMIN KOKRTLHGFSFSETGTETS RLSSSNPNLONLPAHTSD VNKFDFYKHPIKRSFVSRFIE NGVLLGADYSALEMRIG LFTKDPPDMLQSFLNGEDI HKATASIVYNNKPVEEVTK EERQATAKAVNFGLAGFES PFSFAGRNMEVSEAEEIF EKYFQTKPSVKTSDN VH EFVQQGYVDIMHGRR FIRSAQSTDKKIKNEGILRQ SFNTIIOGSGSFELTNMSLT YLDDFIOSRNLLKSKVIA TV HDSILIDCPPEEAKIMAKV TIHIMENLPDFDLKAEIDG | | | | | | | | | |

Figura 14vvv

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos ; : ; | Tama- ño (aa) | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|---------------------|---|-------------|------------------------|---|----------------------|--------|---------------|--|
| | | | | | | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funciòn predicha | Nombre | Acc No | Valor de E | |
| 216 | 13958 | 13983 | 1294 | KEVQYPIEADMEIGLNYN DMVEYDEEEIDT | 80 | ORF181 [Fago G1 de Staphylococcus] | YP_240959.1 | 2e-36 (7780) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | | |
| 217 | 13984 | 14032 | 1295 | MEIHDSLDFTNFTIKDRN GNSQEFDITDELIRITEYTIQ EDFMQQSAKAYAFWASILE KVRAYSEMEQRNLLETIGS KLNLTIROEYEQQGKPT KDMIESSVYIHDSYQQQL KVVEAWNYKVKQOLQYV VKAFTERRRDMMIQLGAEI RQTNKNGGITNPFSH | 160 | Proteína hipotética KgORF91 [Fago K d; Staphylococcus] | YP_024519.1 | 6e-90 (160/160) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | | |
| 218 | 14041 | 14168 | 1296 | MDENOFINNEASKLESNN SSFNNNVESYKPKNPVLR LGNIKDANGNKVVKENA FVRVLPPAQGTNVFFKEF RTTGINYSSKKDOSQGFTG LTLPAAEGSSVLDPYIQD WITNGVQFSRFPNPKPGVR YYIHVIEYFNNNGQIOPKT DAQGNVMIQPMEISNTG YKELLANLKDTMLKPSPN APHSFISANEAFLVNIVKA KKCQEMSWKVSVPNAPL GALPQGWEEQQLSDLDQL AKPTEEQNPNPVNFLINN VNNTELSHDNFFKFNRRET VLGEEPSEPKQAPTQODV | 423 | Proteína hipotética KgORF92 [Fago K d; Staphylococcus] | YP_024520.1 | 0,0 (421/423) | No se han detectado dominios putativos conservados | | | | |

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detección | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|--|--------------------------|------------------------|-------------------------------------|--------|-------------|--------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Función predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| | | | | DSOMPSPNMGGOPOQO GQVGQYAAQQGSNGQGQ QLOQTOOPTINNTQFGQGT PSGOQPSNTGSVDWDLN AQQQSQDSDNPENDEVIS SVDDSCVVPFETOPONTQO APEPHQTTQEPPKQKQTQ SIDDVLLGGGLDLDNL | | | | | | | | |
| 219 | 14174 | 14301 | 1297 | MARAKKGKEVDTLTLNT IDLGKELGLTLLSDSNRA DIKNVPTIMVPOYDRILGG GIPLGRLTTEVYGLTGSGKS SEAVHLSRISTOLGVITWI DIEGTADNRMEQLGVD VSKLFSIQAGEGRLKNTV ELSVETVGKELDYWIDTF NEKAPGVPLFIWDSLGA RTQAEIIFGVYDHRKLGTK ATATOKVINAVSPKLNDT NTGLIVINQARDNLIMSN PYDDPIKSTGGRAFEHGA SLRLKITKGKESDLKQSDS MTGKPITYKGHVMRVETK KSKLSPRGQKAEDLILSG YEVGSCSDITQLNGIDPYH TYIKEAVERGLITIKGTWR NYITLNGEEIKLYDKDWV PRLIIDHELYLELFSRVYGG EHPNGYSPLLNTKVWVTO LEEVQALENYYYEWAKD NKQEQEQQEESKGESQEKD SE | 421 | Proteína de reparación de ADN putativa [Fago K de Staphylococcus] | YP_024521.1 (351/421) | 0,0 | Proteína de reparación de ADN | RecA | c00098 3 | 6.13e- 22 |

Figura 14XXX

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

| <i>orf</i> | Posición de inicio | Posición de detención | SEQ ID NO. | Secuencia de aminoácidos | Proteínas homólogas/similares | | | | Dominios conservados | | | |
|------------|--------------------|-----------------------|------------|--|-------------------------------|---|--------------------|------------------------|-------------------------|--|----------------|------------|
| | | | | | Tamaño (aa) | Nombre [organismo] | Acc No | Valor de E e identidad | Funció predicha | Nombre | Acc No | Valor de E |
| 220 | 14301 | 14337 | 1298 | MYNLUDKNMQRQVKESELGNANSSDVPLPYKDIAKKFEVKEKGESIIEGGFPYTDSTVMYIEHVTDRWAGGYSLRHEGEEVVKVPKTIFGSDIVVKDSHKVRHIFGANPYEEG | 117 | ORF121 [Fago G1 de Staphylococcus] | VP_240963.1 | 2e-59 (114/16) | | No se han detectado dominios putativos conservados | | |
| 221 | 14335 | 14402 | 1299 | MKKAKNGNRYVVIDIDGIPDFERDLSLLNRKNLWSLYHKYAGILSNDFEROELREYIDEQFIKLVKEYNIRSKVDFPGYIKAKLTTRVQNSYVKKNEKYKRTEIGKKDYTVESLTDLNEDFEDNOQIMSYVFDDIEFTEVQSELKELLINPEREDDAFIVSQVAEKFDMDKARKEVASELTELDYVRFKINAYHEYYAKKELNNHRVNNTENHIWEN | 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 | 14499 | 1300 | VRIEKKHKKNNKVINEMSITANNLYNHANFLRNQFFNNKTKNGYRKFLNYNTHIRLNMNFEENYIKLPROTSQQVLRDLINNWSSFRKSEKDYFKKNPNKYYRNPKPCKYKAKGGKGTIKFTNOQCRIHKGDLGIHLPLQLDITKPYKAKNIRELCVCPKSDYFEVLVCYKEESENSNKTLDNENIASIDLGLDNLITMVSIVDKPIIINGKGLKSKNKYFNKKIRYYQSLLQNNSYSSKRILKYWEKRHNILDYF | 293 | Elemento IS Dka2 orfB [Archaeal Virus 2 hipermófilico] | YP_003773391. 1 | 5e-18 (109/405) | Transposasa probable | orfB_IS605, transposasa probable | pflam01 385 | 2.87e-36 |

Tabla II - Características de los productos del gen fago F12S/10 y asignación de funciones putativas.

Figura 14ZZZ