

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 963 904**

51 Int. Cl.:

A61K 35/76 (2015.01)

C12N 9/14 (2006.01)

G01N 33/569 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **05.02.2010** **E 19201853 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **20.09.2023** **EP 3650034**

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

30 Prioridad:

06.02.2009 US 150585 P

18.06.2009 US 218345 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
03.04.2024

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
LLORENTE GRANCHO LOURENÇO, SARA
FERREIRA**

74 Agente/Representante:

FERNÁNDEZ POU, Felipe

Observaciones:

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

ES 2 963 904 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

1. APLICACIONES RELACIONADAS

Esta Solicitud Internacional reclama prioridad respecto a la Solicitud Provisional de EE.UU. Ser. Nº 61/150,585, presentada el 6 de febrero de 2009, titulada "Fago Antibacteriano y sus Usos" y respecto a la Solicitud Provisional de EE.UU. Ser. Nº 61/218,345, presentada el 18 de junio de 2009, titulada "Fago Antibacteriano, Péptidos de Fago y sus Métodos de Uso".

2. CAMPO DE LA INVENCIÓN

La presente invención se dirige al campo de la terapia con fagos para el tratamiento y control de infecciones bacterianas. En particular, la presente invención se refiere al nuevo bacteriófago F1245/05 y a sus polipéptidos aislados, composiciones que comprenden uno o más de los nuevos bacteriófagos y/o polipéptidos aislados, y métodos para el tratamiento y prevención de infecciones bacterianas causadas por *Acinetobacter baumannii*, ya sea de forma aislada o en combinación con otras terapias antibacterianas, *e.g.*, antibióticos u otras terapias con fagos.

3. ANTECEDENTES

Los bacteriófagos (fagos) son virus que infectan y lisan específicamente a las bacterias. La terapia con fagos, un método de uso de virus fagos enteros para el tratamiento de enfermedades infecciosas bacterianas, fue introducida en la década de 1920 por Félix d'Herelle. Inicialmente, se investigó intensamente la terapia con fagos y se llevaron a cabo numerosos estudios para evaluar el potencial de la terapia con fagos para el tratamiento de infecciones bacterianas en humanos y animales. Los primeros éxitos impulsaron el desarrollo de múltiples preparaciones comerciales de fagos. Por ejemplo, en 1940, la compañía Eli Lilly produjo 7 productos de fagos para uso humano, incluidas preparaciones de fagos para tratar diferentes enfermedades causadas por *Staphylococcus sp.*, *E. coli* y otras bacterias patógenas. Estas preparaciones se utilizaron para tratar infecciones que causan abscesos, heridas purulentas, vaginitis, infecciones agudas crónicas del tracto respiratorio superior e infecciones mastoides.

Sin embargo, con el desarrollo de los antibióticos en la década de 1940, el interés en terapias basadas en fagos disminuyó en el mundo occidental. Uno de los factores más importantes que contribuyó a este declive fue la falta de protocolos de prueba estandarizados y métodos de producción. La falta de desarrollo de estándares industriales para las pruebas de terapias con fagos interfirió con la documentación de los resultados del estudio, lo que llevó a una percepción de falta de eficacia, así como problemas de credibilidad en cuanto al valor de la terapia con fagos. Además, problemas relacionados con la producción de muestras/especímenes de fagos complicaron el estudio y la investigación iniciales. Se utilizaron diversos estabilizadores y conservantes en intentos de aumentar la viabilidad de los terapéuticos con fagos. Sin embargo, debido a que se entendía mal tanto la biología de los fagos como la de los diversos estabilizadores, muchos de los ingredientes añadidos en un intento de prolongar la viabilidad de las preparaciones de fagos resultaron ser tóxicos para los humanos o tener un impacto negativo en el almacenamiento a largo plazo. Otro problema relacionado con la producción de fagos era el grado de pureza de las preparaciones comerciales de estos virus. En aquel momento, las preparaciones de terapia con fagos generalmente consistían en lisados crudos de bacterias huésped que habían sido tratadas con el fago de interés. Por lo tanto, muchas preparaciones contenían componentes bacterianos no deseados, *e.g.*, endotoxinas. En consecuencia, se asociaron eventos adversos a las preparaciones, particularmente en pacientes que las recibían por vía intravenosa. Sin embargo, en Europa del Este y la antigua Unión Soviética, donde el acceso a los antibióticos era limitado, el desarrollo y uso de la terapia con fagos continuó conjuntamente con, o en lugar de, los antibióticos.

Con el surgimiento de cepas bacterianas resistentes a los antibióticos, sin embargo, el interés en terapias basadas en fagos ha resurgido en el mundo occidental. Aunque se puedan desarrollar nuevas clases de antibióticos, la perspectiva de que las bacterias eventualmente desarrollen resistencia a los nuevos medicamentos ha intensificado la búsqueda de medios no quimioterapéuticos para controlar, prevenir y tratar las infecciones bacterianas. Hay tres estrategias principales basadas en fagos para usar la terapia con fagos en un entorno clínico: 1) la administración de fagos virulentos; 2) el uso de endolisinas o lisinas purificadas codificadas por bacteriófagos; 3) el uso de proteínas estructurales de los fagos identificados como inhibidores metabólicos de enzimas clave para la síntesis de peptidoglicano bacteriano.

El documento de Marta Wróblewska et al. (Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis, Birkhaeuser-Verlag, Basilea, CH, abril de 2006) revela terapias novedosas como bacteriófagos para cepas resistentes a

múltiples medicamentos de *A. baumannii*.

Por lo tanto, existe una necesidad de desarrollar bacteriófagos y productos de fagos novedosos como agentes terapéuticos y profilácticos potenciales para usar *in vivo* para eliminar bacterias patógenas. En particular, existe una necesidad de bacteriófagos capaces de lisar bacterias nosocomiales, incluyendo *Acinetobacter baumannii*, *Enterococcus faecalis*, *E. faecium*, *Pseudomonas aeruginosa* y/o *Staphylococcus aureus*. Debido a que la mayoría de los fagos y péptidos de fagos estudiados hasta la fecha exhiben una actividad a menudo restringida a las especies relacionadas, o subespecies, de bacterias de las que se aíslan, las terapias basadas en fagos novedosos pueden encontrar un uso particular en el entorno hospitalario, atacando selectivamente a patógenos nosocomiales sin afectar la flora circundante normal.

4. SUMARIO DE LA INVENCIÓN

Cuando se utiliza la frase "descrito aquí" a continuación, no indica la invención o sus formas de realización. La invención se presenta en las reivindicaciones adjuntas. La presente invención se dirige al bacteriófago aislado F1245/05 y a polipéptidos antibacterianos aislados del origen del bacteriófago F1245/05 para el tratamiento, prevención o gestión de condiciones asociadas con la infección por *Acinetobacter baumannii*. En particular, el bacteriófago aislado o polipéptidos de la invención pueden ser utilizados en composiciones farmacéuticas para el tratamiento, profilaxis o gestión de la infección por *Acinetobacter baumannii*. Se describe aquí (sin ser parte de la invención) que las composiciones farmacéuticas de la invención son útiles en el tratamiento de condiciones asociadas con la infección por cepas bacterianas resistentes a antibióticos, *e.g.*, cepas resistentes a meticilina de *Staphylococcus aureus* (MRSA). En formas de realización particulares, los bacteriófagos aislados o 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 realización, los bacteriófagos aislados o polipéptidos de la invención se utilizan para el diagnóstico del agente infeccioso en una muestra (*e.g.*, tejido, sangre, orina, muestra de esputo) derivada de un paciente. En otras formas de realización, los bacteriófagos aislados o polipéptidos de la invención se utilizan como un desinfectante profiláctico o antiinfeccioso para la preparación de superficies sólidas, incluida la piel u otras superficies epidérmicas.

En ciertas formas de realización, la invención proporciona un bacteriófago aislado, F1245/05, que tiene un genoma que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:760 y muestra actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*.

Se describe aquí (sin ser parte de la invención) polipéptidos aislados del bacteriófago F1245/05, F168/08, F170/08, F770/05, F197/08, F86/06, F87s/06 y/o F91a/06, los cuales polipéptidos muestran actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias Gram-positivas o Gram-negativas, *e.g.*, *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. Los polipéptidos aislados o derivados de F168/08 o F170/08 muestran actividad antibacteriana o antimicrobiana, *e.g.*, actividad lítica, contra al menos *E. faecalis* y/o *E. faecium*; aquellos aislados o derivados de F770/05 contra al menos *P. aeruginosa*; aquellos aislados o derivados de F197/08, F86/06, F87s/06 o F91a/06 contra al menos *S. aureus*; y aquellos aislados o derivados de F1245/05 contra al menos *A. baumannii*.

Se describe aquí sin ser parte de la invención, un polipéptido que comprende o consiste en una endolisina aislada o un su fragmento (*e.g.*, un dominio CHAP) que muestra actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias, *e.g.*, bacterias Gram-positivas y/o bacterias Gram-negativas como *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. El polipéptido de la presente solicitud de patente 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:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712.

Se describe aquí sin ser parte de la invención, un polipéptido que comprende un fragmento, variante o derivado de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712, donde dicho fragmento, variante o derivado tiene actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, *e.g.*, actividad lítica mortal, contra una o más cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. En ejemplos específicos de acuerdo con esta forma de realización, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202 y/o SEQ ID NO:203 muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana (*e.g.*, actividad lítica mortal) contra una o más cepas de *E. faecalis* y/o *E. faecium*. En otros ejemplos, la variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 y/o SEQ ID NO:712 muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana (*e.g.*, actividad lítica mortal) contra una o más cepas de *S. aureus*.

Se describe aquí sin ser parte de la invención, el polipéptido aislado que comprende o consiste en el dominio CHAP

de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712. El polipéptido aislado comprende o consiste en el dominio CHAP de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712, e.g., teniendo la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758 o SEQ ID NO:759, respectivamente. Se describe aquí sin ser parte de la invención, un polipéptido de la invención comprende un fragmento, variante o derivado de SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758 o SEQ ID NO:759, donde dicho fragmento, variante o derivado tiene actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, e.g., actividad lítica mortal, contra al menos una o más cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. Se describe aquí sin ser parte de la invención, un polipéptido comprende un fragmento, variante o derivado de SEQ ID NO: 761 a SEQ ID NO: 816, donde dicho fragmento, variante o derivado tiene actividad antibacteriana o actividad antimicrobiana, e.g., actividad lítica mortal, contra al menos una o más cepas de *A. baumannii*.

Se describe aquí, sin formar parte de la invención, un polipéptido que comprende o consiste en una proteína de medida de longitud de cola aislada o proteínas de cola (e.g., componente de cola, proteína de fibra de cola, proteína de cola asociada a la adsorción), o un su fragmento, que tiene una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más especies o cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*. El polipéptido es una proteína de medida de longitud de cola aislada o proteínas de cola que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704 or SEQ ID NO:795. El polipéptido descrito aquí (sin formar parte de la invención) comprende un fragmento, variante o derivado de SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704 or SEQ ID NO:795, donde dicho fragmento, variante o derivado muestra una función biológica asociada con el bacteriófago del cual se deriva, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus*, y/o *A. baumannii*.

Se describe también aquí, sin formar parte de la invención, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:61 o SEQ ID NO:63 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:1, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *E. faecalis* y/o *E. faecium*. Se describe también aquí, sin formar parte de la invención, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:204 o SEQ ID NO:214 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:2, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *E. faecalis* y/o *E. faecium*.

También se describe aquí, sin formar parte de la invención, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:435 o SEQ ID NO:438 que exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:3, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *P. aeruginosa*.

También se describe aquí, sin formar parte de la invención, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538 o SEQ ID NO:539 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:4, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *S. aureus*. También se describe aquí (sin formar parte de la invención) una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:567 o SEQ ID NO:568 que muestra una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:5, e.g., actividad antimicrobiana o antibacteriana (e.g., actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *S. aureus*. También se describe aquí (sin formar parte de la invención) una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:632 o SEQ ID NO:633 que muestra una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID

NO:6, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *S. aureus*. También se describe aquí, sin formar parte de la invención, una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703 o SEQ ID NO:704 que muestra una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o
5 consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:7, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *S. aureus*.

También se describe aquí una variante, fragmento o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NOS: 761-816 que muestra una función biológica asociada con el bacteriófago que tiene un genoma que comprende o
10 consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:760, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis letal), que se dirige contra una o más cepas de *A. baumannii*.

También se describe aquí, sin ser parte de la invención, polipéptidos aislados que muestran actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis letal) contra una o más cepas de bacterias (*e.g.*, bacterias Gram-positivas (*e.g.*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *S. aureus*), bacterias Gram-negativas (*e.g.*, *A. baumannii*, *P. aeruginosa*) o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas), donde los polipéptidos aislados tienen una secuencia de aminoácidos con al menos un 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 (*i.e.*, que consta del mismo número de residuos), siendo esta
15 segunda secuencia de aminoácidos SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID
20 NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759, SEQ ID NOS:761-816 y/o un su fragmento.

También se describe aquí, sin ser parte de la invención, polipéptidos aislados que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos de cualquiera de SEQ ID NOS:8-130, SEQ ID NOS:131-343, SEQ ID NOS:344-438, SEQ ID NOS:439-553, SEQ ID NOS:554-616, SEQ ID NOS:617-681, SEQ ID NOS:682-759 y SEQ ID NOS:761-816. También se describe aquí, sin ser parte de la invención, 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 pequeñas moléculas).
30

La presente solicitud de patente también describe, aunque no es parte de la invención, polinucleótidos que codifican los polipéptidos de la invención. La presente solicitud de patente también describe un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de cualquiera de SEQ ID NOS:8-130, SEQ ID NOS:131-343, SEQ ID NOS:344-438, SEQ ID NOS:439-553, SEQ ID NOS:554-616, SEQ ID NOS:617-681, SEQ ID NOS:682-759 y SEQ ID NOS 761-816. También se describe aquí, sin ser parte de la invención, un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el polipéptido de cualquiera de SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759 y SEQ ID NOS 761-816, o fragmento activo, variante o su derivado, el cual polipéptido o fragmento
40 activo, variante o derivado exhibe una función biológica asociada con el bacteriófago del cual es aislado y/o derivado, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de muerte lítica).
45
50

La presente solicitud de patente describe (aunque no forma parte de la invención) 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 (por ejemplo, cultivos de células bacterianas) infectados con el bacteriófago FI245/05, FI68/08, FI70/08, F770/05, FI97/08, F86/06, F87s/06 o F91a/06. Alternativamente, los polipéptidos de la presente invención pueden derivarse por medios recombinantes utilizando vectores de expresión que comprenden secuencias de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos de la invención, *e.g.*, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID
55
60

NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759, SEQ ID NOS:761-816, o sus fragmentos activos, derivados o variantes. Los polipéptidos o sus fragmentos que se describen aquí, sin formar parte de la invención, 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 recombinante. La presente solicitud de patente describe (aunque no forma parte de la invención) un método para producir recombinantemente una proteína de fago, *e.g.*, una proteína lisina, proteína de cola o un su fragmento activo, variante o 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:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759, SEQ ID NOS:761-816, o su fragmento; y (ii) recuperar dicha proteína de dicho 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. Los bacteriófagos aislados o polipéptidos de la invención pueden utilizarse para ayudar en la determinación de especies de bacterias en una muestra de paciente al establecer la susceptibilidad de las bacterias en la muestra a los bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención. Estos métodos también incluyen métodos de evaluación de la actividad antibacteriana de los bacteriófagos aislados y/o polipéptidos de la invención. La actividad antibacteriana de los bacteriófagos 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 evalúan cultivando bacterias conocidas y/o tejido del paciente, sangre, líquido o muestras con hisopo según técnicas estándar (*e.g.*, en cultivo líquido o en placas de agar), poniendo en contacto el cultivo con bacteriófagos 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.*, *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus*) pueden cultivarse 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 de control. Una OD disminuida en relación con una cultura de control es representativa de un bacteriófago y/o polipéptido que exhibe actividad antibacteriana (*e.g.*, muestra actividad lítica) contra la muestra probada o especies y/o cepa bacteriana en la cultura. De manera similar, se pueden permitir que las colonias bacterianas se formen en una placa de agar, exponer la placa a un bacteriófago o polipéptido de la invención y evaluar el crecimiento posterior de las colonias en relación con las placas de control. Un tamaño disminuido de colonias, o un número total disminuido de colonias, indica un bacteriófago y/o polipéptido con actividad antibacteriana contra la muestra probada y/o especies 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:760. 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:760 además de uno o más otros bacteriófagos. Estos uno o más otros bacteriófagos pueden ser uno o más bacteriófagos de la invención (*e.g.*, teniendo un genoma que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6 o SEQ ID NO:7, o SEQ ID NO:760), una o más de sus cepas, o pueden ser uno o más bacteriófagos conocidos en la técnica. Además, los uno o más bacteriófagos en la composición farmacéutica de la invención pueden tener como objetivo las mismas o diferentes especies o cepas de bacterias. La presente solicitud de patente describe composiciones farmacéuticas que comprenden uno o más bacteriófagos de la invención y que además comprenden uno o más polipéptidos de la invención y/o otros productos de fagos según lo descrito aquí o conocidos en la técnica.

Se describe en la presente solicitud de patente 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:1, SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7 y/o SEQ ID NO:760. Las composiciones farmacéuticas descritas en este documento, sin ser parte de la invención, comprenden uno o más polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438,

SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759 o SEQ ID NOS:761-816. Las composiciones farmacéuticas descritas aquí, sin ser parte de la invención, comprenden un polipéptido que es una variante, derivado o fragmento de SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759, o SEQ ID NOS:761-816; donde la variante, derivado o fragmento conserva una función biológica del polipéptido del cual se deriva, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad lítica), preferiblemente contra una o más cepas de *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*.

Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden adicionalmente comprender un vehículo, excipiente o estabilizador farmacéuticamente aceptable. En ciertas formas de realizaciones, las composiciones farmacéuticas de la invención son composiciones antibióticas (en el sentido de que muestran actividad antibacteriana) o composiciones terapéuticas para el tratamiento, prevención y/o alivio de los síntomas de una enfermedad o trastorno asociado con infección por bacterias en un sujeto que lo necesite. En 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 infección por *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *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, équido, primate (*e.g.*, humano), roedor, lagomorfo o aviar (*e.g.*, pollo, pato, ganso)).

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 contiene uno o más bacteriófagos o productos de fagos (*e.g.*, un polipéptido de bacteriófago aislado o un fragmento activo, variante o su derivado), opcionalmente en adición a uno o más otros bacteriófagos u otros productos de fagos, como 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 objetivo es eliminar, reducir, disminuir la gravedad de, retardar la progresión de o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (*e.g.*, infección bacteriana) asociados con la condición patológica o trastorno. Las composiciones farmacéuticas de la presente invención pueden usarse en el tratamiento o manejo de infecciones asociadas con cualquier infección bacteriana, incluyendo, pero no limitado a *A. baumannii*, *S. aureus*, *S. epidermidis*, *S. auricularis*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *M. luteus*, *B. subtilis*, *B. pumilus*, *E. faecalis*, *E. hirae*, *E. faecium*, *E. avium*, *P. aeruginosa* y sus combinaciones. En ciertas formas de realizaciones, las composiciones farmacéuticas pueden usarse 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 del pie diabético), mastitis, septicemia, intoxicación alimentaria y meningitis y/u otras condiciones 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 fragmento activo, variante o su derivado) como terapia de agente único. En otras realizaciones, la invención proporciona el uso de un bacteriófago, o producto de fago (*e.g.*, un polipéptido de fago aislado o fragmento activo, variante o su derivado), en combinación con un tratamiento estándar o experimental para infecciones bacterianas. Dicha terapia combinada puede mejorar la eficacia del tratamiento estándar o experimental. Ejemplos de agentes terapéuticos que son particularmente útiles en combinación con un polipéptido de la invención son agentes antiinflamatorios, agentes antibióticos quimioterapéuticos estándar (*e.g.*, penicilina, penicilinas sintéticas, bacitracina, metilicina, cefalosporina, polimixina, cefaclor, Cefadroxilo, cefamandol nafato, cefazolina, cefixima, cefmetazol, cefonid, cefoperazona, ceforanida, cefotaxima, cefotetán, cefoxitina, cefpodoxima proxetilo, ceftazidima, ceftizoxima, ceftriaxona, ceftriaxona moxalactam, cefuroxima, cefalexina, cefalosporina C, sal sódica de cefalosporina C, cefalotina, sal sódica de cefalotina, cefapirina, cefradina, cefuroxima axetilo, dihidrato de cefalotina, moxalactam, loracarbef mafato y agentes quelantes), agentes anestésicos locales y/o corticosteroides. En otra realización, las composiciones de la presente invención pueden combinarse con uno o más bacteriófagos o productos de fago conocidos en la técnica. Las terapias combinadas comprendidas 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.

Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden ser administradas por cualquier método conocido en la técnica adecuado para la administración de un compuesto antibacteriano (*e.g.*, vía oral o parenteral (*e.g.*, inhalación, intramuscular, intravenosa o epidérmica)). En 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, como infecciones en 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 capas dérmicas superiores (*e.g.*, infecciones de úlceras diabéticas del pie)).

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

Se describen también métodos para cribar péptidos en busca de actividad antibacteriana.

4.1. DEFINICIONES

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 realización específica, el fragmento es un fragmento funcional en el sentido de que retiene al menos una función de la proteína de la cual está aislado (*e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad lítica de destrucción celular)).

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

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 cual 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 dicho péptido, polipéptido o proteína de fusión está separado 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 del 30%, 20%, 10% o 5% (en peso seco) de proteína heteróloga (también referido 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 del 20%, 10% o 5% del volumen de la preparación proteica. Cuando el péptido, polipéptido o proteína de fusión se produce por síntesis química, es preferiblemente sustancialmente libre de precursores químicos u otros productos químicos, *i.e.*, está separado de los precursores químicos u otros productos químicos que intervienen en la síntesis del péptido, polipéptido o proteína de fusión. Por lo tanto, tales preparaciones de un péptido, polipéptido, proteína de fusión o anticuerpo tienen menos del 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 molécula de ácido nucleico que está separada 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 cDNA, 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 moléculas de cDNA u otro DNA genómico, *e.g.*, ha sido aislada de otros clones en una biblioteca de ácido nucleico.

El término "purificado" significa que el péptido, polipéptido, proteína de fusión o molécula de ácido nucleico ha aumentado mediblemente en concentración mediante cualquier proceso de purificación, incluido pero no limitado a, cromatografía de columna, HPLC, precipitación, electroforesis, etc., eliminando parcial, sustancial 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 administración en humanos generalmente debe ser de alta pureza de acuerdo con los estándares regulatorios y las buenas prácticas de fabricación.

Tal como se utiliza 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 limitarse a ello, un polipéptido puede ser modificado, *e.g.*, mediante glicosilación, acetilación, pegilación, fosforilación, amidación, derivatización con grupos de protección/bloqueo conocidos, escisión proteolítica, enlace a un ligando celular u otra proteína, etc. Un polipéptido derivado puede producirse mediante 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" utilizado 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 fago).

Tal 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 contienen la molécula de ácido nucleico o una versión de la misma integrada cromosómicamente. La progenie de dicha 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 generaciones sucesivas o a 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 cual el bacteriófago fue aislado o cultivado.

Tal 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 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 (por ejemplo, 5 minutos, 15 minutos, 30 minutos, 45 minutos, 1 hora, 2 horas, 4 horas, 6 horas, 12 horas, 24 horas, 48 horas, 72 horas, 96 horas, 1 semana, 2 semanas, 3 semanas, 4 semanas, 5 semanas, 6 semanas, 8 semanas o 12 semanas después) la administración de un segundo agente profiláctico o terapéutico (diferente del primer agente profiláctico o terapéutico) a un sujeto con una enfermedad o trastorno.

Tal como se utiliza aquí, los términos "ácidos nucleicos" y "secuencias nucleotídicas" incluyen moléculas de DNA y/o RNA de una sola hebra y de doble hebra, o sus combinaciones. Tal 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 hacia adelante, 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.

Tal como se utiliza aquí, los términos "agente profiláctico" y "agentes profilácticos" se refieren a bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención, que pueden ser utilizados en la prevención, tratamiento, manejo o mejoramiento de uno o más síntomas asociados con una infección por una bacteria.

Tal como se utiliza aquí, los términos "agente terapéutico" y "agentes terapéuticos" se refieren a bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención que pueden ser utilizados 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.

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

Tal como se utiliza aquí, los términos "tratar", "tratamiento" y "tratando" se refieren al alivio de uno o más síntomas asociados 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 medidas profilácticas o preventivas, donde el objetivo es eliminar, aliviar, disminuir la gravedad de, retardar la progresión de, o retrasar o prevenir los síntomas o la causa subyacente (e.g., infección bacteriana) asociada con la condición patológica o trastorno.

Tal como se utiliza aquí, los términos "actividad antibacteriana" y "actividad antimicrobiana" en relación con un bacteriófago, proteína de bacteriófago aislada (o su variante, derivado o fragmento), o producto de bacteriófago, se usan 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., *E. faecalis*, *E. faecium*, *S. aureus*), bacterias Gram-negativas (e.g., *A. baumannii*, *P. aeruginosa*) o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas) según 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 monitoreando 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 de la cultura; la cultura se expone a una o más concentraciones de uno o más bacteriófagos o polipéptidos de la invención y se monitorea la OD en relación con una cultura de control. Una OD disminuida en relación con una cultura de 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 expuesta a un bacteriófago o polipéptido de la invención, y luego 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 o polipéptido con actividad antibacteriana.

Tal como se utiliza aquí, un "dominio CHAP" se refiere a un dominio amidasa conservado encontrado en varias hidrolasas de peptidoglicano codificadas por fagos y es un acrónimo de "cysteine, histidine-dependent amidohydrolases/peptidases" (amidohidrolasas/peptidasas dependientes de cisteína e histidina). Véase, e.g., Rigden D, et. al., Trends Biochem Sci. 2003 May 28(5): 230-4. Se encuentra en una superfamilia de amidasas, incluidas las amidasas GSP y las hidrolasas de peptidoglicano. La familia incluye al menos dos tipos diferentes de actividades de escisión de peptidoglicano: actividad de amidasa de L-muramoil-L-alanina y actividad de endopeptidasa de D-alanil-glicilo. 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 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 escinden el peptidoglicano, e.g., actuando de manera cooperativa para escindir sustratos especializados. Véase también, Bateman A, et al., Trends Biochem Sci. 2003 May 28(5): 234-7.

5. BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS FIGURAS

FIG. 1: Esquema de la organización del genoma de F168/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1. Los marcos de lectura abiertos ("ORFs") predichos en el genoma 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 basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas (ORFs que codifican productos que muestran homología con las mismas proteínas o similares se indican con el mismo número y se diferencian por letra minúscula); Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Blanco o Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. ORFs con asignación funcional también se enumeran en la figura. La información en la figura también se incluye en forma tabular en la FIG. 2.

FIGS. 2A-X: Características del genoma del bacteriófago F168/08, 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 1-116 listados en la FIG. 2 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:8-130, respectivamente.

FIGS. 3A-B: El rango de hospedador de F168/08 determinado por la prueba de mancha en 105 cepas de *Enterococcus faecalis* (EFS) (3A) y 56 cepas de *Enterococcus faecium* (EFM) (3B) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 μ l de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados (preparados a partir de lisado purificado con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

FIG. 4: Esquema de la organización del genoma F170/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ

ID NO:2. Los ORFs predichos en el genoma 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 pudo hacer una asignación funcional de los productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas (los ORFs que codifican productos que exhiben homología con las mismas proteínas o similares se indican usando el mismo número y se diferencian por letra minúscula); Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Blanco o Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORFs con función asignada también están listados en la figura. La información de la figura también se incluye en forma de tabla en la FIG. 5.

FIGS. 5A-ARU: Características del genoma del bacteriófago FI 70/08, 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 1-213 listados en la FIG. 5 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:131-343, respectivamente.

FIGS. 6A-B: El rango de hospedadores de FI 70/08 determinado por la prueba de mancha en 105 cepas de *Enterococcus faecalis* (EFS) (6A) y 56 cepas de *Enterococcus faecium* (EFM) (6B) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados (preparados a partir de lisado purificado con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó basándose en una escala relativa que va desde halos de lisis turbios (+) a halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fagos se indica como (-).

FIG. 7: Esquema de la organización del genoma F770/05, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3. Los ORFs predichos en el genoma 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 pudo hacer una asignación funcional de productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas (los ORFs que codifican productos que exhiben homología con las mismas proteínas o proteínas similares se indican usando el mismo número y se diferencian por una letra minúscula); Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Blanco o Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en bases de datos disponibles. Los ORFs con asignación funcional también están listados en la figura. La información de la figura también está incluida en forma tabular en la FIG. 8.

FIGS. 8A-ACE: Características del genoma del bacteriófago F770/05, incluyendo productos génicos y asignación de funciones putativas. La figura incluye un listado de los ORFs del genoma y proporciona para cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) un listado de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORFs 1-95 listados en la FIG. 8 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:344-438, respectivamente.

FIG. 9: El rango de hospedadores de F770/05 determinado por la prueba de mancha en 100 cepas de *Pseudomonas aeruginosa* (PSA) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha contenía 5 µl de suspensión de bacteriófago con títulos indicados (preparados a partir de lisado purificado con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que varía desde turbio(+) hasta claro(++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

FIG. 10: Esquema de la organización del genoma FI97/08, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:4. Los ORFs predichos en el genoma 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 pudo asignar una función a los productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas (los ORFs que codifican productos que exhiben homología con las mismas o similares proteínas se indican con el mismo número y se diferencian por letra minúscula); Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Blanco o Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en las bases de datos disponibles. Los ORFs con funciones asignadas también se enumeran en la figura. La información en la figura también está incluida en forma tabular en la FIG. 11.

FIGS. 11A-AA: Características del genoma del bacteriófago FI97/08, incluyendo productos genicos y asignación de funciones putativas. La figura incluye un listado de los ORFs del genoma y proporciona para cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) un listado de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORFs 1-66 listados en la FIG. 11 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:439-553, respectivamente.

FIG. 12: El rango de hospedadores de F197/08 determinado mediante la prueba de mancha en 100 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 lisado purificado con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al bacteriófago se evaluó en base a una escala relativa que va desde halos de lisis turbios(+) hasta claros(+++). La resistencia a la infección por bacteriófago se indica como (-).

FIG. 13: Esquema de la organización del genoma de F86/06, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:5. Los ORFs predichos en el genoma 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 pudo hacer una asignación funcional de productos basada en las funciones conocidas de proteínas homólogas (ORFs que codifican productos que exhiben homología con proteínas iguales o similares están indicados con el mismo número y diferenciados por una letra minúscula); Gris - ORFs que codifican productos que son similares a proteínas de función desconocida; Blanco o 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 de la figura también está incluida en forma de tabla en la FIG. 14.

FIGS. 14A-SU: Características del genoma del bacteriófago F86/06, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La figura incluye un listado de los ORFs del genoma y proporciona para cada ORF (i) su posición dentro del genoma, (ii) la secuencia de aminoácidos codificada, (iii) un listado de proteínas homólogas y dominios conservados dentro de su polipéptido codificado y (iv) una asignación de función putativa. Los ORFs 1-63 enumerados en la FIG. 14 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:554-616, respectivamente.

FIG. 15: El rango de huéspedes de F86/06 determinado por la prueba de punto en 100 cepas de *Staphylococcus aureus* (STA) aisladas de muestras clínicas. Cada punto contenía 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados (preparados a partir de lisado purificado con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en función de una escala relativa que varía desde halos de lisis turbios (+) hasta claros (++++). La resistencia a la infección por fagos se indica como (-).

FIG. 16: Esquema de la organización del genoma de F87s/06, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 6. Los ORFs predichos en el genoma 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 en función de las funciones conocidas de proteínas homólogas (los ORFs que codifican productos que muestran homología con proteínas iguales o similares se indican con el mismo número y se diferencian con letras minúsculas); Gris: ORFs que codifican productos similares a proteínas de función desconocida; Blanco o Vacío: ORFs que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con proteínas en las 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 tabular en FIG. 17.

FIGS. 17A-UV: Características del genoma del bacteriófago F87s/06, 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 1-61 enumerados en la FIG. 17 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO: 617-681, respectivamente.

FIG. 18: El rango de hospedador de F87s/06 determinado mediante la prueba de puntos en 100 cepas de *Staphylococcus aureus* (STA) aisladas de muestras clínicas. Cada punto contenía 5 µl de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados (preparados a partir de lisado purificado con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en una escala relativa que iba desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fagos se indica como (-).

FIG. 19: Esquema de la organización del genoma de F91a/06, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 7. Las ORFs predichas en el genoma están representadas por flechas y numeradas 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 en función de las funciones conocidas de proteínas homólogas (las ORFs que codifican productos que muestran homología con proteínas del mismo tipo o similares se indican con el mismo número y se diferencian con letras minúsculas); Gris - ORFs que codifican productos similares a proteínas de función desconocida; Blanco o Vacío - ORFs que codifican proteínas que no comparten homología significativa con proteínas en las bases de datos disponibles. Las ORFs con asignación funcional también se enumeran en la figura. La información de la figura también se incluye en forma de tabla en la FIG. 20.

FIGS. 20A-U: Características del genoma del bacteriófago F91a/06, incluyendo los productos génicos y la asignación de funciones putativas. La figura incluye una lista de las 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. Las ORFs 1-64 enumeradas en la FIG. 20 codifican las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO: 682-754, respectivamente.

FIG. 21: El rango de hospedaje de F9la/06 determinado mediante la prueba de puntos en 100 cepas de *Staphylococcus aureus* (STA) aisladas de muestras clínicas. Cada punto contenía 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados (preparados a partir de lisados purificados con CsCl). La sensibilidad de cada cepa al fago se evaluó en una escala relativa que iba desde turbio (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por el fago se indica como (-).

FIG. 22: Organización esquemática del genoma FI245/05, que comprende la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:760. Las ORFs predichas en el genoma de 43 kb están representadas por flechas numeradas en negro. Para las ORF funcionalmente asignadas, el número se sustituye por la función predicha. La dirección de una flecha indica la dirección de la transcripción. Código de color: Negro - ORFs cuyos productos se les pudo asignar una función funcional basada en proteínas homólogas; Gris - ORFs que codifican productos similares a proteínas de función desconocida; Rayado - ORFs con una función asignada en función de su posición relativa en el genoma y de la presencia de dominios transmembranales putativos en el producto codificado; Flechas vacías - ORFs que codifican proteínas que no comparten una homología significativa con proteínas en bases de datos.

FIGS. 23A-IO: Se proporcionan características del genoma del bacteriófago FI245/05, incluidos los productos génicos y la asignación de funciones putativas.

FIGS. 24A-E: Se proporciona el rango de hospedadores de FI245/05 según lo determinado por la prueba de puntos en 100 cepas de *Acinetobacter baumannii* aisladas de muestras clínicas. Cada punto contenía suspensiones de bacteriófagos de 5 µl con los títulos indicados (preparados a partir de lisados purificados con CsCl). La sensibilidad al fago se presenta en una escala que va desde turbio (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fagos se indica como (-).

6. DESCRIPCIÓN PORMENORIZADA

La presente invención se dirige a bacteriófagos aislados que tienen actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de las bacterias patógenas nosocomiales *A. baumannii*. Se describe aquí, sin formar parte de la invención, bacteriófagos o polipéptidos aislados que muestran actividad antimicrobiana y/o antibacteriana contra cepas resistentes a la meticilina de *S. aureus* (MRSA). Además, los bacteriófagos y polipéptidos descritos aquí pueden mostrar actividad antibacteriana o antimicrobiana contra una o más especies o cepas de bacterias patógenas, incluyendo, pero no limitándose a, *S. epidermidis*, *S. auricularis*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *Micrococcus luteus*, *Bacillus subtilis*, *B. pumilus*, *E. hirae* y *E. avium*.

Se describe aquí, sin formar parte de la invención, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1. Un ejemplo específico en este sentido es el bacteriófago aislado FI68/08, que ataca a varias cepas de *E. faecalis* y *E. faecium*. Los marcos de lectura abiertos (ORF) en el genoma FI68/08, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORF y la asignación de funciones putativas de las secuencias de aminoácidos codificadas (i.e., proteínas y/o polipéptidos codificados) se proporcionan en la FIG. 2 (que también proporciona las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS: 8-130).

Los *Enterococci* son bacterias esféricas grampositivas que forman colonias en grupos o cadenas. Se encuentran como parte de la flora del tracto digestivo en muchos mamíferos, incluyendo los humanos. Las infecciones por *Enterococcus* representan el 12% de todas las infecciones nosocomiales. Una infección por *Enterococcus* puede causar infecciones abdominales complicadas, infecciones de la piel y estructuras cutáneas, infecciones del tracto urinario e infecciones del torrente sanguíneo, las cuales pueden ser difíciles de tratar, especialmente en casos en los que la cepa involucrada ha desarrollado resistencia a varios antibióticos. En tales casos, la infección puede poner en peligro la vida, especialmente cuando el paciente ya es inmunodeficiente.

Enterococcus faecalis es responsable de la mayoría de las infecciones por *Enterococci* y es una bacteria comensal Grampositiva que habita en el tracto gastrointestinal de los seres humanos y otros mamíferos. Es no mótil y facultativamente anaeróbico. *E. faecalis* puede causar endocarditis, así como infecciones de la vejiga, próstata y epidídimo, incluyendo infecciones potencialmente mortales en los seres humanos, especialmente en el entorno nosocomial. *E. faecalis* es resistente a muchos agentes antimicrobianos comúnmente utilizados, (como, e.g., los aminoglucósidos, aztreonam, cefalosporinas, clindamicina, las penicilinas semisintéticas nafcilina y oxacilina, trimetoprim-sulfametoxazol, y similares).

Enterococcus faecium es conocido por su resistencia a varios tipos de antibióticos, incluyendo quinolonas y

aminoglucósidos. También se conocen cepas de *E. faecium* resistentes a la vancomicina. La resistencia a varios antibióticos y la tolerancia a condiciones adversas hacen de *E. faecium* una gran preocupación para la comunidad médica, que ha apodado a este microbio como un "supergermen". También se describe un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:2, sin formar parte de la invención. Un ejemplo específico de acuerdo con esta forma de realización es el bacteriófago aislado FI 70/08, que ataca a varias cepas de *E. faecalis* y *E. faecium*. Los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma de FI 78/08, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de las posibles funciones de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados) se proporcionan en la FIG. 5 (también se proporcionan las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS: 131-343).

Se describe aquí, sin formar parte de la invención, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3. Un ejemplo específico de acuerdo con esta forma de realización es el bacteriófago aislado F770/05, que ataca a varias cepas de *P. aeruginosa*. Los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma de F770/05, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de las posibles funciones de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados) se proporcionan en la FIG. 8 (también se proporcionan las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS: 344-438).

Pseudomonas aeruginosa es una bacteria común en forma de bastón Gram negativo que se encuentra en el suelo, el agua, la flora cutánea y la mayoría de los entornos fabricados por el ser humano. Prospera no solo en atmósferas normales, sino también con poco oxígeno como anaerobio facultativo y puede infectar tejidos dañados o individuos inmunocomprometidos. Cuando estas colonizaciones ocurren en órganos críticos del cuerpo como los pulmones, el tracto urinario y los riñones, los resultados pueden ser fatales. Debido a que prospera en superficies, esta bacteria también se encuentra en el equipo médico, incluyendo catéteres, lo que provoca infecciones cruzadas en hospitales y clínicas. *P. aeruginosa* es uno de los patógenos nosocomiales oportunista más relevantes y se estima que una de cada diez infecciones adquiridas en el hospital proviene de *Pseudomonas*. *P. aeruginosa* también es la causa más común de infecciones por quemaduras y el colonizador más frecuente de dispositivos médicos, como catéteres.

También se describe en este documento, sin formar parte de la invención, un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 4. Un ejemplo específico en este sentido es el bacteriófago aislado FI97/08, que ataca a varias cepas de *S. aureus*. En la FIG. 11 se proporcionan los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma de FI97/08, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de funciones presuntas de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados), proporcionando también las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS: 439-553).

También se describe en este documento, sin formar parte de la invención, un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 5. Un ejemplo específico en este sentido es el bacteriófago aislado F86/06, que ataca a varias cepas de *S. aureus*. En la FIG. 14 se proporcionan los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma de F86/06, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de funciones presuntas de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados), proporcionando también las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS: 554-616).

También se describe en este documento, sin formar parte de la invención, un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 6. Un ejemplo específico en este sentido es el bacteriófago aislado F87s/06, que ataca a varias cepas de *S. aureus*. En la FIG. 17 se proporcionan los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma de F87s/06, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de funciones presuntas de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados), (proporcionando también las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS: 617-681).

También se describe en este documento, sin formar parte de la invención, un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 7. Un ejemplo específico en este sentido es el bacteriófago aislado F91a/06, que ataca a varias cepas de *S. aureus*. En la FIG. 20 se proporcionan los marcos de lectura abierta (ORFs) en el genoma de F91a/06, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de funciones presuntas de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados), (proporcionando también las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS:682-754).

S. aureus es una bacteria esférica, facultativamente anaerobia, grampositiva, a menudo parte de la flora cutánea que se encuentra en la nariz y la piel. *S. aureus* puede causar una variedad de enfermedades, desde infecciones cutáneas menores, como espinillas, hasta gastroenteritis, enfermedades potencialmente mortales como la neumonía, la meningitis, la osteomielitis, la endocarditis, el síndrome de shock tóxico (TSS), la bacteriemia y la sepsis. Es una de las cinco causas más comunes de infecciones nosocomiales y a menudo la causa de infecciones de heridas postoperatorias. Hoy en día, *S. aureus* se ha vuelto resistente a muchos antibióticos comúnmente utilizados, y se estima que solo el 2% de todos los aislamientos de *S. aureus* son sensibles a la penicilina. Se

desarrollaron penicilinas de segunda generación, como la metilicina, la oxacilina, la cloxacilina y la flucloxacilina, para tratar *S. aureus* resistente a la penicilina. La metilicina fue el primer antibiótico de esta clase en utilizarse, pero solo dos años después se informó del primer caso de *S. aureus* resistente a la metilicina (MRSA). Desde la década de 1990, ha habido un aumento explosivo en la prevalencia de MRSA en los hospitales, donde ahora se considera endémica.

En una forma de realización, la invención proporciona un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:760. Un ejemplo específico de acuerdo con esta forma de realización es el bacteriófago aislado FI245/05, que se dirige a una serie de cepas de *A. baumannii*. En la FIG. 23 se proporcionan los marcos de lectura abiertos (ORFs) en el genoma de FI245/05, las secuencias de aminoácidos codificadas por los ORFs y la asignación de funciones putativas de las secuencias de aminoácidos codificadas (*i.e.*, proteínas y/o polipéptidos codificados), (también se proporcionan las secuencias de aminoácidos SEQ ID NOS:761-816).

Acinetobacter baumannii es una especie de bacteria que causa una serie de infecciones clínicas graves, especialmente en personas con sistemas inmunológicos comprometidos. *Acinetobacter baumannii* es un bacilo pleomórfico gramnegativo aerobio que se encuentra comúnmente en el entorno hospitalario y en pacientes hospitalizados. La bacteria a menudo ingresa al cuerpo a través de heridas abiertas, catéteres o tubos de respiración. *Acinetobacter baumannii* suele colonizar ambientes acuáticos y a menudo se cultiva a partir de esputo o secreciones respiratorias de pacientes hospitalizados, heridas y orina. En un entorno hospitalario, *Acinetobacter baumannii* suele colonizar soluciones de irrigación y soluciones intravenosas. También se sabe que es resistente a múltiples antibióticos y el número de infecciones nosocomiales causadas por *A. baumannii* ha aumentado en los últimos años.

En ciertas formas de realizaciones, el bacteriófago de la invención comprende o consiste en un genoma con una identidad de secuencia de al menos el 99% con la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 760, que presenta al menos una actividad biológica, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis), de uno o más de los bacteriófagos FI245/05. Alternativamente o además, también se describe en la presente solicitud de patente, aunque no forma parte de la invención, que el bacteriófago puede tener un genoma que comprenda un fragmento funcional de 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: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7 o SEQ ID NO: 760, incluyendo las secuencias de cualquiera de los marcos de lectura abierta descritos en las FIGS. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20 y 23.

La presente solicitud de patente también proporciona bacterias aisladas infectadas con uno o más de los bacteriófagos de la invención. La presente solicitud de patente describe (aunque no forma parte de la invención) *E. faecalis* o *E. faecium* aislados infectados con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1 y/o SEQ ID NO: 2. La presente solicitud de patente describe (sin formar parte de la invención) *P. aeruginosa* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 3. La presente solicitud de patente describe (aunque no forma parte de la invención) *S. aureus* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6 y/o SEQ ID NO: 7. En una realización, la invención proporciona *A. baumannii* aislada infectada con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 760.

La presente solicitud de patente proporciona métodos de producción y aislamiento de un bacteriófago cuyo genoma 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:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7 o SEQ ID NO:760. También se describe aquí (sin formar parte de la invención) un método para producir y/o aislar un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1 o SEQ ID NO:2 que comprende (i) obtener un cultivo de *E. faecalis* o *E. faecium*, (ii) infectarlo con el bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:1 o SEQ ID NO:2; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo y (iv) aislar el bacteriófago del cultivo. Se describe también aquí (sin formar parte de la invención) un método para producir y/o aislar un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3 que comprende (i) obtener un cultivo de *P. aeruginosa*, (ii) infectarlo con el bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:3; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo y (iv) aislar el bacteriófago del cultivo. La presente solicitud de patente describe, sin formar parte de la invención, un método para producir y/o aislar un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6 o SEQ ID NO:7 que comprende (i) obtener un cultivo de *S. aureus*, (ii) infectarlo con el bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6 o SEQ ID NO:7; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo y (iv) aislar el bacteriófago del cultivo. En una forma de realización, la invención proporciona un método para producir y/o aislar un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido

nucleico de SEQ ID NO:760 que comprende (i) obtener un cultivo de *A. baumannii*, (ii) infectarlo con el bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO:760; (iii) cultivar hasta que se observe una lisis significativa del cultivo y (iv) aislar el bacteriófago del cultivo.

- 5 Los bacteriófagos pueden ser aislados de una muestra bacteriana utilizando cualquier método descrito aquí o conocido en la técnica (véase, *e.g.*, Carlson, "Trabajo con bacteriófagos: técnicas comunes y enfoques metodológicos," *In*, Kutter y Sulakvelidze (Eds) Bacteriófagos: Biología y Aplicaciones, 5ª ed. CRC Press (2005)).

10 La presente solicitud de patente describe, sin formar parte de la invención, polipéptidos aislados de los bacteriófagos de la invención. Los polipéptidos aislados pueden ser proteínas de bacteriófagos completas o pueden ser fragmentos, variantes o derivados de las proteínas de bacteriófagos, siempre que el fragmento, variante o derivado muestre al menos una actividad biológica asociada con el bacteriófago o el polipéptido del que se deriva. En ciertas formas de realizaciones, los polipéptidos de la invención se aíslan de los bacteriófagos FI245/05 (que típicamente infectan *A. baumannii*), FI68/08 o FI 70/08 (que típicamente infectan *E. faecalis* y/o *E. faecium*),
15 bacteriófago F770/05 (que típicamente infecta *P. aeruginosa*) o bacteriófago FI 97/08, F86/06, F87s/06 o F9la/06 (que típicamente infectan *S. aureus*).

El polipéptido descrito aquí (sin formar parte de la invención) es un endolisina o lisina aislado de un bacteriófago cuyo genoma comprende o consiste en SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO:
20 6, SEQ ID NO: 7 o SEQ ID NO: 760 (*e.g.*, el bacteriófago FI68/08, FI 70/08, FI97/08, F86/06, F87s/06, F9la/06 o FI245/05, respectivamente). El polipéptido descrito aquí (sin formar parte de la invención) es un endolisina o lisina aislados de bacteriófagos de la invención, los cuales fragmentos, variantes o derivados exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana (*e.g.*, actividad de lisis) contra uno o más de *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium* o *S. aureus*. Los polipéptidos aislados que son fragmentos, variantes o derivados de endolisinas o lisinas aislados de bacteriófagos de la invención que exhiben actividad antibacteriana o antimicrobiana (*e.g.*, actividad de lisis) contra una o más especies de bacterias distintas a *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium* o *S. aureus* (*e.g.*, *P. aeruginosa*). La presente solicitud de patente describe, sin formar parte de la invención, un polipéptido que
25 comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202 o SEQ ID NO:203, o un fragmento, variante o derivado de dicho polipéptido, el cual polipéptido muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana contra *E. faecalis* o *E. faecium*. También se describe (sin formar parte de la invención) un polipéptido que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712, o un fragmento, variante o derivado de dicho polipéptido, el cual polipéptido muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana contra *S. aureus*. El polipéptido comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO:797, o un fragmento, variante o derivado de dicho polipéptido, el cual polipéptido muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana contra *A. baumannii*.

45 La presente solicitud de patente describe (aunque no forma parte de la invención) un polipéptido que comprende o consiste en un dominio CHAP aislado de un endolisina o lisina de los bacteriófagos FI68/08, FI 70/08, F770/05, FI97/08, F86/06, F87s/06 o F9la/06. Se ha demostrado que los dominios CHAP aislados retienen la actividad antibacteriana, *e.g.*, la actividad de lisis, de la endolisina o lisina de la que se derivan; los dominios CHAP pueden identificarse y aislarse 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). La presente solicitud de patente también describe (aunque no forma parte de la invención) un polipéptido que comprende o consiste en un dominio CHAP
50 aislado de un polipéptido con una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712. También se describe aquí (sin formar parte de la invención) un polipéptido aislado que comprende o consiste en el dominio CHAP derivado de un segundo polipéptido con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641 o SEQ ID NO:712, en el que el dominio CHAP tiene la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758 o SEQ ID NO:759, respectivamente. Es decir, SEQ ID NO:755 corresponde a un dominio CHAP derivado del polipéptido con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:68; SEQ ID NO:756 corresponde a un dominio CHAP derivado del polipéptido con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:446, y así sucesivamente. En otras formas de realizaciones, la invención proporciona un fragmento, variante o derivado de un dominio CHAP aislado de un endolisina o lisina de los bacteriófagos FI68/08, FI 70/08, F770/05, FI97/08, F86/06, F87s/06 o F9la/06, que
60 fragmento, variante o derivado muestra al menos una actividad biológica, *e.g.*, la lisis celular, del dominio CHAP

del que se deriva y en el que dicho dominio CHAP tiene una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758 o SEQ ID NO:759. Las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:755 a SEQ ID NO:759 se proporcionan en la Tabla 1

5 **Tabla 1: Secuencias de aminoácidos de dominios CHAP aislados de bacteriófagos de la presente invención**

SEQ ID NO	Secuencia	Fago
755	NGLVGKGVADAGWYGTQCMDLTVDMQRFFGWRPYGNAIALV DQPIAGFQRIRTTSSTQIKAGDVMWGLGYAQQYGHGTGIATEDG RADGTFVSDQNWINPSLEVGSPPAAAIHHNMDGVWGVIR	F168/08
756	DNSLGKQFNPDLYGFGQCYDYANMFFMIATGERLQGLYAYNIPF DNKARIEKYGQIIKNYDSFLPQKLDIVVFPISKYGGGAGHVEIVESANLNTFTSYGQ NWNKGKWTNGVAQPGWGPETVTRHVHYDDPMYFIR	F197/08
757	RWYQGRYIDFDGWYGYQCADLAVDYIYWLLIIRMWGNNAKDAINNDFKNMAT VYENTPSFVPQIGDVAVFTKGIYKQYGHIGLVFNG GNTNQFLILEQNYDGNANTPAKLWDNYYGCTHFIR	F86/06
758	RWYQGRYIDFDGWYGYQCADLAVDYIYWLLIIRMWGNNAKDAINNDFKNMAT VYENTPSFVPQIGDVAVFTKGIYKQYGHIGLVFNG GNTNQFLILEQNYDGNANTPAKLWDNYYGCTHFIR	F87s/06
759	RWYQGRYIDFDGWYGYQCADLAVDYIYWLLIIRMWGNNAKDAI NNDFKNMATVYENTPSFVPQIGDVAVFTKGIYKQYGHIGLVFNGGNTNQFLILE QNYDGNANTPAKLWDNYYGCTHFIR	F91a/06

Se describe aquí (sin formar parte de la invención) un polipéptido que comprende o consiste en una proteína de medida de cinta de cola o una proteína de cola (*e.g.*, componente de cola, proteína de fibra de cola, proteína de cola asociada a la adsorción), o un su fragmento, 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:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7 o SEQ ID NO:760 (*e.g.*, el bacteriófago F168/08, F170/08, F770/05, F197/08, F86/06, F87s/06, F91a/06 o F1245/05, respectivamente), en el cual la proteína de medida de cinta de cola o la proteína de cola, o su fragmento, tiene una función biológica asociada con el bacteriófago del que se deriva, *e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis). En formas de realizaciones específicas, la actividad antimicrobiana o antibacteriana de la proteína de medida de cinta de cola o de la proteína de cola se dirige contra al menos una o más especies o cepas de *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. Se describe aquí (sin formar parte de la invención) una proteína de medida de cinta de cola o proteína de cola que tiene la secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704 o SEQ ID NO:795. El polipéptido aislado es un fragmento, variante o derivado de la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704 o SEQ ID NO:795, el cual fragmento, variante o derivado muestra al menos una actividad biológica o función del bacteriófago del que se aísla o deriva, por ejemplo, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis). En formas de realizaciones preferidas, al menos una actividad biológica o función del fragmento, variante o derivado se dirige contra una o más cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*.

Se describe aquí (sin formar parte de la invención) que el polipéptido aislado de la presente solicitud de patente es una variante de un polipéptido de bacteriófago, la cual variante comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 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 (*i.e.*, que consiste en el mismo número de residuos), la cual segunda secuencia de aminoácidos es SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID

NO:203, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:641, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704, SEQ ID NO:712, SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758, SEQ ID NO:759, SEQ ID NO:795 o SEQ ID NO:797, y/o un su fragmento, y en la cual la variante exhibe al menos una función o actividad biológica del bacteriófago del que se deriva (*e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana (*e.g.*, actividad de lisis)) contra una o más cepas de bacterias (*e.g.*, bacterias Gram-positivas (*e.g.*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *S. aureus*), bacterias Gram-negativas (*e.g.*, *P. aeruginosa*, *A. baumannii*) o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas).

Se describe aquí (sin formar parte de la invención) un polipéptido aislado que tiene una secuencia de aminoácidos de cualquiera de SEQ ID NOS:2-124, SEQ ID NOS: 126-338, SEQ ID NOS:340-434, SEQ ID NOS:436-550, SEQ ID NOS:552-614, SEQ ID NOS:616-680, SEQ ID NOS:682-759, SEQ ID NOS:761-816, y sus fragmentos biológicamente activos. También se describe aquí, sin formar parte de la invención, un polipéptido variante que exhibe al menos una actividad biológica asociada con el polipéptido o el bacteriófago del que se aisló o derivó, dirigida contra al menos una o más cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*.

Se describe aquí, sin formar parte de la invención, una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica la secuencia de aminoácidos de una de las SEQ ID NOS:8-130, SEQ ID NOS:131-343, SEQ ID NOS:344-438, SEQ ID NOS:439-553, SEQ ID NOS:554-616, SEQ ID NOS:617-681, SEQ ID NOS:682-759, SEQ ID NOS:761-816, y sus fragmentos activos. También se describe aquí (sin formar parte de la invención) que la secuencia de ácido nucleico corresponde a cualquiera de los marcos de lectura abierta identificados en las FIGS. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20 y 23.

Se describe aquí (sin formar parte de la invención) que los polipéptidos de la presente invención son recombinantemente fusionados o conjugados químicamente (incluyendo tanto conjugaciones covalentes como no covalentes) a agentes terapéuticos, por ejemplo, polipéptidos heterólogos o pequeñas moléculas, para generar proteínas de fusión o polipéptidos quiméricos. La fusión no necesariamente debe ser directa, sino que puede ocurrir a través de secuencias de enlace o mediante conjugación química. Ejemplos no limitantes de agentes terapéuticos a los que los polipéptidos de la invención pueden estar conjugados son citotoxinas de péptidos o no péptidos (incluyendo antimicrobianos y/o antibióticos), moléculas trazadoras/marcadoras (*e.g.*, radionúclidos y fluoróforos) y otros compuestos antibióticos o antibacterianos conocidos en la técnica.

6.1. COMPOSICIONES ANTIBIÓTICAS

Los bacteriófagos o polipéptidos aislados de la presente invención pueden administrarse solos o incorporarse en una composición farmacéutica para su uso en el tratamiento o la profilaxis de infecciones bacterianas, por ejemplo, infecciones causadas por bacterias que incluyen, pero no se limitan a, *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y *S. aureus*. Los polipéptidos pueden combinarse con un vehículo, excipiente o estabilizador farmacéuticamente aceptable. Ejemplos de vehículos, excipientes y estabilizadores farmacéuticamente aceptables incluyen, pero no se limitan a, tampones como fosfato, citrato y otros ácidos orgánicos; antioxidantes como ácido ascórbico; polipéptidos de bajo peso molecular; proteínas, como albúmina sérica y gelatina; polímeros hidrofílicos como polivinilpirrolidona; aminoácidos como glicina, glutamina, asparagina, arginina o lisina; monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos, incluyendo glucosa, manosa o dextrinas; agentes quelantes como EDTA; alcoholes de azúcar como manitol o sorbitol; contraiones formadoras de sales como el sodio; y/o surfactantes no iónicos como TWEEN™, polietilenglicol (PEG) y PLURONICS™. La composición farmacéutica de la presente invención (*e.g.*, composición antibacteriana) también puede incluir un lubricante, un agente humectante, un edulcorante, un agente saborizante, un emulsionante, un agente suspensorio y un conservante, además de los ingredientes mencionados anteriormente.

Los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención también pueden combinarse con uno o más agentes terapéuticos y/o profilácticos útiles para el tratamiento de infecciones bacterianas como se describe aquí y/o conocidos en la técnica (*e.g.*, uno o más lisinas). Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden, por lo tanto, comprender dos o más bacteriófagos aislados de la invención (con actividad antibacteriana contra la misma o diferentes especies o cepas bacterianas), la combinación de un bacteriófago y un polipéptido de la invención o la combinación de un bacteriófago y/o polipéptido de la invención y un bacteriófago y/o polipéptido terapéutico conocido en la técnica. En ejemplos específicos, los componentes terapéuticos de una combinación pueden dirigirse a dos o más especies o cepas de bacterias o exhibir diferentes actividades enzimáticas. Por ejemplo, las lisinas, en general, exhiben una de las actividades amidasa, endopeptidasa, muramidasa o glucosamidasa. Por lo tanto, la combinación de lisinas que exhiben diferentes actividades puede proporcionar un aumento sinérgico en

la actividad terapéutica de la composición farmacéutica de la invención.

Ejemplos de otros agentes terapéuticos que pueden utilizarse en combinación con el polipéptido de la invención incluyen, pero no se limitan a, agentes antibióticos estándar, agentes antiinflamatorios, agentes antivirales, agentes anestésicos locales y corticosteroides.

Los antibióticos estándar que pueden utilizarse con composiciones farmacéuticas que contienen polipéptidos de la invención incluyen, pero no se limitan a, amikacina, gentamicina, kanamicina, neomicina, netilmicina, paromicina, rodostreptomina, estreptomina, tobramicina, apramicina, rifamicina, naftomicina, mupirocina, geldamicina, ansamitocina, carbacéfems, imipenem, meropenem, ertapenem, faropenem, doripenem, panipenem/betamiprona, biapenem, PZ-601, cefalosporinas, cefacetrio, cefadroxilo, cefalexina, cefaloglicina, cefalonio, cefaloridina, cefalotina, cefapirina, cefatrizina, cefazafur, cefazedona, cefazolina, cefradina, cefroxadina, ceftiozola, cefaclor, cefonicida, cefprozilo, cefuroxima, cefuzonam, cefmetazol, cefotetán, ceftiofina, cefcapeno, cefdaloxima, cefdinir, cefditoreno, cefetamet, cefixima, cefmenoxima, cefteteram, ceftibuten, ceftiofur, ceftiofeno, ceftizoxima, ceftriaxona, cefoperazona, ceftazidima, latamoxef, cefclidina, cefepima, ceftuprenama, cefoselis, ceftiozopran, cefpiroma, cefquinoma, flomoxef, ceftobiprol, azitromicina, claritromicina, diritromicina, eritromicina, roxitromicina, aztreonam, penicilina y derivados de penicilina, actinomicina, bacitracina, colistina, polimixina B, cinoxacina, flumequina, ácido nalidíxico, ácido oxolínico, ácido piromídico, ácido pipemídico, rosoxacina, ciprofloxacina, enoxacina, fleroxacina, lomefloxacina, nadifloxacina, norfloxacina, ofloxacina, pefloxacina, rifloxacina, balofloxacina, gatifloxacina, grepafloxacina, levofloxacina, moxifloxacina, pazufloxacina, sparfloxacina, temafloxacina, tosufloxacina, clinafloxacina, garenoxacina, gemifloxacina, stifloxacina, trovafloxacina, prulifloxacina, acetazolamida, benzolamida, bumetanida, celecoxib, clortalidona, cloramida, diclorfenamida, dorzolamida, etoxizolamida, furosemida, hidroclorotiazida, indapamida, mafendida, mefrusida, metolazona, probenecid, sulfacetamida, sulfadimetoxina, sulfadoxina, sulfanilamidas, sulfametoxazol, sulfasalazina, sultiama, sumatriptán, xipamida, tetraciclina, clortetraciclina, oxitetraciclina, doxiciclina, limeciclina, meclociclina, metaciclina, minociclina, rolitetraciclina y su cualquier combinación en cantidades que sean efectivas para potenciar aditiva o sinérgicamente el efecto terapéutico del bacteriófago o polipéptido de la invención para una infección específica.

Los anestésicos locales que pueden utilizarse en composiciones farmacéuticas de la presente invención incluyen tetracaína, clorhidrato de tetracaína, lidocaína, clorhidrato de lidocaína, dimetisoquina hidrocloreto, dibucaína, clorhidrato de dibucaína, butamben picrato y clorhidrato de pramoxina. Una concentración ejemplar de anestésico local es aproximadamente del 0.025% al 5% en peso del total de la composición.

Los corticosteroides que pueden ser útiles en combinación con los polipéptidos, fagos y/o composiciones farmacéuticas de la invención incluyen betametasona, dipropionato, fluocinolona, actinida, valerato de betametasona, actinida de triamcinolona, propionato de clobetasol, desoximetasona, diflorasona diacetato, aminonida, flurandrenolida, valerato de hidrocortisona, butirato de hidrocortisona y desonida. Una concentración ejemplar de corticosteroide es aproximadamente del 0.01% al 1% en peso del total de la composición.

En ciertas formas de realizaciones, una formulación que comprende un bacteriófago y/o un polipéptido de la invención también contiene un 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 contiene además un tampón SM y 10 mM de MgCl₂. En otras formas de realizaciones aún, la formulación contiene además un tampón SM y aproximadamente un 20% o un 30% de etanol.

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

Las composiciones farmacéuticas de la invención pueden administrarse por inhalación, en forma de supositorio o óvulo, tópicamente (*e.g.*, en forma de loción, solución, crema, ungüento o polvo para espolvorear), de forma epidérmica o transdérmica *e.g.*, mediante el uso de un parche cutáneo), por vía oral (*e.g.*, como una tableta, que puede contener excipientes como almidón o lactosa), en forma de cápsula, óvulo, elixires, soluciones o suspensiones (cada uno de ellos opcionalmente con saborizantes, colorantes y/o excipientes), o pueden administrarse parenteralmente (*e.g.*, intravenosamente, intramuscularmente o subcutáneamente). Para la administración parenteral, las composiciones pueden ser mejor utilizadas en forma de una solución acuosa estéril que puede contener otras sustancias, por ejemplo, suficiente cantidad de sales o monosacáridos para hacer que la solución sea isotónica con la sangre. Para la administración bucal o sublingual, las composiciones pueden administrarse en forma de tabletas o pastillas que pueden formularse de manera convencional. En una forma de realización preferida, un bacteriófago y/o un polipéptido de la presente invención se administra tópicamente, ya sea como agente único o en combinación con otros tratamientos con antibióticos, según se describe en la presente memoria o según 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, los bacteriófagos y/o polipéptidos de la presente invención pueden combinarse con uno o una combinación de excipientes, que incluyen, entre otros, un líquido acuoso, un líquido a base de alcohol, un gel soluble en agua, una loción, una pomada, una base líquida no acuosa, una base de aceite mineral, una mezcla de aceite mineral y petrolato, lanolina, liposomas, excipientes proteicos como albúmina sérica o gelatina, celulosa en polvo, caramelo y sus combinaciones. Un modo tópico de administración puede incluir una aplicación mediante frotamiento, una pulverización, un parche de liberación controlada, una toallita absorbida en líquido y sus combinaciones. El bacteriófago y/o polipéptido de la invención puede aplicarse a un parche o vendaje directamente o en uno de los excipientes. Los parches pueden ser húmedos o secos, en los que el fago y/o polipéptido (e.g., un lisina) está en forma liofilizada en el parche. Los excipientes de las composiciones tópicas pueden comprender vehículos semisólidos y de tipo gel que incluyen un espesante polimérico, agua, conservantes, tensioactivos activos, o emulsionantes, antioxidantes, protectores solares y un sistema de solventes o solventes mixtos. La Patente de EE. UU. Nº 5,863,560 describe diversas combinaciones de excipientes que pueden ayudar a la exposición de la piel a un medicamento.

Para la administración intranasal o por inhalación, el bacteriófago y/o polipéptido de la invención se administra convenientemente en forma de inhalador de polvo seco o una presentación en aerosol desde un contenedor presurizado, bomba, pulverizador o nebulizador con el uso de un propulsor adecuado, e.g., diclorodifluorometano, triclorofluorometano, diclorotetrafluoroetano, un hidrofluoroalcano como 1,1,1,2-tetrafluoroetano (HFA 134A) o 1,1,1,2,3,3,3-heptafluoropropano (HFA 227EA), dióxido de carbono u otro gas adecuado. En el caso de un aerosol presurizado, la unidad de dosificación puede determinarse proporcionando una válvula para administrar una cantidad medida. El contenedor presurizado, la bomba, el pulverizador 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 puede contener además un lubricante, e.g. sorbitán trioleato. Cápsulas y cartuchos (hechos, por ejemplo, de gelatina) para su uso en un inhalador o insuflador pueden formularse para contener una mezcla en polvo del bacteriófago y/o polipéptido de la invención y una base en polvo adecuada como lactosa o almidón.

Para la administración en forma de supositorio o pessario, las composiciones terapéuticas pueden aplicarse tópicamente en forma de gel, hidrogel, loción, solución, crema, ungüento o polvo para espolvorear. Las composiciones de la invención también pueden administrarse por vía ocular. Para uso oftálmico, las composiciones de la invención pueden formularse como suspensiones micronizadas en solución salina isotónica estéril, ajustada a pH, o preferiblemente como soluciones en solución salina isotónica estéril ajustada a pH, opcionalmente en combinación con un conservante como el cloruro de benzalquonio. Alternativamente, pueden formularse en forma de ungüento, como vaselina.

Las dosis y concentraciones deseadas de las composiciones farmacéuticas de la presente invención pueden variar dependiendo del uso particular. La determinación de la dosis adecuada o la vía de administración está bien dentro de la habilidad de un especialista común. Los experimentos con animales pueden proporcionar una guía confiable para la determinación de dosis efectivas en terapia humana. El escalado entre especies de dosis efectivas puede ser realizado por alguien con habilidad ordinaria en la técnica siguiendo los principios descritos por Mordenti, J. y Chappell, W. "El uso del escalado entre especies en toxicocinética" en Toxicocinética y Desarrollo de Nuevos Medicamentos, Yacobi et al., Eds., Pergamon Press, Nueva York 1989, pp42-96.

6.2. USO TERAPÉUTICO

Los bacteriófagos y polipéptidos de la presente invención tienen actividad contra una pluralidad de cepas de *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*, como se describe en las FIGS. 3A-B, 6A-B, 9, 12, 15, 18, 21 y 23. Por lo tanto, las composiciones de la presente invención pueden ser utilizadas en métodos para prevenir y tratar infecciones asociadas con *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii* en humanos y animales. En otras formas de realizaciones, las composiciones de la presente invención pueden ser utilizadas para tratar infecciones asociadas con especies o cepas relacionadas de estas bacterias, incluyendo, pero no limitado a, *S. epidermidis*, *S. auricularis*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*, *S. hominis*, *S. saprophyticus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *Micrococcus luteus*, *Bacillus subtilis*, *B. pumilus*, *E. hirae* y/o una o más de las cepas de *A. baumannii*, e.g., una o más de las cepas descritas en la FIG. 24.

En formas de realizaciones específicas, 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 ave (e.g., pollo, pato, ganso)). En el contexto de la presente invención, "tratamiento" se refiere a tratamiento terapéutico y donde el objetivo es eliminar, reducir, disminuir la gravedad de, mejorar, ralentizar la progresión de o prevenir los síntomas o la causa subyacente (e.g., infección bacteriana) asociados con la condición patológica o trastorno. "Tratamiento" se refiere tanto a tratamiento terapéutico como a medidas profilácticas o preventivas, donde el objetivo es eliminar, reducir, disminuir la gravedad de, ralentizar la progresión de o retrasar o prevenir los síntomas o la causa

subyacente (e.g., infección bacteriana) asociados 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 el inicio de infección causada por una o más bacterias.

5 *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y *S. aureus* son responsables de muchas infecciones oportunistas graves, especialmente en individuos con sistemas inmunológicos comprometidos. Se contempla que las composiciones farmacéuticas de la presente invención sean para tratar cualquier infección asociada con *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* 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 de piel, llagas por presión y úlceras del pie diabético), infecciones en y alrededor de heridas, infecciones postoperatorias, infecciones asociadas con catéteres y drenajes quirúrgicos e infecciones de la sangre.

15 *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *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 tengan un 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, infecciones asociadas con diálisis peritoneal ambulatoria continua (CAPD), bacteriuria asociada a catéter, y meningitis nosocomial.

25 En una forma de realización preferida, un bacteriófago y/o polipéptido de la invención se utiliza profilácticamente en un entorno hospitalario, particularmente para prevenir infecciones asociadas con heridas, úlceras y aberturas en la piel debido a cateterización, y cualquier otro procedimiento médico o dispositivos.

30 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 *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* 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, incluyendo otros bacteriófagos (por ejemplo, que se dirigen a una especie o cepa diferente de bacteria) o con antibióticos que se dirigen a los mismos o diferentes tipos de bacterias, incluidas bacterias seleccionadas de cualquier bacteria gram-positiva, cualquier bacteria gram-negativa, y cualquier otro grupo de bacterias que no esté clasificado como gram-positiva o gram-negativa. Las composiciones de la invención también pueden ser utilizadas en combinación con cualquier otro medio de tratamiento de infección bacteriana conocido para alguien con habilidad en la técnica.

35 También se contempla por la invención métodos para prevenir y métodos para tratar una infección causada por bacterias incluyendo, pero no limitado a, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*, comprendiendo administrar a un mamífero que lo necesita una composición que comprende una lisina que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:184, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:203, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:575, SEQ ID NO:641, I.D. NO:712, y/o SEQ ID NO:797, o un su fragmento, variante o derivado, donde el fragmento, variante o derivado muestra actividad antibacteriana o antimicrobiana contra las especies de bacterias de las cuales se aisló el bacteriófago parenteral. Se describe aquí sin ser parte de la invención métodos para prevenir o tratar una infección causada por una bacteria incluyendo, pero no limitado a, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*, comprendiendo administrar a un mamífero que lo necesita una composición que comprende 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., lisis celular). Se describe aquí (sin ser parte de la invención) que el dominio CHAP aislado comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:755, SEQ ID NO:756, SEQ ID NO:757, SEQ ID NO:758 o SEQ ID NO:759. Se describe aquí (sin ser parte de la invención) métodos para prevenir y tratar una infección causada por bacterias incluyendo, pero no limitado a, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*, comprendiendo administrar a un mamífero que lo necesita una composición que comprende una proteína de medida de cinta de cola o proteína de cola que comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:204, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:435, SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:525, SEQ ID NO:526, SEQ ID NO:527, SEQ ID NO:528, SEQ ID NO:529, SEQ ID NO:530, SEQ ID NO:531, SEQ ID NO:532, SEQ ID NO:533, SEQ ID NO:534, SEQ ID NO:535, SEQ ID NO:536, SEQ ID NO:537, SEQ ID NO:538, SEQ ID NO:539, SEQ ID NO:567, SEQ ID NO:568, SEQ ID NO:632, SEQ ID NO:633, SEQ ID NO:700, SEQ ID NO:701, SEQ ID NO:702, SEQ ID NO:703, SEQ ID NO:704 y/o SEQ ID NO:795, o un su fragmento, variante o derivado, donde el fragmento, variante o derivado muestra una actividad biológica asociada con el bacteriófago parental. En otras formas de realizaciones, la invención proporciona métodos para prevenir y tratar una infección causada por bacterias incluyendo, pero no limitado a, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y/o *A. baumannii*, comprendiendo administrar a un mamífero que lo necesita una composición que comprende un bacteriófago que tiene 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:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7 y/o SEQ ID

NO:760. Combinaciones de las lisinas (o sus fragmentos, variantes o derivados como se describió anteriormente) y de proteínas de medida de cinta de cola o proteínas de cola (o sus fragmentos, variantes o derivados como se describió anteriormente), opcionalmente con uno o más bacteriófagos de la invención o con otros tratamientos, como antibióticos, también se contemplan, así como métodos de tratamiento y métodos de prevención de una infección bacteriana utilizando una o más de las combinaciones aquí descritas.

Tal 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 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), simultáneamente con, o posteriormente 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 con una enfermedad o trastorno.

6.3 USO COMO DESINFECTANTE Y ANTIINFECCIOSO

Los patógenos bacterianos a menudo infectan en un sitio de membrana mucosa (e.g., respiratorio superior e inferior, intestinal, urogenital y ocular). Las membranas mucosas mismas a menudo son el reservorio, a veces el único reservorio, para muchas bacterias patógenas encontradas en el ambiente (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 mostrado que al reducir o eliminar este reservorio en entornos como hospitales y residencias de ancianos, la incidencia de infecciones por estas bacterias se reducirá notablemente.

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. *E. faecalis*, *E. faecium*, *S. aureus*), bacterias Gram-negativas (e.g., *P. aeruginosa*, *A. baumannii*) o bacterias no clasificadas como Gram-positivas o Gram-negativas), con el objetivo de prevenir o reducir la incidencia de infecciones graves. Además de su uso en composiciones para aplicación en membranas mucosas, un bacteriófago y/o polipéptido de la presente incorporación también puede ser incorporado en formulaciones tales 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 salud y/o pacientes) y otras superficies sólidas (e.g., electrodomésticos, encimeras y, en particular, equipo hospitalario).

6.4. MÉTODOS DIAGNÓSTICOS

La presente invención también abarca métodos diagnósticos para determinar el agente causante en una infección bacteriana. En ciertas formas de realizaciones, el diagnóstico del agente causante en una presentación de infección bacteriana se realiza mediante (i) el cultivo de muestras de tejido, sangre o fluido de un paciente según técnicas estándar, (ii) poniendo en contacto el cultivo con uno o más bacteriófagos y/o polipéptidos de la invención y (iii) monitoreando el crecimiento celular y la evidencia de lisis después de dicho contacto. Dado 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 para 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 bacterias infecciosas. Por ejemplo, un crecimiento reducido de cultivos de prueba después de poner en contacto con un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO:2, o con un su producto polipeptídico aislado, puede indicar que la muestra de prueba comprende *E. faecalis* o *E. faecium*. De manera similar, un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:3, o un su producto polipeptídico aislado, puede usarse para identificar una infección por *P. aeruginosa*; un bacteriófago que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:760, o un su producto polipeptídico aislado, puede usarse para identificar una infección por *A. baumannii*, mientras que aquel que tiene un genoma que comprende o consiste en la secuencia de ácido nucleico SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6 o SEQ ID NO:7, o un su producto polipeptídico aislado, puede usarse para identificar una infección por *S. aureus*.

6.5. VARIANTES DE AMINOÁCIDOS

Las variantes de secuencia de aminoácidos de los polipéptidos de la invención pueden crearse de manera que sean variantes de sustitución, inserción o eliminación. Las variantes de eliminación carecen de uno o más residuos

de la proteína nativa que no son esenciales para su función (*e.g.*, actividad antimicrobiana o antibacteriana). Los mutantes por inserción generalmente involucran la adición de material en un punto no terminal del polipéptido. Las variantes por sustitución generalmente contienen el intercambio de un aminoácido por otro en uno o más sitios dentro de la proteína y pueden estar diseñadas para modular una o más propiedades del polipéptido, como la estabilidad frente a la escisión proteolítica, sin la pérdida de otras funciones o propiedades. Preferiblemente las sustituciones de este tipo son conservadoras, es decir, un aminoácido es reemplazado por otro de forma y carga similares. Las sustituciones conservadoras son bien conocidas en la técnica e incluyen, por ejemplo, los 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 la proteína lisina particular descrita aquí, se puede emplear mutagénesis puntual para identificar con particularidad qué residuos de aminoácidos son importantes en las actividades antibacterianas. Por lo tanto, una persona con habilidad en la técnica podrá generar cambios de una sola base en la cadena de DNA, resultando en un codón alterado y una mutación sin sentido.

Preferiblemente, la mutación de los aminoácidos de una proteína crea una molécula de segunda generación equivalente o incluso mejorada. Por ejemplo, ciertos aminoácidos pueden ser sustituidos por otros aminoácidos en una estructura proteica sin pérdida detectable de función (*e.g.*, actividad antibacteriana o antimicrobiana). Al hacer tales cambios, se puede considerar el índice hidropático de los aminoácidos. La importancia del índice de aminoácidos hidropáticos al conferir función biológica interactiva a una proteína es generalmente entendida en la técnica. Se acepta que el carácter hidropático relativo del aminoácido contribuye a la estructura secundaria de la proteína resultante, lo que a su vez define la interacción de la proteína con otras moléculas, por ejemplo, interacción con un peptidoglicano dentro de la capa externa de una bacteria gram-positiva. A cada aminoácido se le ha asignado un índice hidropático en función de su hidrofobicidad y características de 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 comprende en la técnica que la sustitución de aminoácidos similares se puede realizar eficazmente en función de la hidrofiliidad. Al igual que la hidrofobicidad, se han asignado valores de hidrofiliidad a cada aminoácido: arginina (+3.0); lisina (+3.0); aspartato (+3.0 $\pm$ 1); glutamato (+3.0 $\pm$ 1); serina (+0.3); asparagina (+0.2); glutamina (+0.2); glicina (0); treonina (-0.4); prolina (-0.5 $\pm$ 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). Se pueden obtener moléculas equivalentes sustituyendo un aminoácido por otro cuando sus índices de hidrofiliidad están dentro de ± 2 , preferiblemente ± 1 , o más preferiblemente ± 0.5 entre sí. Se describe aquí (sin formar parte de la invención) péptidos aislados que comprenden 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más modificaciones de aminoácidos (*e.g.*, inserción, sustitución, eliminación, etc.) en relación con una secuencia de aminoácidos revelada aquí. Se describe aquí (sin formar parte de la invención) que las mutación(es) se realizan de tal manera que se retiene la actividad biológica del polipéptido en particular. Por ejemplo, la presente invención abarca polipéptidos aislados de bacteriófagos FI245/05, FI68/08, FI 70/08, F770/05, FI97/08, F86/06, F87s/06 y/o F91a/06, que están mutados para comprender 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 o más modificaciones de aminoácidos en relación con una secuencia de aminoácidos mencionada aquí, y que muestran actividad antibacteriana contra una o más especies o cepas de bacterias Gram-positivas o Gram-negativas, *e.g.*, *A. baumannii*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* y/o *S. aureus*. Se describe aquí (sin formar parte de la invención) que los polipéptidos derivados de FI68/08 o F170/08 muestran actividad antibacteriana o antimicrobiana, *e.g.*, actividad lítica, contra al menos *E. faecalis* y/o *E. faecium*; aquellos derivados de F770/05 contra al menos *P. aeruginosa*; aquellos derivados de FI97/08, F86/06, F87s/06 o F91a/06 contra al menos *S. aureus*; y aquellos derivados de FI245/05 contra al menos *A. baumannii*.

6.6. POLINUCLEÓTIDOS QUE CODIFICAN POLIPÉPTIDOS DE LA INVENCION

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 hibridación de alta rigidez, intermedia o de baja rigidez, *e.g.*, como se define *supra*, a 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 determinarse, por cualquier método conocido en la técnica. Por ejemplo, un polinucleótido que codifica un polipéptido de la invención

puede generarse a partir de ácido nucleico de una fuente adecuada (*e.g.*, bacteriófago FI245/05, FI68/08, FI 70/08, F770/05, FI97/08, FI97/08, F86/06, F87s/06 o F91a/06). Las secuencias de nucleótidos pueden aislarse de genomas de fagos mediante métodos rutinarios conocidos en la técnica (véase, *e.g.*, Carlson, "Trabajando con bacteriófagos: técnicas comunes y enfoques metodológicos", *In*, Kutter y Sulakvelidze (Eds) Bacteriófagos: Biología y Aplicaciones, 5ta 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, se puede sintetizar químicamente un ácido nucleico que codifique el polipéptido y clonarlo en vectores de clonación replicables utilizando cualquier método bien conocido en la técnica.

Una vez determinada la secuencia de nucleótidos del polipéptido de la invención, la secuencia de nucleótidos del polipéptido puede ser manipulada utilizando métodos bien conocidos en la técnica para la manipulación de secuencias de nucleótidos, *e.g.*, técnicas de DNA recombinante, mutagénesis dirigida por sitio, PCR, etc. (véase, por ejemplo, las técnicas descritas en Sambrook et al., 1990, Clonación Molecular, Un Manual de Laboratorio, 2da Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY y Ausubel *et al.*, eds., 1998, Protocolos Actuales en Biología Molecular, John Wiley & Sons, NY), para generar polipéptidos con una secuencia de aminoácidos diferente, por ejemplo, para crear sustituciones, delecciones y/o inserciones de aminoácidos.

En otra forma de realización de la invención, se proporcionan las siguientes secuencias nucleotídicas: la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 1 hasta el nucleótido 85 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 87 hasta el nucleótido 584 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 594 hasta el nucleótido 767 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 724 hasta el nucleótido 1035 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 1005 hasta el nucleótido 1823 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 1816 hasta el nucleótido 2130 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 2132 hasta el nucleótido 2383 de SEQ ID NO:760; la secuencia nucleotídica desde el nucleótido 2383 hasta el nucleótido 3690 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 3687 hasta el 4469 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 4466 hasta el 5458 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 5632 hasta el 7956 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 8010 hasta el 8912 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 8915 hasta el 9262 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 9252 hasta el 10223 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 10213 hasta el 10782 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 10769 hasta el 11218 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 11202 hasta el 11420 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 11413 hasta el 12342 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 12339 hasta el 12515 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 12512 hasta el 13165 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 13170 hasta el 15599 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 15609 hasta el 15872 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 15979 hasta el 16173 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 16175 hasta el 16482 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 16494 hasta el 18059 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 18072 hasta el 18815 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 18857 hasta el 19879 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 19930 hasta el 20178 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 20180 hasta el 20545 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 20646 hasta el 21203 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 21212 hasta el 23506 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 23506 hasta el 24186 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 24201 hasta el 27068 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 27084 hasta el 30212 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 30214 hasta el 32505 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 32515 hasta el 32880 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 32873 hasta el 33460 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 33460 hasta el 33816 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 33825 hasta el 35777 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 35774 hasta el 35872 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 35869 hasta el 36027 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 36038 hasta el 36193 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 36916 hasta el 36788 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 37209 hasta el 37427 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 37868 hasta el 38386 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 38383 hasta el 38586 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 38912 hasta el 39406 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 39406 hasta el 39915 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 39917 hasta el 40021 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 40018 hasta el 40101 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 40101 hasta el 40670 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 40720 hasta el 41838 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 41822 hasta el 42127 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 42105 hasta el 42308 de SEQ ID NO:760; la secuencia de nucleótidos desde el nucleótido 42382 hasta el 42912 de SEQ ID NO:760; y la secuencia de nucleótidos desde

el nucleótido 42896 hasta el 43015 de SEQ ID NO:760.

6.7 EXPRESIÓN RECOMBINANTE DE MOLÉCULAS DE LA INVENCION

- 5 Una vez obtenida 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 DNA recombinante utilizando técnicas bien conocidas en el campo. Métodos que son bien conocidos para aquellos expertos en la materia pueden ser utilizados para construir vectores de expresión que contienen las secuencias codificantes para las moléculas de la invención y señales apropiadas de control transcripcional y traduccional. Estos métodos
- 10 incluyen, por ejemplo, técnicas *in vitro* de DNA recombinante, técnicas sintéticas y recombinación genética *in vivo*. (Véase, por ejemplo, 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, Protocolos Actuales en Biología Molecular, John Wiley & Sons, NY).
- 15 La presente invención proporciona vectores de expresión que codifican los polipéptidos de la invención. Un vector de expresión que comprende la secuencia nucleotídica de una molécula identificada por los métodos de la invención puede ser transferido a una célula huésped mediante técnicas convencionales (e.g., electroforación, transfección liposomal y precipitación de fosfato de calcio) y las células transfectadas se cultivan entonces mediante técnicas convencionales para producir las moléculas de la invención. Se describe aquí (sin ser parte de
- 20 la invención) que, la célula huésped es distinta de la especie de la bacteria progenitora de la cual se derivó el bacteriófago que comprende la secuencia. Se describe aquí que, la expresión de las moléculas de la invención está regulada por un promotor constitutivo, uno inducible o uno específico de tejido. Se describe aquí (sin ser parte de la invención) que el vector de expresión es pQE-30 (Qiagen) o pET-29(a) (Novagen).
- 25 Las células huésped utilizadas para expresar las moléculas identificadas por los métodos de la invención pueden ser células bacterianas (no susceptibles a la proteína del bacteriófago o su fragmento de la invención) como *Escherichia coli*. 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 codificantes de las
- 30 moléculas de la invención, pero también representan células que, cuando se transforman o transfectan con las secuencias codificantes de nucleótidos apropiados, expresan las moléculas de la invención *in situ*. Estos incluyen, pero no se limitan a, microorganismos como bacterias que no son susceptibles a la proteína del bacteriófago o su fragmento de la invención (e.g., *E. coli* y *B. subtilis*) transformados con DNA de bacteriófago recombinante, DNA plasmídico o vectores de expresión de DNA cósmido que contienen secuencias codificantes para las moléculas
- 35 identificadas por los métodos de la invención; levaduras (e.g., *Saccharomyces Pichia*) transformadas con vectores de expresión de levadura recombinantes que contienen secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; sistemas de células de insecto infectadas con vectores de expresión de virus recombinantes (por ejemplo, baculovirus) que contienen las secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; sistemas de células vegetales infectadas con vectores de expresión de virus recombinantes (por ejemplo, virus del mosaico de la coliflor (CaMV) y virus del mosaico del tabaco (TMV)) o
- 40 transformadas con vectores de expresión plasmídicos recombinantes (e.g., plásmido Ti) que contienen secuencias que codifican las moléculas identificadas por los métodos de la invención; o sistemas de células mamíferas (e.g., COS, CHO, BHK, 293, 293T, 3T3, células linfáticas (véase U.S. 5,807,715), células Per C.6 (células retinianas humanas desarrolladas por Crucell) que albergan construcciones de expresión recombinante que contienen
- 45 promotores derivados del genoma de células mamíferas (e.g., promotor de metalotioneína) o de virus mamíferos (e.g., el promotor tardío del adenovirus; el promotor 7.5K del virus de la viruela).

En sistemas bacterianos no susceptibles a la proteína del bacteriófago o fragmento de la invención, se pueden seleccionar ventajosamente una serie de vectores de expresión dependiendo del uso previsto para la molécula

50 que se expresa. Por ejemplo, cuando se va a 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 se purifican fácilmente. Tales vectores incluyen, pero no se limitan a, el vector de expresión de *E. coli* pUR278 (Ruther *et al.*, 1983, EMBO J. 2:1791), en el cual la secuencia proteica puede ser ligada individualmente en el vector en marco con la región codificante de *lac Z* para que se produzca

55 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. Los vectores pGEX también pueden ser utilizados para expresar polipéptidos extranjeros como proteínas de fusión con la glutatión S-transferasa (GST). En general, estas proteínas de fusión son solubles y pueden ser fácilmente purificadas por adsorción y unión a una matriz de cuentas de glutatión-agarosa seguido de elución en presencia de glutatión libre. Los vectores pGEX

60 están diseñados para incluir sitios de escisión de proteasa trombina o factor Xa, de modo que el producto del gen objetivo clonado puede ser liberado de la porción GST.

En un sistema de insectos, el virus polihedrosis nuclear de *Autographa californica* (AcNPV) se utiliza como vector

para expresar genes extranjeros. El virus crece en células de *Spodoptera frugiperda*. La secuencia de codificación de polipéptidos puede ser clonada individualmente en regiones no esenciales (*e.g.*, el gen polihedrina) del virus y colocada bajo el control de un promotor de AcNPV (*e.g.*, el promotor polihedrina).

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

Ciertas modificaciones y mejoras ocurrirán a aquellos expertos en la técnica tras leer la descripción anterior. Debe entenderse que todas esas modificaciones y mejoras han sido omitidas aquí por el bien de la concisión y legibilidad, pero se encuentran adecuadamente dentro del alcance de las siguientes reivindicaciones.

7. EJEMPLOS

Se entiende que los siguientes ejemplos y modalidades descritos aquí son solo con fines ilustrativos y que diversas modificaciones o cambios a la luz de estos serán sugeridos para personas expertas en la técnica y están incluidos dentro del alcance de las reivindicaciones adjuntas.

A menos que se indique lo contrario, los bacteriófagos de la invención fueron aislados, procesados y analizados de acuerdo con los siguientes métodos.

7.1. MÉTODOS

7.1.1. PURIFICACIÓN DEL BACTERIÓFAGO.

Las preparaciones de stock de bacteriófagos aislados de muestras clínicas se prepararon según los protocolos descritos en Carlson, "Trabajando con bacteriófagos: técnicas comunes y enfoques metodológicos", *In*, Kutter y Sulakvelidze (Eds) Bacteriófagos: Biología y Aplicaciones, 5ª ed. CRC Press (2005).

Las preparaciones de stock de bacteriófagos fueron concentradas por precipitación con PEG según el protocolo descrito por Carlson y Yamamoto et al., 2004, *PNAS* 101:6415-6420. Breve y a grandes rasgos, la preparación de stock fue incubada en 1 M NaCl durante una hora a 4°C con agitación. A continuación, se añadió gradualmente PEG 8000 (AppliChem, Cheshire, MA) hasta una concentración final del 10% (w/v). La composición fue entonces incubada durante la noche a 4°C. Después del período de incubación, la composición fue centrifugada a 10,000 x g durante 30 minutos a 4°C. El sedimento fue luego resuspendido en tampón SM (0.05 M Tris-HCL a pH 7.4, 0.1 M NaCl, 10 mM MgSO₄) con gelatina al 1% w/v y centrifugado nuevamente a 1,000 rpm a 4°C durante 10 minutos. El sobrenadante que contenía el fago suspendido fue guardado para su posterior purificación. El sobrenadante fue purificado usando un gradiente de CsCl según los métodos descritos en Carlson.

El CsCl fue eliminado del stock de bacteriófago purificado y concentrado por diálisis. Una membrana de diálisis, Cellu.Sep HI High Grade Regenerated Cellulose Tubular Membrane (Cellu.Sep, River Street, USA), fue preparada de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La diálisis consistió en una primera incubación de 30 minutos en 100 mM Tris-HCl y 3 M NaCl (pH 7.4) a 4°C. Esto fue seguido por una segunda incubación de 30 minutos en 100 mM Tris-HCl y 0.3 M NaCl (pH 7.4) a 4°C. Después de la diálisis, el bacteriófago suspendido fue retirado del interior de la bolsa de diálisis y almacenado a 4°C.

7.1.2. EXTRACCIÓN DE DNA DEL BACTERIÓFAGO

A 5 ml de las muestras de bacteriófago purificadas y concentradas se añadió EDTA a 20 mM con pH 8.0, SDS al 0.5% (p/v) y Proteinasa K a una concentración final de 40 µg/ml. La mezcla se incubó a 56° C durante una hora. Se realizaron extracciones sucesivas en fenol:cloroformo:alcohol en proporciones de 25:24:1, hasta que la interfaz entre las fases acuosa y orgánica estuvo clara. La fase acuosa se trató luego con un volumen igual de cloroformo y se centrifugó a 13,000 x g durante 10 minutos a 4°C. Nuevamente se extrajo la fase acuosa, y el DNA se precipitó añadiendo dos volúmenes de etanol absoluto e incubando durante treinta minutos a -20°C. Las muestras se centrifugaron luego a 11,000 x g durante 30 minutos a 4°C. El pellet se lavó con etanol al 70% a temperatura ambiente y se resuspendió en 50 µl de agua ultra-pura (Gibco, California). La concentración de DNA se determinó midiendo la absorbancia a 260 nm en un espectrofotómetro ND-1 000. La integridad del DNA del bacteriófago aislado se analizó mediante electroforesis en un gel de agarosa al 1%.

7.1.3. ANÁLISIS DE GENOMAS DE BACTERIOFAGOS

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

7.2. EJEMPLO 1: Bacteriófago F168/08

Comparación de los ORFs putativos del genoma del bacteriófago F168/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos de NCBI reveló que solo pequeñas porciones del genoma ($\leq 1\%$) mostraron homología con secuencias conocidas. Los ORFs de F168/08, 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 de NCBI. Los dominios conservados de proteínas se predijeron usando 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 proteína(s) se indican con el mismo número añadido de una letra minúscula, en la FIG. 2. La identificación de genes putativos de RNA de transferencia (tRNA) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. *Nucleic Acids Res.*, 25: 955-964).

Las FIGS. 3A-B muestran los resultados de pruebas de punto que evaluaron la actividad del bacteriófago F168/08 contra 105 cepas de *Enterococcus faecalis* (A) y 56 cepas de *Enterococcus faecium* (B) aisladas de muestras clínicas. Cada punto consistió en 5 μ l de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que varía desde halos de lisis turbio (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

7.3. EJEMPLO 2: Bacteriófago F170/08

Comparación de los ORFs putativos del genoma del bacteriófago F170/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos NCBI reveló que aproximadamente el 94% de su genoma era altamente similar al del fago de *Enterococcus* EF24C, con identidades de ORF individuales que varían del 80 al 100%. Los ORFs F170/08, sus secuencias de aminoácidos codificadas y proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 5. 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 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) están indicados con el mismo número añadido de una letra minúscula, en la FIG. 5. La identificación de genes de RNA de transferencia putativos (tRNA) se llevó a cabo utilizando el programa tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. *Nucleic Acids Res.*, 25: 955-964).

Las FIGS. 6A-B proporcionan los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron la actividad del bacteriófago F170/08 contra 105 cepas de *Enterococcus faecalis* (A) y 56 cepas de *Enterococcus faecium* (B) aisladas de muestras clínicas. Cada mancha consistió en 5 μ l de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que varía de turbio (+) a halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

7.4. EJEMPLO 3: Bacteriófago F770/05

La comparación de los ORFs putativos del genoma del bacteriófago F770/05 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos de NCBI reveló que solo pequeñas porciones del genoma ($\leq 1\%$) mostraron homología con secuencias conocidas. Los ORFs de F770/05, sus secuencias de aminoácidos codificados y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 8. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. *Nucleic Acids Res.*, 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. *DNA Res.*, 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se 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 de NCBI. Los dominios conservados de proteínas se predijeron utilizando el BLAST especializado de NCBI (Marchler-Bauer, A et al., 2007.

Nucleic Acids Res. 35: 237-240).

La FIG. 9 muestra los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron la actividad del bacteriófago F170/05 contra 100 cepas de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas de muestras clínicas. Cada mancha consistió en 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que varía desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

7.5. EJEMPLO 4: Bacteriófago F197/08

La comparación de los ORFs putativos del genoma del bacteriófago FI 97/08 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos de NCBI reveló que el genoma era altamente homólogo con múltiples genomas de bacteriófagos estafilococos. En particular, aproximadamente el 90% del genoma de FI 97/08 es altamente similar al del bacteriófago *Staphylococcus phi*SauS-IPLA35, con identidades de ORF individuales que van desde el 80 al 98%. Los ORFs de F197/08, sus secuencias de aminoácidos codificados y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 11. 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 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 de NCBI. Los dominios conservados de proteínas se predijeron utilizando el 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 proteína(s) se indican con el mismo número seguido de una letra minúscula, en la FIG. 11.

La FIG. 12 muestra los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron la actividad del bacteriófago F197/08 contra 100 cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de muestras clínicas. Cada mancha consistió en 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que varía desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

7.6. EJEMPLO 5: Bacteriófago F86/06

La comparación de los ORFs putativos del genoma del bacteriófago F86/06 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos de NCBI reveló que el genoma era altamente homólogo con múltiples genomas de bacteriófagos estafilococos. En particular, aproximadamente el 80% del genoma de F86/06 es altamente similar al del bacteriófago *Staphylococcus tp3l* 0-1, con identidades de ORF individuales que van desde el 85 al 100%. Los ORFs de F86/06, sus secuencias de aminoácidos codificados y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 14. La predicción de *orfs* se realizó mediante la integración de los resultados obtenidos con los programas GeneMark.hmm y MetaGeneAnnotator (Besemer, J. y Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Las búsquedas de homología de proteínas se 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 de NCBI. Los dominios conservados de proteínas se predijeron utilizando el BLAST especializado de NCBI (Marchler-Bauer, A et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240).

La FIG. 15 muestra los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron la actividad del bacteriófago F86/06 contra 100 cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de muestras clínicas. Cada mancha consistió en 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que varía desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

7.7. EJEMPLO 6: Bacteriófago F87s/06

La comparación de los posibles ORF del genoma del bacteriófago F87s/06 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que el genoma era altamente homólogo con múltiples genomas de bacteriófagos estafilococos. En particular, alrededor del 82% del genoma de F87s/06 es altamente similar al del bacteriófago *Staphylococcus* <I>NM3, con identidades de ORF individuales que van desde el 90 hasta el 100%. Los ORFs de F86/06, sus secuencias de aminoácidos codificadas y las proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 17. 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 se predijeron utilizando el BLAST especializado de 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 acompañado de una letra minúscula en la FIG. 17.

La FIG. 18 muestra los resultados de las pruebas de mancha que evaluaron la actividad del bacteriófago F87s/06 contra 100 cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de muestras clínicas. Cada mancha consistía en 5 µl de suspensión de bacteriófago con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que varía desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fago se indica como (-).

7.8. EJEMPLO 7: Bacteriófago F91a/06

La comparación de los posibles ORF del genoma del bacteriófago F91a/06 con las secuencias en la base de datos de nucleótidos del NCBI reveló que el genoma era altamente homólogo con múltiples genomas de bacteriófagos estafilocócicos. En particular, alrededor del 82% del genoma de F91a/06 es altamente similar al del bacteriófago *Staphylococcus* ΘNM3, con identidades individuales de ORF que oscilan entre el 86 y el 99%. Los posibles ORF de F91a/06, sus secuencias de aminoácidos codificadas y proteínas homólogas conocidas se proporcionan en la FIG. 20. La predicción de los *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 las proteínas se predijeron utilizando BLAST especializado del NCBI (Marchler-Bauer, A et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). Los *orfs* cuyos productos presentaron homología con las mismas proteínas se indican con el mismo número acompañado de una letra minúscula, en la FIG. 20.

La FIG. 21 muestra los resultados de pruebas de puntos que evaluaron la actividad del bacteriófago F91a/06 contra 100 cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de muestras clínicas. Cada punto consistió en 5 µl de suspensión de bacteriófagos con los títulos indicados, preparados a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que va desde turbia (+) hasta halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fagos se indica como (-).

7.9. EJEMPLO 8: Bacteriófago F1245/05

Los ORF de F1245/05, sus secuencias de aminoácidos codificados y proteínas homólogas conocidas se proporcionan en las FIGS. 23A-IO. 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. Se predijeron los dominios conservados de las proteínas utilizando el BLAST especializado del NCBI (Marchler Bauer, A et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). La función de las proteínas se predijo en función de la localización en el genoma del gen correspondiente y de la presencia de dominios transmembranales putativos del producto codificado (servidor TMHMM v. 2.0; Krogh, A et al., 2001. J. Mol. Biol., 305: 567-580).

Las FIGS. 24 A-E proporcionan los resultados de pruebas de manchas que evaluaron la actividad del bacteriófago F1245/05 contra 100 cepas de *Acinetobacter baumannii* aisladas de muestras clínicas. Cada mancha consistía en 5 µl de suspensión de bacteriófago con las concentraciones indicadas, preparadas a partir de un lisado purificado con CsCl. La sensibilidad al fago se representa en una escala que va de turbia (+) a halos de lisis claros (++++). La resistencia a la infección por fagos se indica como (-).

REIVINDICACIONES

1. Bacteriófago purificado que tiene un genoma que comprende al menos un 99% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO:760, y que tiene actividad antibacteriana contra una o más cepas de *Acinetobacter baumannii*.
2. Composición farmacéutica que comprende el bacteriófago de acuerdo con la reivindicación 1 y un vehículo farmacéuticamente aceptable.
3. Composición farmacéutica de acuerdo con la reivindicación 2, que comprende el bacteriófago cuyo genoma comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO:760.
4. Composición farmacéutica de acuerdo con la reivindicación 2 o 3, que además comprende uno o más bacteriófagos adicionales efectivos contra *Acinetobacter baumannii*.
5. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su uso en el tratamiento o la reducción de la incidencia de una infección bacteriana en un sujeto que lo necesite, en donde dicha infección bacteriana es una infección por *Acinetobacter baumannii*.
6. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su uso de acuerdo con la reivindicación 5, en donde la infección es una infección nosocomial.
7. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su uso de acuerdo con la reivindicación 5, en donde la composición farmacéutica se administra tópicamente.
8. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su empleo de acuerdo con la reivindicación 5, en donde el sujeto es un mamífero, preferentemente un humano.
9. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su empleo de acuerdo con la reivindicación 5, en donde la infección es una infección de la piel, preferiblemente en donde dicha infección de la piel es una infección asociada con una úlcera de pie diabético.
10. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su empleo de acuerdo con la reivindicación 9, en donde la composición farmacéutica se administra tópicamente.
11. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su empleo de acuerdo con la reivindicación 5, en donde la infección es una infección del tracto respiratorio.
12. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su empleo de acuerdo con la reivindicación 11, en donde la composición farmacéutica se administra por inhalación, preferiblemente mediante el uso de una bomba, un aerosol o un nebulizador; y/o preferiblemente en donde la composición farmacéutica para la administración por inhalación comprende un inhalador de polvo seco o un aerosol en spray.
13. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su uso según la reivindicación 5, en donde la infección es una infección del tracto urinario.
14. Composición farmacéutica de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, para su uso según la reivindicación 5, en donde dicha composición farmacéutica comprende además al menos uno de:
 - (i) un antibiótico contra *Acinetobacter baumannii*; y
 - (ii) un bacteriófago adicional conocido por tener actividad antibacteriana contra *Acinetobacter baumannii*.
15. Método para diagnosticar el agente causal 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) supervisar la evidencia de crecimiento o lisis del cultivo; donde la evidencia de lisis del cultivo indica que el cultivo comprende una cepa de bacterias *Acinetobacter baumannii* susceptible al bacteriófago o proteína utilizados en el paso (ii).
16. Método de acuerdo con la reivindicación 15, en el que la muestra es una muestra de sangre, orina, esputo, fluido, tejido o frotis recogido del paciente.

17. Método in vitro para reducir o inhibir la colonización o el crecimiento de una o más cepas de *Acinetobacter baumannii* en una superficie sólida, que comprende poner en contacto dicha superficie sólida con el bacteriófago de acuerdo con la reivindicación 1.

5 18. Método de acuerdo con la reivindicación 17, en el cual dicha superficie es la superficie de un aparato hospitalario o un equipo hospitalario, preferiblemente en donde dicho aparato o equipo es un aparato quirúrgico o un equipo quirúrgico.

10 19. Bacteriófago de acuerdo con la reivindicación 1, para su uso en reducir o inhibir la colonización de una o más cepas de *Acinetobacter baumannii* en superficies corporales.

20. Bacteriófago de acuerdo con la reivindicación 1, para su uso de acuerdo con la reivindicación 19, en el que dicha superficie corporal es la piel, o una membrana mucosa de un mamífero, preferiblemente de un ser humano.

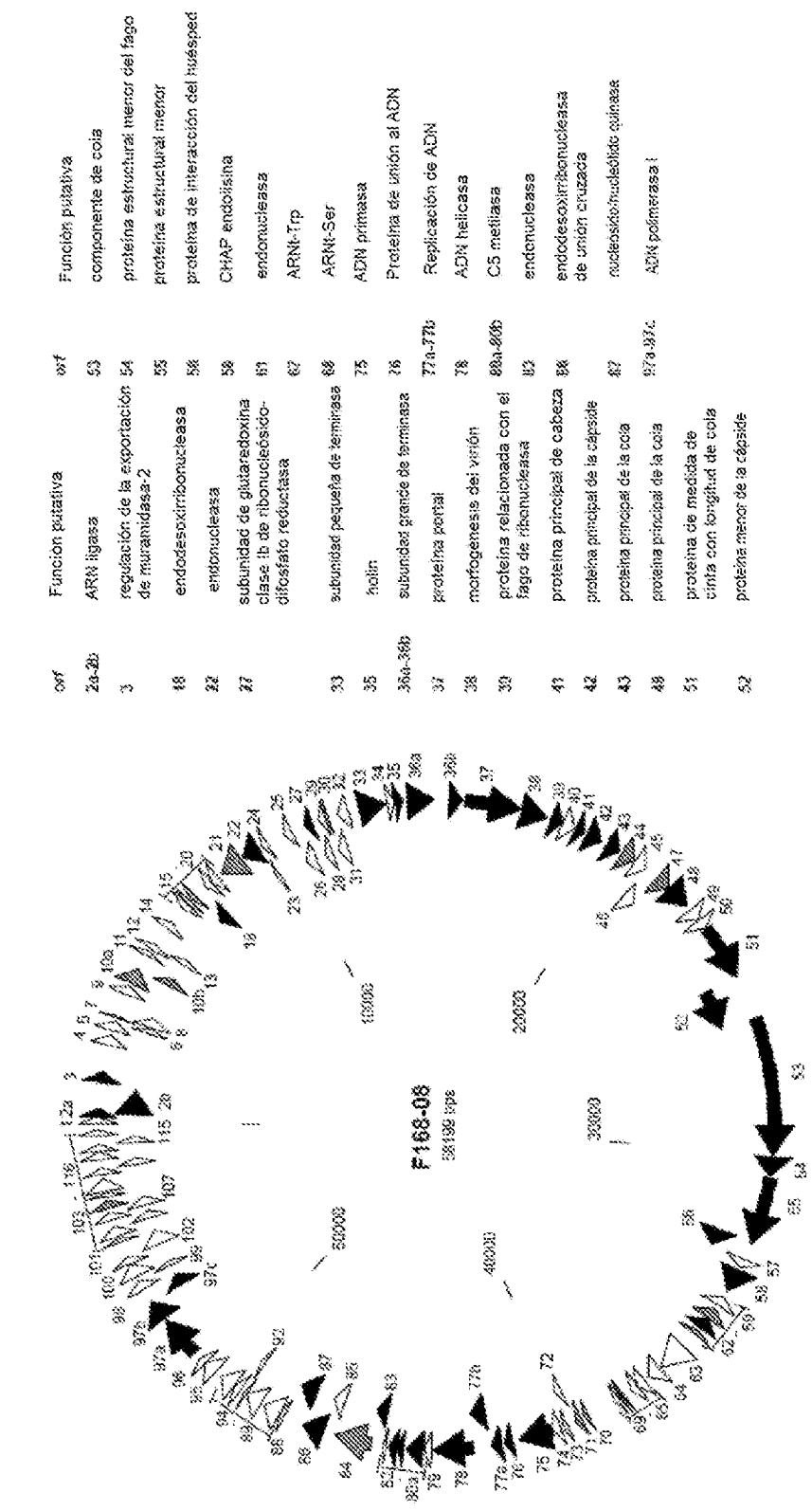


FIG. 1

orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	<1	207	WTSFFHNVGYDEPLSKEVLTAY HLKEIDNLNPEHKKVFTLS AIEYSTVEQALKTKTNYVEGI (SEQ ID NO: 8)	68	No se encontraron similitudes significativas.						
2a	209	481	MEFLKPSLVNHYAIGKSKRLVN RFDNLYASEKHGANASYALS ATGEYFAKRSIGSKDKQFSM LPECVTSIDIREGTTKAFRLS (SEQ ID NO: 9)	90	RniB 2do ARN ligasa [Enterobacterias fago RB43]	YP_239225.1	0.010 (30/72)				
2b	318	1094	MEPTLLMPYQDLGKSGISQSV LFLKTTNFQCFQNVLPQTFKV PKKLFYYYPKAEISHVGFEGK GVQVMDYDLVNEGKKAFVFDV IAKYDDGSMAYCGINTWHLFE QDSVPYYTLGKTLREFLETTPS EESALGGYSEGVLKPLQGVPI NSTQDFLGKVKTEKYLEVRHK PSEQRKPPKLNNEQVEALNEL GRYITKQV/LNVCSHGDFELQN NIGKIMLAVKQDAANEKEVGS SFTKRACRSL (SEQ ID NO: 10)	258	Proteína hipotética KAOT1_13772 [Kordia algicida OT-1]	ZP_02180357.1	6e-05 (66/245)	ARN ligasa	ARN ligasa	pfam09414	1e-08
					RniB ARN ligasa 2 [Enterobacterias fago RB69]	NP_861881.1	0.004 (61/229)				
3	1220	1525	MDFTLIEQVQGEWSANKGLDKA APEKDFLKVIEFGEVAAAMAR NDREELVDGLDTFVTLILCQK LGVPHEALDTAYGVISKRTGK MVDGVFKSEDL (SEQ ID NO: 11)	101	AtpR [Enterococcus hirae]	CAA90708.1	4e-22 (55/98)	regulación de la exportación de la muromidasa 2	Hsl, fosforibosil -ATP	COG0140	7e-04
4	2295	2818	MMKLELDNGRKQVFYNNVLMQ YERGSQVYGNPLYRVYPNFS FKRLKSVYRNVEKGGWEEYYL IQSYNIALDMONIASEVNAKNTF PEFDQTLKDYREVSAVV (SEQ ID NO: 12)	107	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 2A

5	2719	2970	MALTFEESLOKENARLNREL ATLASQKLGGLNRELQKAL NSCQRFKTLNKKRSLVLKSA MVASVEYSQSRKSL (SEQ ID NO: 13)	83	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
6	2846	3106	VVAKTYKDCSKTAKEAKSA WEHSLNDFNNHFLKKGTM KAEDKNA (SEQ ID NO: 14)	52	No se encontraron similitudes significativas.	
7	3089	3187	MLNMTVISTAAPKGAHGE (SEQ ID NO: 15)	22	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
8	3157	3450	MVNRKLSRLTRNSRFSKKAKK RFIARVTEEQAYTLRLKASKE DEAVCNATKALLEYGYEEAGG HSEKAREKFSRLPQKWHHN RRTRNR (SEQ ID NO: 16)	97	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
9	3829	4062	MTKSHYKLYQMKRGTHGYSA TYYSMFDEKVLVLPQKPPRY ADYTDKRNGLYSYKELASEL NDYVATFSHL (SEQ ID NO: 17)	77	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
10a	4153	4611	MTEFANMKKEEVLNDRFGV SOYVTMAELEKMKQYTFGST DPLGGNDRLGLPOFFRQNEV EPEPTYEEELLELEKDTWALEA EDNTYNSGFLERNDQKTHA ENSDTHAFFAHTGGRRKSELL KSNRYFLKLTFRSS (SEQ ID NO: 18)	153	proteína hipotética EFP_gp144 [Enterococcus faecalis pHEF24C]	No se han detectado dominios conservados putativos
			UFETTYDFCEFLNRYFGGY YAFKQDNKYTSLDSATSEYV RMSDENNEELQSYQETFMQ LDREGVEAYLKDEQETELKHA L (SEQ ID NO: 19)		2a-5a (118/142) 2a-3a (78/82)	No se han detectado dominios conservados putativos
11	5060	5206	MENKAYERLLKEVELLQDLM DIEDYSEEVYQAPQVIDELEYQ AS (SEQ ID NO: 20)	48	No se encontraron similitudes significativas.	
12	5287	5455	MTKQFRNATLTILVALAASQI ATIKAVENANDKALAEVNALEK	52	No se encontraron similitudes significativas.	

FIG. 2B

			TFR (SEQ ID NO: 21)		No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
13	5400	5588	MIKLSLPNVWKLWKLSDKOEY DIAVSNVIGAYLINHEEAOKEY TEAYKAHKPTLLKKLP (SEQ ID NO: 22)	62	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
14	6024	6221	VRGSEGYLKGVSGRNLKANLE ROVESFVDLFFIKGNEKPLRNA VAAGLWERWLERLSDSFQID (SEQ ID NO: 23)	65	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
15	6989	6710	MVNPSPYNLINACVNTPLERK ASRAADKRRPLYLWNLFGSK EPPSKVALKLSVY (SEQ ID NO: 24)	59	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
16	7021	6893	LTWPLFLWYTIKNDKGGVLKAM LERIKGMERKIRLANGLATA (SEQ ID NO: 25)	42	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
17	7232	7038	MVAGIKISLSKGPVKGVNKT GEETIQTVSEVISYGFDKSHVA SCARGESKTHKGFIWKYV (SEQ ID NO: 26)	65	Proteína hipotética [Fago 86 convertido de Stx2]	No se han detectado dominios conservados putativos
18	7530	7168	MVEWRDIEGYEGLYMVSQGDH FNCSRNLSMLRKDRKGYLLVG LTKKGNQKTYRVRHVAAPKNI FKKQINHLNEVKHONRVONLE WVTNKNNSYGSRTNKNFKQ RKACKRSKY (SEQ ID NO: 27)	120	endodesoxiribo- nucleasa putativa [Lactobacillus fago phiA3]	motivo NUMOD4 2e-07
19	7810	7601	MNWKAFRLVSLYLLAVIAFGLJ VWITLVFGASVTAIGRILGNILK VWDMALHKEVEEAKEDLEK (SEQ ID NO: 28)	69	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
20	8042	7812	LSEKLTKRILAAVIAVLTGIFG ILWLVSUTGWELPFYLVGLFI DLLWETTYAFIRYKDKHKTLE EL (SEQ ID NO: 29)	76	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 2C

21	8857	8159	MLFKKDKENKLIKELKQEIILLTGR KAVYQLALDRLEMANEELOKEV DFLKIREAGFEERLKVASEKEVE AIEMANESAEESLLRQEAAYDRL GKFEFVCOOKLTVEEONKRW EQEMGRLOEEYNGLKREYREL OKAIPSPQIATIKVDTKEIQEM LDNALQEKIEGYSRLOEEPEYT YWKSEGSSSEKHVFSDSPQOLL RKANVFYMPYKAGILTLESLE MYTRKKA (SEQ ID NO: 30)	232	Proteína hipotética [Trichomonas vaginalis G3]	Xp_0013256 48.1	0.020 (38/120)		No se han detectado dominios conservados putativos	
22	9436	8933	LEGWKVWNGFSNYSITKTGV VNNLTGKILKPFINDRGYAEIGLG DGNKRLHRVLLSTYNPIEGWEE LTYNHMDGNKLNNDLNLEWLT HEDNLKHYDNNKRLVFDAT GEVLEEVTRMEKASTKYGVPRG VQELCDLYHEGYAHENGYGFC RMEDFGLDG (SEQ ID NO: 31)	167	endonucleasa putativa [Staphylococcus fago K]	YP_024518.1 (40/94)	2a-13 (40/94)	endonucleasa	motivo NLKMOD4	0.009
23	9539	9426	VLKKNVYAGHVSYSYTGREFEK GSPLASINKPIKKVFGG (SEQ ID NO: 32)	37	No se encontraron similitudes significativas.					
24	9693	9526	MLIEEDLGGLVLKIEKVSVDV ETGLETVVSAYAAASKDLGKYS TSVRNACAKK (SEQ ID NO: 33)	55	No se encontraron similitudes significativas.					
25	10452	10237	MKLIDATVVLNVIKTKNELNTTS PANNSKFGKWDAGFIRGIESIK GLVKDIIIEDEIPLANPSDMIPIK (SEQ ID NO: 34)	71	No se encontraron similitudes significativas.					
26	10772	10449	LEYPEDDYDEGYQDAVETCMD EIKAAISVAKEEDSPEIKLAVD GNVAESFTGSSVTPINTLPNNY TKDYLEALLEASEDFYDAEIQIA LLKGAIQAIPIKKGKGVIL (SEQ ID NO: 35)	107	No se encontraron similitudes significativas.					

FIG. 2D

27	11087	10621	MGMRIKVIYTKDACAACKMKR VLTEAGVDFVDFVVRNDTET VEMRLVGFSPFVAMIDEFDF TAISGFHPRLKVFETVKEEA (SEQ ID NO: 36)	68	subunidad de glutaredoxina clase ib ribonucleosido- difosfato reductasa [Pediococcus periosaccharus ATCC 25745]	YP_804960.1	1e-9 (33/76)	subunidad de glutaredoxina clase Ib ribonucleosido- difosfato reductasa	NrdH	cd02976	3a-12
28	11287	11078	VLYGKEDLNENYSLEIEIDLE GOVYDLENEIGSSEETVEELTE EVDTLERVEELEEISMEEWE (SEQ ID NO: 37)	69	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos		
29	11465	11244	MSKLPEKEKEACSKPTLTQR ETALIELVGLKQALVDSWVQKL IAEQELEYAEERLTSVWENRRL ERQDL (SEQ ID NO: 38)	73	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos		
30	11520	11467	MQEITVEEFKQEEIGEF (SEQ ID NO: 39)	17	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos		
31	11795	11520	MEGELDNYNFFLEIGYLEGQQA NVETTVYNLTGMLSAKVSQVTE SEFEAAVEEVEAIDNLINSLEV LSELFTEAKQYLAKEKQWEDN V (SEQ ID NO: 40)	91	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos		
32	12106	11795	MRAIMYSIKSYQQYLEKLTGR KAAADFELNNSFKKAHELIANO YAEDEKLSQVQYHELIENIVS DEAEDEKQLMEYLGTRKQCKI TEELESQCKE (SEQ ID NO: 41)	103	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos		
33	12380	13157	MVRIGNRELEERQKRYLTTSKE PDEYEGVDLTTLKPKMKRFARH YMQTMNIAESCRSVGYNESSGY RYLKRQDVKAYLQWLVSQENADA AIMSPTQVLEELTNIALRNSSDY TVTVKGDVWEKPIDTSVQLSALN SLAKFHDLAPDVKEQSLNIVV DIADDYPNEAEVEVEEFVEGD FTEVEEEDSDVSYDFLSGLRK EIPMPFEESNLEIVNDUKDQNT HANQIASIQSDLNRRMTTDSVR	255	subunidad pequeña de bacteriófago terminasa [Staphylococcus aureus]	AAP55236.1	1e-07 (42/168)	subunidad pequeña de terminasa	Terminasa 2	piam03592	2a-10

FIG. 2E

34	13204	13380	DLKKKH (SEQ ID NO: 42)	58	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos
35	13399	13647	MDVVISJAVVLGGVTTGLVNLVK SMDVSPKYLPLVSLAGMVFGL AMSPLLGTLTYGASGLVAGLS AMGFYELTKTPAE (SEQ ID NO: 44)	82	Proteína hipotética BL01378 [Bacillus licheniformis ATCC 14580] hoIn [Bacteriófago PL-1] fago terminase, subunidad grande, familia p15x [Clostridium perfringens C str. JGS1495]	YP_081408.1 7.1	0.001 (30/79)		No se han detectado dominios conservados putativos
36a	13753	14514	MKPIYHTCTTSLKDNIEOWYFYG GAGSGKSKFVONAILKGLSER RKFLVLRKVDNTIRDSIFQELVC LEEWNLLDFCEVAKASYMTIKLPN KTEYFKGLEDPERIKSQGLTDII MEEATEFTREDYDQLOTRLRHP TARHQGVFVMPNPAKDNWVY QYFHNPAIKRPGSKVCTTYK DNRFELPKAYLDHLQIKNTNPV YYEYIYALGKFASLGRIRYTNWKID SEFKPNOLVKQGYEPRFGLDFG LSM (SEQ ID NO: 45)	253	subunidad grande, familia p15x [Clostridium perfringens C str. JGS1495] subunidad grande terminasa [Lactobacillus profago LJ928] familia PBSX fago terminasa subunidad grande [Clostridium novyi NT]	ZP_0286535 7.1	9e-55 (118/204)	Terminase... 3	1e-34
36b	14906	15295	MIAPFEDVIRKRLTNLIYADS ANLEIEQIKRLGARKKPKVKGQR NTVLHQIQYLOGYTYVHPROVH TIKELENYEWKPAKGSDDYENK PKONGFDHCDALRYAVNDLIP RNRIKTINKSVLGL (SEQ ID NO: 46)	129	fago terminasa, subunidad grande, familia p15x [Clostridium perfringens C str. JGS1495]	YP_879274.1 YP_238642.1 ZP_0286535 7.1	1e-22 (49/106) 8e-19 (37/121) 3e-17 (47/117)	Terminase... 3	5e-06

FIG. 2F

37	15354	16669	MAIPNGGINAGDIITNIRKKHFR RNYDIRELVTIAEMHSRSSAY GVLVDYKGNHIAQSRITFDOTN KPNKIVHNFKLLVDTSTAYLA GEPITESGDENTIKAMQPYMKE NYVTDVNSEEEKLSGFGHCFEH WDRNKKHFKAVSPMNCUJAY SADLDEEPLAAYNTVISDITGH VIRTYEIVTEDKLKFSTDDERDV YKEIREVLDIRGYEEHPNLLKKFP VLEIANEEERLGDFAQLSLIDAY NLAVSDSVNDIAYWNDAYLMLQ GFDLSADSDSISNMKNDRVATD DTGNVKKFTKDVNDKHIEKIKNR AKLDIFSLSQTPDLVSKDFTAAS GOALKAAATQPLENKSVAKESKF RKVLAKRYELICSYLELMSKEKD LKPNEVTPVFURNLPQSYAELA DMAVKLRDMLPDETIINQFPWIT DARLEVEKADQQRKRADIALQ NFKDTSAVQAGASTAAANKLDKN PANTSITTTTDPVAAKEOEKAQ KKPKTD (SEQ ID NO: 47)	511	subunidad grande terminasa {Lactobacillus profago Lj828}	AAK27930.1	2e-17 {44/112}				
			Proteína hipotética ANACOL_00534 {Anaerotruncus colihominis DSM 17241}			ZP_0244126 4.1	6e-49 {15/173}				
					proteína portal {Shephococcus fago 10270.2}	YP_508434.1	9e-38 {116/123}	proteína portal	Fago proteína Gp6 pfam05133	1e-49	
38	16901	17656	MARKKDKKKQOEIEDALVALM TAQNHKHYHRTDRFTVLLDGFV NELVNLADPKLDAFALQVSCYE AIRNLQAALIDYOEFEFREMILLES MSDTLEETLGLFPNKAIPSATD NAYEQVAAEAYDYFEELQLLV EIEAIVGTIPSTEDIVTTQKLKD RLSYTLRRHIEAQMSAVINLAVIE ASKQYEIEIWWCRPELTESGT CADCRELAEGGIGNEGLYTLAT MPLLPRHPHCVCILIPYVL (SEQ ID NO: 48)	251	fago MU proteína F como proteína {Lactobacillus casei ATCC 334}	YP_807132.1	3e-06 {33/135}	Morfogénesis viral	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 2G

39	17767	18102	MMPEEQGGQGVLDLTPREVIGA IESNPDLAQIPVLTDAVSS FLKTDGLGVAPMDQSVSKGI NAWKEKNIENIVQERLAELNPA ETPEQKQLKQMAQMAAICQR (SEQ ID NO: 49)	111	proteína relacionada con fago de ribonucleasa putativa {Bacillus licheniformis ATCC 14580}	YP_076653.1	2e-08 (26/73)	ribonucleasa	No se han detectado dominios conservados putativos
40	18107	18436	MLEMFGVAQEALAKAGLPASLA GYVLSNPFAVKHVSSELDIEIQ NIVSGLVDQKVAAGIAAKAPTNS DDMSIGGSKTYERLTDLTVVEEA TELARTNPARYRQLVQRG (SEQ ID NO: 50)	109	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos
41	18485	18748	MAHEVTKIADLNPVIGAFHOK MLDNLVLAPFAEDRTILQGRPG DTLLTPQWNGICLAEDLAEGEEL QSVKLTAEEDRKATVKKGC (SEQ ID NO: 51)	87	proteína principal putativa de cabeza, fago asociado {Staphylococcus fago 370.1}	NP_268925.1	4e-13 (36/85)	proteína principal de cabeza	No se han detectado dominios conservados putativos
42	18825	19292	MAIAGNIDNLFAMRALTSPSDV EHTSYEWVLDQAQVAFGEFDE ETVLFSPKRRATILKSKDFVHC QGVSVKQHLGEYGMNIVVSNK IGENEAPVLRGALTLMKRDYIM VEEVREGMKRQTNITADQHYVA FVKDAKRAIFNKVAAGK (SEQ ID NO: 52)	155	ORF015 {Staphylococcus fago EW} proteína principal de cápside de fago putativo {Staphylococcus phage PH15}	YP_240157.1 YP_950669.1	1e-15 (55/161) 3e-15 (50/160)	proteína principal de cápside	No se han detectado dominios conservados putativos
43	19447	19884	MAKTYNIQDEVKVQEGVAELT KTHGLTPNTSYKFEVTAVEEGV ESAKSTAVTAKTNPRKVATVTAS QKTNLSASDQSKALFTVAPED ATNKELEITNSNPEFATYADGTV TAVVAGTTITATAKDGGGATAN CVVTVQAPA (SEQ ID NO: 53)	145	Proteína hipotética ABC1334 {Bacillus clausii KSM-K16} proteína principal de cola {Staphylococcus fago phSLT}	YP_174633.1 NP_075510.1	8e-18 (84/144) 5e-11 (51/148)	proteína principal de cola Dominio tipo 3 de fibronectina	0,010 cd00063
44	19945	20349	MELIENTELFKSFEDVTLPPETE AIDITDLKMLGYGNSTRDNVVK VLKRRARQHICLFINKVETDFPM ELDYIADELTAASWSQINSEGLK TESTDITRYDYKDDIYANWYGIL NRWLEQQGEYRNKAFEMIL (SEQ ID NO: 54)	134	Proteína hipotética u36_34 {Lactococcus fago u36}	NP_663678.1	0.007 (22/70)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 2H

45	20365	20742	MRYNDIVDIQFNDWEDPDDY GTISYKTRGTIVVKDLPVSVGSL RVQGLIQDQDQWQEKRYLQ HKVFELKHLRVDAVRRHSTGEIL NVYWDNTGTGTQTVSYKVEYR DIRDKEDGVWQGS (SEQ ID NO: 55)	125	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
46	20727	21107	MAGFLEITKRIDFAGLEREFVNE VKGVEKNISQMATAVRLNVR RGNIDTGTYYDGKSKTEVEGKG KSVTGVEDSVSGNPGYGRGYA VYLEEGTYRHOAFNFTDALEE YSDILVEQLSRIV (SEQ ID NO: 56)	126	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
47	21120	21551	MSNRPPFRARSSVALQRAIVK EIRAQGINVWDGINKPEYFPIKI GEELTSGRTSKDAIGKMRNLTL HWSDYDSSFEVKSLTDFVLDLI NSPLNLEDGFCIGEKSLDHRYI EAACTYKNERAYLFLDFEVIDS TIEP (SEQ ID NO: 57)	143	agente de transferencia de genes (G1A) orf98 [Rhodospseudomonas palustris BisA53]	No se han detectado dominios conservados putativos
48	21577	22266	MEACKSSVIRGTAVLEVNQNDLG EWIKVAAQRGGTLNRTAATLDV SNKEGFGWDDAEAGNKSWSID CDGLEVEDNAGFOALNAAWVN GDCVRYRVKFPSSGLTYVQQAAL TDFPYEFGYEDAVTYSLTQGGK GALEEQQVAPTLPKKVEFTNET KEVKGETLQATKFTPENVSQQ SVTYTALTALATIDESGLITGVK EGTASFNVRSNVNTAVSALDIE VKPAG (SEQ ID NO: 58)	229	Proteína hipotética PTH_2181 [Pelotomaculum thermopropionicum SI] proteína relacionada con fago [Bacillus licheniformis ATCC 14580]	FagMaj_Cola, proteína principal de cola de fago, TP901-1 2e-20 pfam10132
49	22411	22776	MIRFGGKDLNRLTYKSHFLEL AFDQDYASFIAEGTFFNQSLYIF WAMQNESDYEGSVLDVAELL QDSDSYEFLEEFYKVNSSY ASSILVKQLFKKQHWLVTQRRR KTRTSFRS (SEQ ID NO: 59)	121	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 2I

50	22791	23087	MVLCSDLGIPSSDFWTSPTPEF NGMLRGAYQRQREASLFLSLV QSKPKVKLEKYQGHVNETNK PKTTROMAETMDELDRAPFKEE ELSNLFDFYD (SEQ ID NO: 60)	98	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
51	23100	24734	MADKEMRIKVRVONSQYASKMK DMEGTOSRLGKSTEQTTGFGK FFNKLNGGASLANSSMLGLKKS FLSTSVGFGLTAAATPMAAAV MGAAEATKVAGRFAMDSIKDYA NFEETLKOVQIAGGTQADMMDM LGDTAIEIGGKTSKGAQEVAAEM VDFAKLGTAKETSEAMKGIYYA AEASGSGVOETAGIVATALNVW NLKATEAEHVAOVLAKTANETAA DMQDMGYVLQYAGSSASLAGA SLEDLSAMAGIMADNGIKGSKA GTSRLRTAFNLNFTDGAAMAE SLGVQFKDAECKARPTMDVIYO LQDAVKGMDCIQIELSTILFGK PGAAGMSFVLKSTHEQVODLSK ALVDSGTGTAAKOAAAMRETMAQ OLDQLGDSVDAIKLKIGRAFTDM FALDAVKGFNKKALDGVDEGLSN FGKGFRTSDLETNSGLISGTH DANKEVEAVRDAGTNLTNIPFOE SLAQSQVWVGISKRAYETNEV MYQZMKSIOEFSLPIDWEGKW GQASTILKDSVGOMELKLASAA AKGRHGORS (SEQ ID NO: 61)	544	proteína de medida de cinta con longitud de cola {Slaphylococcus fago phi2953PVL} YP_00226880 17.1 4a-56 (131/349) proteína de medida de cinta con longitud de cola	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 2J

52	24718	26004	MGGEADISGIMNQTIOENLPALQ TALDEQVAVFGTANQSRLDALQ TFTNEKTLTDEQKSMIOGELT HGQQLSDTQTNINKILELYQSM GGQDYAORGETGAINALQDQ NSEILQNIATTESSIVETLPAQA SSTGTITCOMANDSIAAANQCY SETVAAAQKQYVETVSSINHM/S DESIAAAGTTRDELIEKARQIMV GTVDHAKTQKEQTVGEIQIADK SEEDGTHONADADTTSAMEE LGQLAARINDVFRAGFETAGKIQ GGIDGESKLLQADNWIAGKVG GIFKARGGLTSGVGYGGGGINA QYSPMATAVGVGTOLGQGIN CGVHNERGREVTMPIONATYM RPFAAAVANELQAMGGGLGGG GVQEVVPLYNDREFARATNKA MTEQQQRVKRIANRAV/GKKVKE TFK (SEQ. ID NO. 62)	426	proteína menor de cápside [Enterococcus phage F4]	AB550440.1	7e-80 (151/173)	proteína menor de cápside	No se han detectado dominios conservados putativos
53	26001	29993	WGLGRSASIERENPNPNEPHLED EVNITFPVDFRGKVGKNSNP SRGFSHASQIYRENVLRGSOFL SKPSLLFNQAVYNEKTVYNGAM VASTQEVNQGLMFYWFDFINPD PRIKEGDMVTFSDVWRSTGEDIP TGAVAFNGTSNFEEYKYLEQPI TKFTFRISFTTRFLSKDWEDDE AFGMFWGAENVFVTDYPMFQY DKDKLVGFQAQESVQLFESRP MVSITGKTAYIESGDDMFSSNK WDWSKAVSKGRLENEFDGKYNT NGIKQDWAMPEPIPIFKGSEH FYKKTLLTETTDAGHGYYGKILFY SAANEDSYMNYYKIFPEAGVY GGYAAEVEVPIGATHRYRVHTSE RGSATTEAVYQSSANDWSEFS OEWYDGLSGKLDGKTARAEITY RKEMVEMEFELHFAEAVOKALP NIFKDLTTDAEKOORLRDAYQF DSTMARGROGNNLADWIFYR WAPDGSIEEOTMKOFQGEGLTS VTHPSSYQEVNIPQGRVTSLSRS	1330	componente putativo de cole de fago [Bacillus cereus subsp. cytoloxis NVH 391- 98]	YP_0013756 _14.1	2e-20 (131/533)	componente de cola	proteína componente de cola del shigavirus pfam05709 2e-15

FIG. 2K

[illegible]

FIG. 21

54	30008	30602	MITVLNANGQTVAHFVNNVSEG VPYEEPTLTENIETLVSTFSFVP LDCDESYLKLGNKLVKNDKG DLQFNIHTIEEYFQEVDSRLVE CEDFSISEMNDTVYFPNGHNLG DILTAKVKGTVGWIEYSDATWQ EGEEFFILAEYTNMREYFGNIQK TYDVFKAFTAFNQTNRIVK VYKQSSNRPLHL (SEQ ID NO. 84)	198	proteína estructural menor del fago [Paenibacillus larvae subsp. larvae BRL- 230010]	ZP_0224071 _4.1	3e-08 (49/192)	proteína estructural menor del fago	No se han detectado dominios conservados putativos	
55	30631	32562	VOYNTIKTALPYTYGVDSKAVT LKGMPVNPREGITKOKESPLVV HMQAHADYDEPFFKAMPFKAS STNPEOVYRGVEELLKHAPIY TYTVNILLNRVQGWEGETLAL GDTVMKERVGSREIGLEARVI EYIHEDDPSLDEVTFNFRID TYDTSAGIRDALNDLKDQVDS NTVAIETREQISKLEEGSGRIED LGNNKNSISGDTKPNPIGOTW FSTRVNEAGGTIHEIKYWDGVE KVVNLSMDTSKAFEAEDTAKAA OKDAEESLDKANOAVADADTAK TAAGLALDRYNNLMISGRNLAL NSQNTVPDVAAGTITRRKTIPL SIPTKLGTVEYKLFKYKLTETGLP EGTVGNVVPKLAVASNIPTPT EGKDEGELFAELTTNATEGDVLL IYQGVRSVAVKNDNDFDETVYL VEGDKIGDQWQAPEDAIASTNI NGEITSLVTGDTGLETYSQISQ TVDEIOFTVGDKADKSOITQLOO QNLRYEKDDVINQNVSTEGHID GAKVQITGKYIEDAVITDAMISG LSATKLTAGVIDASKNIVTNDAS QKAGTIQIGIDIGSKITNPFEIGS EGYTLAQTVMERAOVKIDYSV SETGOKRLVNTSCKRYSKSAT (SEQ ID NO. 85)	643	Proteína hipotética PEPMIC_00060 [Peptococcus mizos ATCC 33276]	ZP_0209031 _5.1	4e-25 (71/155)			proteína estructural menor
					Proteína hipotética P9_3P44 [Streptococcus fago P3]	YP_0014692 _24.1	2e-07 (59/217)			
					proteína estructural menor del fago [Paenibacillus larvae subsp. Larvae BRL- 230010]	ZP_0232903 _4.1	3e-10 (63/225)			
								proteína similar a Gp58 pfam07902	2e-11	

FIG. 2M

56	32483	33034	LTTFQKLVKKGWSILHARGION QLMLDGTINSPSSLASDGLSIQ DSLNGSVLSAELLMOFSNTGK KIYPGNSWVNTDRVPSLTMNK CAIGWLFLLWQPYDITGGKPYT WDYTYLLVPKHAHFNISGKGIN MRLQAGKGGGADITVYKYVY VNSDSITGTNNGTGNGAKWVL TGVFSV (SEQ ID NO: 66)	183	proteína de interacción del huésped de cola [Lactobacillus casei ATCC 334]	ABD63364.1	3e-08 (37/132)	proteína de interacción del huésped	No se han detectado dominios conservados putativos	
57	33048	33335	LRVWIEDKVGLLTGYSTERLEGY KOVNIDPSESLEMLGGMLDFHN YYDGEKVYRDTNNDKFKLEE EANKPEPSKEEMEERLANLEA LLADLL (SEQ ID NO: 67)	95	proteína de interacción del huésped putativo [Lactobacillus phage A2]	NP_580496.1	4e-05 (37/129)	No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos	
58	33383	34096	MVKLNDVLVYVNGLVGKGVDA GNYGTDCMDLTVDMQRFEG WRPYGNAIALVDQIPAGFORIR TTSQIKAGDVMWGLGYAQ YCHTGIATEDGRADGTFVSDQ NWNPSEVYGSPAAHFNIMDG VWGVIRPPYEAESKPPAPKP DKPNLGQFKGDDIMFYKTK QGSTEQWVFGGKRYLPTMTY VNEANDUKRYGGNTVITNY DNFGLAMMEKAYPOVKL (SEQ ID NO: 68)	237	amiliasa [Staphylococcus tags CNPH82]	YP_950623.1	4e-17 (49/134)	amiliasina CHAP	dominio CHAP 3e-10	
59	34550	34248	LDVPHVYLRTDKCSNITGNLP TEPFEVTVSAKYREPSDITVGMIP VSFEGDFDKYEDFASDITKRL KDMAKUKEDSHKQAVDSINKEK VAEVVMFFE (SEQ ID NO: 69)	100	No se encontraron similitudes significativas.					No se han detectado dominios conservados putativos
60	35006	34647	MAVIRTKENKLYKDADGNKVDI KDWKNAFLSMWNITTFMEYVA YLNQKFGKVPNASLQTLRAM KDIERFGAEALKIFLEMAKDYH GNSRYPTLSYSQARLLYMERFM SVALEKS (SEQ ID NO: 70)	119	Proteína hipotética Pterl_22418 [paenibacillus larvae subsp. larvae BRL- Z30010]	ZP_0233036 7.1	1e-05 (28/98)		No se han detectado dominios conservados putativos	

FIG. 2N

61	35349	35308	MSIELSQKRFLLPNNFNLPCINHK DENPKNKVSNLEWCETHKYNK NYGTAIERKTKAKSKPVRAINIKS GVJEFSSMKAARACGFDESTIA QCCRGVYIQHNGYVWEFEEGI (SEQ ID NO: 71)	113	profago LambdaSa2, proteína de la familia endonucleasa HNH {Lactobacillus rhamnosus HN001}	ZP_0321234 _5.1	6e-15 (43/112)	endonucleasa	No se han detectado dominios conservados putativos		
62	35581	35424	MCYDGFKDLRRGFMEVWKPV VGFSEYEVSSLRIRSLDREY SEKRLIYEIS (SEQ ID NO: 72)	55	gp33 {Mycobacterium fago Ramsey}	YP_0022418 _20.1	2e-04 (24/36)		motivo NUMCD4	pfam07463	2e-04
63	36058	36882	MAKGLAIAQAQAQSKSGEQ SNKTYLKGGQSRIRAPEDILENL HYNQVSVFEPQVLPILSYHAE GRTDVRLYHEATEIMLADHRA KVESGEIERGQAQKDSYKAARI LTPKPLFLGVPLADFTQGTGKT NTYPAGEPILLETNLGRDNANID ALTNLSKETNAKFKPKAFET CEAARYTFPLDDEDLPEELE VFKATEGATVPEEDFENAFEST VERQIEDLKKIGFTTIRLPNLPTA APSPSQGADEAGTVDPGIDF (SEQ ID NO: 73)	274	No se encontraron similitudes significativas.		No se han detectado dominios conservados putativos				
64	36934	37365	MKKDNPQVNPINFTTEEDYFRLL QTVVMTNTFGSLSAGYQGGKER LEKITKIAENMFVNLRLMESAES NGEDWGDMLDLSYSDSEVLV TKYNHLLSEAQLSENNKFNFAE SAEKARKEAYEEKVAGAEVIDFK KGQEEAR (SEQ ID NO: 74)	143	No se encontraron similitudes significativas.		No se han detectado dominios conservados putativos				
65	37489	37749	MLKEAVSESLWNAAYEILHTTM ATAQKVIALVTYVNASLNEESTY AYEAQDSVKNKACGGAVEDVK WKQFVGSLSDDYKEFEKV (SEQ ID NO: 75)	86	No se encontraron similitudes significativas.		No se han detectado dominios conservados putativos				
66	37751	37951	MDYSKFKIGDTVMYQGLCGA GTVNGNTYTVVQLTSKPRYAFII DEHGNKKLIQKGFNFAKIEA (SEQ ID NO: 76)	66	No se encontraron similitudes significativas.						

FIG. 20

67	38192	38281	GGGUGUAAGUGUAGCGGU GCACAAUGGUCUCCAAACCA UUAGAGAGGUGGACUCCUU CACAGCGUG (SEQ ID NO: 77)			tRNA1-Trp			
68	38266	38351	CGGGAGUAUUAUUGGAA AAGUUGGUGUUAAGCGG AUAGCGGUGUAAAGCGGU GGGGUUGGAGUCCUCCUC CUCGG (SEQ ID NO: 78)			tRNA2-Ser			
69	38381	38508	MNVSRNSEKAWNRAIVKAEQE AAKKMERLAKMRAKSKRK (SEQ ID NO: 79)	41	No se encontraron similitudes significativas.				
70	39337	39462	MKDTVTSKSEYERLLKAEAFLE ALEAGVDNVEGYAMAFF (SEQ ID NO: 80)	41	gp21.6 (Bacillus fago SPO1)	AC191017.1	0.0019 (18/36)	No se han detectado dominios conservados putativos	
71	39531	39731	MILRIGFRWRSNSESLSHCKSEYI DMFQCGEEGYKVFKNKYTY EEHLPSAYTATLNKEEE (SEQ ID NO: 81)	66	Proteína hipotética EFP_gp166 (Enterococcus fago phiEF24C)	YP_0015042 65.1	9e-10 (30/59)	No se han detectado dominios conservados putativos	
72	39731	39943	MNLGGLDTVEYGVTRVRLVYK STYNSDEYITTFVMSDTLEYTKA YELVEPHIEKRSNYNLCYSRWKI MC (SEQ ID NO: 82)	70	No se encontraron similitudes significativas.				
73	39966	40100	VETMYTVIYKNAVESEPALEGGG FLTDAPKTDGLKLMTFGTRVF (SEQ ID NO: 83)	44	No se encontraron similitudes significativas.				
74	40168	40388	VWNOWTLWTDRETGEEGNFK IPRPNALFIQMPIDIEYRYTYTA VSTPTNEVWTERIPDFGTGPP WEHNN (SEQ ID NO: 84)	72	No se encontraron similitudes significativas.				

FIG. 2P

75	40409	41353	MLDTIHLTKDQIHDIQYLERFE WNRKWTEDRLAASPERDNH PSFFVYNNWDWAGTWGSGTG DSGNFIQLVAELHETDYETALEM LKEEFWIKPYEAPASVLSVKK EKSIFDIPTHTNSKYLLGROISKD TOKLYRTSEDESKVCLPYINGM GLATALKYRRDNDKDFEAGN NHLKNMFGYHYEYKLPNTLVI CEAEDAMTAYEMGFVGLGAA ALIERQVDLUKKVDYKNIIGTDND EKGDLAAKSIDDAPWIKTHKLER YDMPSGYDLNLYWQEFKAPPL KKISEPKLLRRKLWYIQ (SEQ ID NO: 85)	314	ADN primasa [Bacillus weihenstephanensis KBAB4]	YP_0016427 ...82.1	6e-39 {108/314}	ADN primasa	TOPRIM primasas	cd01029	1e-06
76	41524	41757	VAEFLGRTPESVKAKYYELRKQ QLLEYPSNKKWTEEROYVL DNYGMISNKKEMARKLVKTSQL QLKWHYTHKK (SEQ ID NO: 86)	77	proteína de unión a ADN, putativa [Listeria weihenstephanensis serovar 6b str. SLCC5334]	YP_8494401 ...1	0.044 (23/59)	proteína de unión a ADN	No se han detectado dominios conservados putativos		
77a	41833	42144	MRKOTLLEKLVQVTKTEKELN PTLSHIHQLGGSGTGKFGAA KVPYDYSNLFNSPARETQKD VYKQLEVVYVESFKRDFQKQNI NQDERPIKKYLSME (SEQ ID NO: 87)	103	proteína de replicación de ADN [Paenibacillus larvae subsp. larvae BRL- 230010]	ZP_0232877 ...5.1	1e-06 (27/78)		No se han detectado dominios conservados putativos		
77b	42142	42611	VKIKVMEKTSTAAALLNEYMFNS WQASVILKTNMKQPPAYFLDVN SFOTLYNKFTTRNGIAKDAEKS REYYEMMELAEAPLVFDEIG NRSATEAFRAADLHDINKRMVYK LPSIFTSNHPYIELEQVDFERLAD KVRRTMVYVNFKGESHRGL (SEQ ID NO: 88)	156	proteína de replicación de ADN [Bacillus weihenstephanensis KBAB4] proteína de replicación de ADN [Paenibacillus larvae subsp. larvae BRL- 230010]	YP_0016427 ...86.1 ZP_0232877 ...5.1	7e-34 (73/150) 2e-27 (65/148)	proteína de replicación de ADN	PRK08116, Proteína hipotética	PRK08116	9e-09

FIG. 2Q

7b	42623	43756	MASITAEMLLSKVINENOVQALN RHGVSDELFOPIHKQAYNEIKF SRENEGAPSYOTLLQKVPELD YQSSTEESFTSLTKSLKNSRLQV DTAAFINKDLGEFWEWSVKSD PTERINQTALEQIKAEHNVGGA SGRLEKASEWYLEEFYKRREG LSVKFWDSEFESLTELIGGGYQ SGNVYTWYGRSGROKSTITLVE AIEAAVQGANVLMVYLEMPKYE FASRAISFISARDEVKKSRLQSD YLAQFNIANLTOATFDTAEEQD FVDFINSLNDKLEGGITRAVDDE DFMPSLKLRLDRVENGADVV VIDPFYLLHYEKNTSKTAGGDAS QTSKALRLLAGRTKTVIRAITOAE EDSNEKRRRRRA (SEQ ID NO: 69)	377	ADN replicativo helicasa {Enterococcus f fago F4}	ABS50442.1	3e-138 (234/301)	ADN helicasa	dominio de terminal C helicasa similar a DnaB	pfam03796	1e-04
7b	43784	43988	MSLLEDAAYVLAFDSCDSRFV EVVKGSRSGNEKQVEGFLPVIG YVEESSDEAVTDVPEGIEF (SEQ ID NO: 90)	64	No se encontraron similitudes significativas.						No se han detectado dominios conservados putativos
80a	44001	44498	MIHWSLFDSCAGCYSOVFSEKE GVENYSIGMDKEKGTGSKNHLNL DLADMGGYFGESNMKSLNLP KPDVIAAPPCESWSVASAMAG GNACWNHLKGDPTFRTSKEYE SVQFNHNSFYNNRMINGELTYFN LIKIKHFQPNYIENPAFGKIWEY IDKVLGF (SEQ ID NO: 91)	165	metilasa C5 putativa (similar a virus MAV) {Haemophilus sommus 2336}	YP_0017840 27.1	2e-43 (80/170)	C5 metilasa	Cyt_C5 ADN metilasa	cd000315	4e-05
80b	44540	44721	FEIKPTKFKSNINLNLKSENKKA GTEFRKASRIGGSYNVRSNPLT LIDEIYKRIEEL (SEQ ID NO: 92)	60	No se encontraron similitudes significativas.						No se han detectado dominios conservados putativos
81	44722	44946	MSFYLSOMNNLKEKIRYEKTSV KLRESIERGKPTGEVSLGYTDA LKMELLIHQMLEDAQKELLDE KERNK (SEQ ID NO: 93)	74	No se encontraron similitudes significativas.						No se han detectado dominios conservados putativos
82	45019	45123	MTATKELWKPLVFKGHSDIYEV SSEGLVKKQVD (SEQ ID NO: 94)	34	No se encontraron similitudes significativas.						No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 2R

83	45116		94)	LTDKLLKPODSGYLHVRIPLEGK YYNARIHRIVAEFCERPAGCNV VNHNGDKKDMRASNLSEWTOR DNVHSKILREEFSKHLSEKEM DMLLEKIPSPKAYNFMEEYVE WLKG (SEQ ID NO: 85)	118	ADN endonucleasa: I-HrmI (Salmonella enterica subsp. Enterica serovar Schwarzengrund str. SL480)	ZP 0268467 6.1	7e-10 (32/74)	endonucleasa	No se han detectado dominios conservados putativos
	45472			MAKGLTANKAAGKTLVDTIAED FKROLNRWGETGYTYDSEVHH QLMRDYLKVDNRPFDPEV PVFRSSGTGKCLREOTLFADKI EGSDRKDPKMOAHQSRWVQI GTKVGMQIEQVLMMEKNYRR FTGEDCHRFERTEEGPHFEE FSTTFKRYKSGRMEFITGGMD GIMWTDPSGSEEFVRGLEVKS KQITPAATSAFSPMPNPKSHV WQKNYAMLKDLDLVLYVNC AHKSWEMAEEDYAKNPLOVF GVNTECKKQVNRNFTAEHA HAGTLPPLELSGFTSDYKYALA NSLYKELELEKRAVSKFDKA LEEKKIRGDVK (SEQ ID NO: 96)	342	Proteína hipotética BAT_0151 (Bacillus pumilus ATCC 7061)	ZP 0305412 5.1	6e-50 (116/323)		No se han detectado dominios conservados putativos
85	46435	46514		MNESIEGIPEDILQEKFYGVFIK FRCONRTKPLAMRSELSKEML DATYLQREAGESNLIKDVNTGL EMAFDLIDVYVSTKEIALGDE AAYGSFAEHMADMLGDD (SEQ ID NO: 97)	109	No se encontraron similitudes significativas.				
	46807	47385		MIKRFISFDVSSVSTGVAVIDRE PSGYLLVHTDHSINPKHNYGR RLKNFAEAVQILLETFRPDYVVK EQIARNAQTHILLKFAGVLEMA SNEGFPIYEYSPITVKKYVGG HGRATKEAVLMGTTEYINWNEPI DLVIDISIAVAICLTHIGKEFVLV PLGEVAKAEAMIVEAEASKYL EEATE (SEQ ID NO: 98)	192	endonucleasa cruzada RuvC (Bacillus weihenstephanensis K8AB4)	YP 0016427 59.1	4e-17 (58/159)	endonucleasa de unión cruzada	RuvC, resolv asa cid00629 3e-14
86	46807	47385								

FIG. 2S

87	47382	47951	MRQQLRIATGTSRS/GKDTFAQA IQKKLVEMGFAPAEAMFADPLK QLYKRYFFYMEDKEKPRDAYVTI GNAMREVENVWINLLIQAAK RWDEGFSTLVTDVRFENEAKTL NDYGFRLVKVDADPLRLVRAEAL GETLDLNKKGDIKVGMEPHLTFI NNGESDLQMMDKYAEIHNMAQE VANG (SEQ ID NO: 99)	159	Proteína hipotética SERP1509 [Staphylococcus epidermidis RP62A]	YP_189074.1	7a-12 (53/180)	Nucleótido/ nucleótido quinasa	Nucleótido/ nucleótido quinasa	cd02019	0,010
88	47944	48096	MANLISEKSYVEKLVAEETANE FRVALRLINRVAKVKVPLEVR ELFL (SEQ ID NO: 100)	50	No se encontraron similitudes significativas.						
89	48110	48601	MYVERGQVALPDSLAILSTYY MQDTRGDLGKTKFARCSKM EYSFASDKKERRITDLKYESP INLEVLGNGYSRNIIASSLME RAALRTDLLKANAKADLTMEK KVLLELNLYDTMRREVLPEMP SKSTLSRHILTSARKKDYATNLKY FOKGA (SEQ ID NO: 101)	163	No se encontraron similitudes significativas.						
90	48676	49161	MPRTNNKSRKKALEVYLEGSN PLAAISELSEHTWTVGEDNESA TPYKERTSNPYDTOKNPROKLC KQREHAERIPAYSGLKTLAKPF EELSLGHEGKLAANDVAKSDMP KLLKVSMDKNNHIEMLVENWVI ROFHQPSKRLRVIRTSYPTAFR DWCL (SEQ ID NO: 102)	161	No se encontraron similitudes significativas.						
91	49163	49240	MROFKKRMVEGRKORAEAKKG EWA (SEQ ID NO: 103)	25	No se encontraron similitudes significativas.						
92	49240	49350	MKDYIKGAAILLIGVAVWLEFI LPFVLLKVAL (SEQ ID NO: 104)	36	No se encontraron similitudes significativas.						
93	49369	49563	MGLLERTYSLSFALVVLAVGAF FVGWVWLAVWTSGLGGLGTFV AVGVWVFVFTALAVFLGFD (SEQ ID NO: 105)	64	No significant similarity found.						
					No se han detectado dominios conservados putativos						
					No se han detectado dominios conservados putativos						
					No se han detectado dominios conservados putativos						
					No se han detectado dominios conservados putativos						

FIG. 2T

94	49577	50008	143	MLKDLLEVVDPMDISLEIAEL TAPEGIYAKDIQIKLRPMVEMEV VQVHTAWYSGEDSNETLGVVV TGGVAVMRKLFEEFTIDEMSE MMYGVWDNIEGLLYGWENGAG EUVNILEENGYNRDSIKMYGAF VTLOELVGAI (SEQ ID NO: 106)	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos						
95	50225	50602	125	MSLGMFDEKELLAALAAALRWVVE DPEIKERHDEINTAYMENAYER GDSFPDEKFEWDFINALTFEIT EAAARGLTIDEAYDEEDDDMW ASDTYSCGCTCCGCTCDYIM WEDDGSFDEDDLED (SEQ ID NO: 107)	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos						
96	50606	50791	61	MANYVYUKRLDDSGSKLUHQVC YKSLDKAIYAKEMSTPKTYOV AGQFDMMRLANTORLI (SEQ ID NO: 108)	No se encontraron similitudes significativas.							
97a	50983	52235	415	MKNSAKDKERLUKLVNYLEEGK VSREEDKLKIKFSKAEALRIYOK VQEMEREAKFDEIRKKEWKKFP INNVELASWIDNALECDNEYLA MDFETVGDNGGTDWYREEISGF SLTYRYKGEINGYVPMRREED GSPSHLNIAWYKWAEEGKRVFE SOKATVWHNATFDMGLAKASLG IAPRTVWHTLULMHLLDEDLPSY QLKVLATRF LNIPSDTFEEMFGK NAKFADEIARIYAGKDTYVG FLLEFGNINILKPSFAKIKKVE RIERPQIMATFEMSEGFHNME EVEVQRKESEAELEISARLDAR FGDVNFSSPQLKLLYYVDNDW SKYVTPDHKILRGHVGYNEHGI SNKLFALMPNGSVILDPVNAE GKVPKNDNRNKLQANAKAMKK DCCQSC (SEQ ID NO: 109)	ADN polimerasa I [Enterococcus fago F4]	ABS50441.1	2e-174 (294/298)	ADN polimerasa I [Pectonaculum thermopropionicum S1]	1e-28 (90/256)	ADN polimerasa I- dominios 3'-5' exonucleasa y polimerasa [Bacillus pumilus ATCC 7061]	ADN polimerasa exo_similar a_Ecoli	3e-27 cd06139

FIG. 2U

97b	52279	52881	LTAFTVKIDTETAPDGKLGHQFN QFGTVTGRFSASINPILQOQPKK ARKMFEAPEGSLILGADFSQOE PRLLAHSSGQELININYEGRDL YSEMASAFNKPIECCLDGSYRK NTKMVLAINYGMGAYSLADLRI DAQEAQKMDIOFFVYYPEVEAW IEGNKKTIVKQRYVETLFGMR RFKHENFDILKKELELLR (SEQ ID NO: 110)	200	ADN polimerasa I [Pelotomaculum thermopropionicum SI]	VP_0012127 08.1	5e-43 (85/184)	ADN_pol_A pfam00476	1e-37
97c	52835	53227	NKTSTSLKKNWNSLDENDKLR SAASRALROATNALQGGAAQ TKLVMAARIRIKELSEARQEPN SFGFLAQVHDELLFKVPENVTQ QEVDAIEDVMINTVKLVVPSKTDI EIGKNWGMKMTARKDWPK (SEQ ID NO: 111)	130	ADN polimerasa I - dominios 3'-5' exonucleasa y polimerasa [Bacillus pumilus ATCC 7061]	ZP_0305429 7.1	8e-40 (87/185)	ADN_pol_A pfam00476	7e-10
98	53302	53583	MNSLYEQFKEGTLKEGQRFST GTVLDAEDPALPLVVDIDGEG KWLREGAIKYMPEAAEKLVEYSI GGRLSYGYGSDYEEGNVTCFFV EK (SEQ ID NO: 112)	93	No se encontraron similitudes significativas.	VP_0012127 08.1	3e-07 (37/100)	No se han detectado dominios conservados putativos	
99	53543	53704	MKKGNGHAFIWRSEEPKDFV QAFPMISFLKHFPEVVEIAESN KEGGNAL (SEQ ID NO: 113)	53	No se encontraron similitudes significativas.				
100	53701	54093	MKRFAITRIECTPDDELLELK AYEIVNELVGGAHVYVIERHKKR YFVDSHQYVEVAEQFELILGML LSKLDEIDINTLEISFEGRAKIV SENYKDELKDYFDREVKWYSP DTVVDGLSILLEGGV (SEQ ID NO: 114)	130	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos	
101	54096	54311	MEIKVEQPKIILLEVGVRYTSD WVNSTTVSVDKAYAYENACY KVLLELCESDAKYIDICFVREAT	71	No se encontraron similitudes significativas.				

FIG. 2V

			ENA (SEQ ID NO: 115)			
102	54304	54765	MPKKYVLAISMYLYAFIAVIG GTFLLVGAFAVWYGYGRFGD TVGTILFLSTAGLALCTALYEA RKEFRKDALRVRIODPEDGINTQ SHKIVYMLPEDVIRQASTVGIPIK DIHIESEELRNKKGSPCHHEVET SGWVYAYHRV (SEQ ID NO: 116)	153	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
103	54762	54901	MLREIWDNLNYTFKTRGKLMERLI DRGVGLDGEFLKYLVD (SEQ ID NO: 117)	39	No se encontraron similitudes significativas.	
104	54957	55235	MNYEEFKKEIESIDYLSVENRYD RYLVYSSGLDYPVAVSLETGF VDYNWRGHVRRADIPVLTAEVE KFAETPYEERFPKLLPTYWRKL C (SEQ ID NO: 118)	92	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
105	55180	55404	MRSVFQKNYYLLIGENYVSGITF TYPWLSADCEPEEPIEVTFNEAF PHLFTNPNKEQAKMLDAKIK HTWEV (SEQ ID NO: 119)	74	No se encontraron similitudes significativas.	
106	55443	55688	VLLTELALPWEESGVHEVKRN GTLIDDDDTLGRGIRNSDILSY LNLEYPAKNGSSGGRIHKEHW GTHN (SEQ ID NO: 120)	72	No se encontraron similitudes significativas.	
107	55614	55907	MEVVEEGIMKSTGERITRONIKE GMKVCYKSYESQGYFTVCKE YEVWAGNCGYLGKDNRGDGF WDCAFNEDKVFEELEPSEKS FFKSPRK (SEQ ID NO: 121)	97	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
108	55795	56040	MAVMDLSGVOSLAKMKTSLSSRF WKSLOKKAALKALESKRELNNH QDELFOKRRDRNKQALGSKA RRLEAKALIEKYI (SEQ ID NO: 122)	81	Proteína hipotética EFP gp198 Enterobacter fago pNEF24C	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 2W

109	56135	56260	LWKALKKSEQLSEDLTPADIT VLNIPNDKKQSSLTGH (SEQ ID NO: 123)	41	No se encontraron similitudes significativas.	
110	56274	56684	MLTDFKAVEKIGLEVDNSYSS VLYVESHGQVVSINKGCCSETFT WONGTDIHHVGSLLLEPLVEEYA NTPIGEREKKVSEKPLESYPIEEL GEASKILLNKHPNACQVVISQE RIHFYEPKWSIPSEWALENL (SEQ ID NO: 124)	136	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
111	56763	56951	MEDFNFACTVLMTVLISGYVAI QLVIAVAGTFLPTWAFVIVLGL VYTNRYVLLKGGEY (SEQ ID NO: 125)	62	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
112	56951	57136	VNTVYQDTQDIYLKAFWICIDRA RNIPAGVTWYLGSGDTFPAING TANPSIKKDFAAYGQA (SEQ ID NO: 126)	61	No se encontraron similitudes significativas.	
113	57209	57421	MINLNGSEMSRLINMVEQLAD VKONLAFYQDSISGSPGIESLT EDLTETRIKARLEVMLEQFEKL V (SEQ ID NO: 127)	70	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
114	57434	57649	MDLTAEELTFACLVENNEEV QDSINYSFKDAAAKVLEKQL LESIRLASRLREESKYSMLIGGL SIC (SEQ ID NO: 128)	71	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
115	57643	57834	MLRKEKAYLFTYGLHSYPSVI GVDSYSDSVAMERFYKIWRKHY PKHYKTHKEFTVKKFDI (SEQ ID NO: 129)	63	No se encontraron similitudes significativas.	
116	57897	58037	MIPEGTYLKDSGSLNHYFEGHI VGVRTGVRGYGTVAWVKELDK NV (SEQ ID NO: 130)	46	No se encontraron similitudes significativas.	

FIG. 2X

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas EFS (n=105)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F168/08	0×10^{10}	22	11	10	4	53	47
	6×10^9	19	14	8	3	56	44
	6×10^7	16	4	2	3	75	25
	6×10^5	15	1	0	0	84	16

FIG. 3A

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas EFM (n=56)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F168/08	6×10^{10}	6	5	5	0	84	16
	6×10^9	4	8	4	2	84	16
	6×10^7	4	2	0	1	93	7
	6×10^5	2	3	0	0	95	5

FIG. 3B

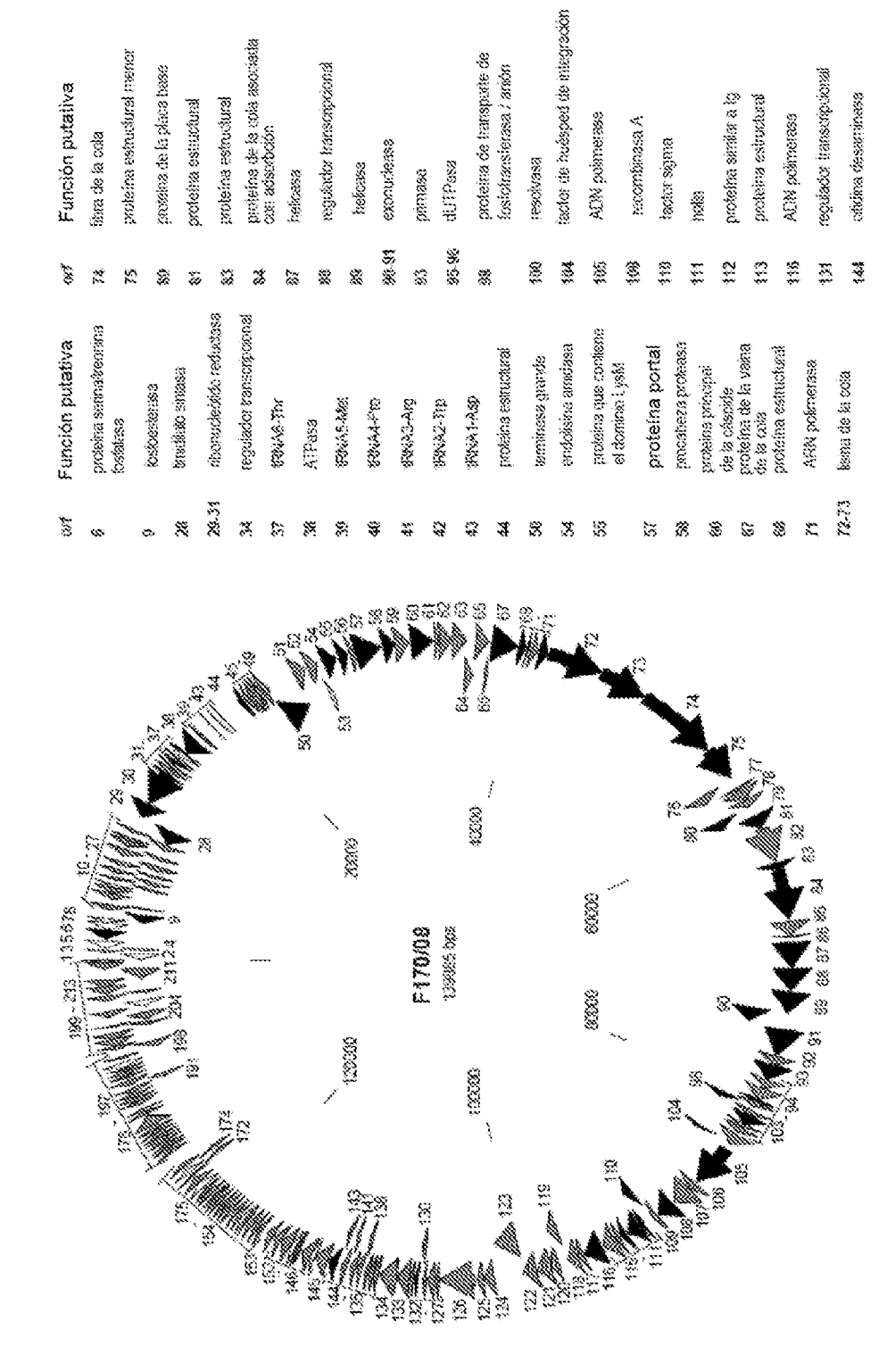


FIG. 4

orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E _p identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	53	<3	MKKRLLELTPELQQYA (SEQ ID NO: 131)	16	Proteína hipotética EFP_gp173 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504282.1	3e-08 (17/17)		No se han detectado dominios conservados putativos		
2	511	50	MEDKYALALEEDTGWKA CETPTREEAVSAGKALLS INEGKTYVDSGLMHVEDIFG ALPEKCATSFAGQENKAVI SVQVGMLESVGEOLYSEY GEVAEDYYPTDEVSDAIDE LHEIANMLNKNLTQPPSFG SVDDVEKITLEGENK (SEQ ID NO: 132)	153	Proteína hipotética EFP_gp174 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504283.1	6e-80 (147/153)		No se han detectado dominios conservados putativos		
3	701	525	MNLTACDILLDELKDO CHALEDYVVGEPNPDYHY LEFDGWHLSNTNMLKG (SEQ ID NO: 133)	58	Proteína hipotética EFP_gp175 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504284.1	3e-17 (52/58)		No se han detectado dominios conservados putativos		
4	892	698	MNVLQYIKVHVSPTPYTED WTKHDKGLMVLTVNCG SLSRREHLFYDEWEEAKK KGYMA (SEQ ID NO: 134)	64	Proteína hipotética EFP_gp176 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504285.1	4e-23 (54/65)		No se han detectado dominios conservados putativos		
5	1326	859	VREKEVNVFIETLAERKK KWNGYLTSLRDSYTLREIR SYSVMITGAVVFLYNYDL NKRIVKATLDOWRMPYVD LGEFEYFRELGMYYDDKVR EALDLYVRQIGRSRPESKAL GIRRYKEVSRNNRTOTRKF KPRKGHWK (SEQ ID NO: 135)	145	Proteína hipotética EFP_gp177 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504286.1	5e-76 (140/145)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 5A

6	2101	1418	MLLNKHWNSEEDLLGGY VORGSKSAEVLGFVYKHIN GGTALLGNKHDMILLOFLTE PLIREADYEDLSMYAMMM YNGGDKTISLLDDEHLQD AFTTRNMILLEKTNVVEVISLL EPYVEHGDITLCAHAGIPYR QPDWKTATKDEMHWTRPLA LOKNKTKTVMGHTPTIML RKENSQVFLGDSIFIDGA CAYGGJLNAVVDKSGSLL NTYKQESLSK (SEQ ID NO: 136)	228	proteína putativa serina treonina fosfatasa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504287.1	4e-131 (227/227)	proteína serina/ treonina fosfatasa	Proteína putativa fosfatasa	PHA02239	1e-08
7	2834	2155	MTMHTENLLAVTFLLQMAV VAFITKGIVYDRLSEYRD VVGIAFSILLFONGAMLIHQ VIAFSWFFNNSFRESDFLA QGYFVILLVIALNVYGSTL FKNIRVKNKYNYNARSKNY KLALVIVTFVNTVLVLATYW LAEVYKGAHH (SEQ ID NO: 137)	159	Proteína hipotética EFP_gp179 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504288.1	1e-82 (158/159)	No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos		
8	2869	2638	MKPDYSSHGKRFIPKKRYPR ILMKEVYPTRVFYDFPRVLP WEKAPDPLRVKEVEFTEH EGRVEKERYTYSFFTHFE RSG (SEQ ID NO: 138)	83	Proteína hipotética EFP_gp180 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504288.1	3e-39 (82/83)	No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos		
9	3487	2686	MGREYVSDMHFFHRNIOG EASFMDTRKHQNDVEEMNE YLINEWNTTVRPEDVYVY4G DFAMGAKVNSIANVLERLN GTWLIKGNHDKSPLRKEIK RNTSLNDRVHWEDVGIILKR MHKVVMTHYPLIGDRGN LINLHGHIHELARPEPILNV GVDSPELDNRHKLQKPLLED AIRLVNKKQVNFNFASRAYS IHGDLQ (SEQ ID NO: 139)	203	fosfoesterasa putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504290.1	5e-98 (178/180)	Fosfoesterasa	Fosfoesterasa o fosfohidrolasa	COG4186	8e-17

FIG. 5B

10	3883	3510	LNLYVYVILTMHAGVDYAL QSDYIAKGKQIDLYLHVN WYIVATTLRLGTPVKLGIV VCLWPHRMDYKACSAW FLKTPNKRITQIEQTVHYL QLAVFWFATH (SEQ ID NO: 140)	118	Proteína hipotética EFP_gp182 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504293.1	4e-42 (94/116)	No se han detectado dominios conservados putativos
11	3973	3657	MKLVTCECGGNILEGAPN EYGFCDTCTPYKEEDLI (SEQ ID NO: 141)	38	Proteína hipotética EFP_gp183 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504292.1	9e-13 (35/36)	No se han detectado dominios conservados putativos
12	4693	4280	MTYRKKCVITNPOEPFTE GKEYRIAHNNTIGYFKDD GTTAESGKTRGELLNKLE YWYSOFELIEIEPKQINECT EIRKFGOTLQYNMDIGHL EGRILVGKPSNIISTQIAMLV KREAVQELYDELFKEDS (SEQ ID NO: 142)	137	Proteína hipotética EFP_gp186 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504295.1	7e-50 (98/137)	No se han detectado dominios conservados putativos
13	5081	4695	MTVNRCTLKTETHTFEGKEY OVFYDDARGYFLRDOEGDR ESGATPELLLAELNNYWH KFELGAEPKLLTLYGIDK GTGTNMAVGTSLSQVLEKV KELDIWFSDDSDFYANYKSO VIREEWET (SEQ ID NO: 143)	128	Proteína hipotética EFP_gp187 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504296.1	1e-84 (121/127)	No se han detectado dominios conservados putativos
14	5358	5083	MTKLSSAWLVKFEYRAVNM RAFTSYDKAVTYNEMVQNI DEQEESSYYETKTYTDDHK PLLTQFYWNEDRTFRNIG FVSIKEIELEN (SEQ ID NO: 144)	91	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos
15	5548	5321	MIRKQLLEFELEVEDEPMVG RINGYRTVMQTRAYAYSLO DAYHAFREHRYHKSKEVE EEINDEKLSM/SEI (SEQ ID NO: 145)	75	Proteína hipotética EFP_gp189 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504299.1	1e-27 (60/61)	No se han detectado dominios conservados putativos
16	5811	5638	MIRKHAHKGWLFLELAVL TIVKIVLGRPLDGFNLVYL LOLLYGMKLSNDE (SEQ ID NO: 146)	57	Proteína hipotética EFP_gp190 [Enterococcus]	YP_001504299.1	2e-23 (56/57)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5C

17	6145	5801	MNELDGSKLEADIKTKQLL ETQELKKNFIRNEKLSRRN YELSDVLKRLNTLLDWMED LONLMENVEGKEDANKHS KVEKENVKGWLERLTKLAN ETRNIEEVLESYEN (SEQ ID NO: 147)	114	Proteína hipotética EFP_gp191 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504300.1	7e-55 (111/114)	No se han detectado dominios conservados putativos	
18	6389	6145	MVLTMKPVPRATSEQVYR EEYANGWAVEVHSLKFG HYVENKPYSAIMKPAENF ADYSTVGTAEEVLKLEEV EYEEDM (SEQ ID NO: 148)	84	Proteína hipotética EFP_gp192 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504301.1	1e-40 (82/84)	No se han detectado dominios conservados putativos	
19	6634	6380	MTRDYSKPLANGSKNELL DIOSOLENEVRLKILERTTK EVEEKEVPHYKNVISPENR SYLEGMERVENVRVYGF NNE (SEQ ID NO: 149)	84	Proteína hipotética EFP_gp193 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504302.1	2e-40 (84/84)	No se han detectado dominios conservados putativos	
20	6980	6645	MNYRVSYENSQEWLDAFN EFGSGSKMNEAHPDIYEPI KTAVLLFNHEVAEGEALRE KIDESEEDTCCHTYETAVQ TOYSSIDEDQAGFCNCGHD THKGYKEYTLK (SEQ ID NO: 150)	111	Proteína hipotética EFP_gp194 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504303.1	2e-58 (108/111)	No se han detectado dominios conservados putativos	
21	7392	6955	MNNEVVPKQVKEFDKQR EQMDKLOILEGQRYSCYEY PKSEFSKWFANTDTFOAV ANTASLPKYVVAWPEKQKR DYGLLRKDGKLAVALPRN EPLSGDTLSKLNQVYLTEAEI KEIDERYWLFRKTRRELSYE LONCH (SEQ ID NO: 151)	145	Proteína hipotética EFP_gp195 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504304.1	2e-76 (157/145)	Proteína de función desconocida (DUF1642)	3e-04
22	7989	7408	MGKQILKGWVYTDNSPGAE TNEPYLKEKYKEIYHHEH RALNMLICNALHALGAEDTT TEEYDGGISSKYHLDAWEI QFSAVERTSLEDITKNVYLK SMQVLDFEEGWYGSWSFTI EGFETNTPKLGGHILNVIR QLEGKYVYTIQKV (SEQ ID NO: 152)	153	Proteína hipotética EFP_gp196 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504305.1	3e-77 (136/153)	No se han detectado dominios conservados putativos	

FIG. 5D

23	8089	7862	MELMIEGVSRGEFSKQFKV SQTEATVDIAVNRITVEVFR PDCVHEQTVTLTKENLDLV TAQYTKERMNSHG (SEQ ID NO: 153)	75	Proteína hipotética EFP_gp198 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504307.1	3e-29 (62/72)		No se han detectado dominios conservados putativos
24	8508	8077	MFYKIELMAELTKEREKOT LGCSMPAEDRKVTRIAYLS EQDDLNSLLDIPVNYHET WLLDEPLONTPTPEFHEVM VLPYGEIMGVDKCYEEVA SSISLGVDDEFRTLPTVDL QERTFHFHGLSKEELANK WSL (SEQ ID NO: 154)	143	Proteína hipotética EFP_gp199 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504308.1	8e-78 (141/143)		No se han detectado dominios conservados putativos
25	8741	8511	MSKELSCGACNEVFSEMD EWRLTDDSMYHKDCVTLY STGYCAFLDDEVLDYIENG EGEPACFFLEEGEYIEEEE (SEQ ID NO: 155)	76	Proteína hipotética EFP_gp200 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504309.1	7e-35 (73/76)		No se han detectado dominios conservados putativos
26	9169	8738	MGLTRITREWYNSDLDKL HKEGRDIYRLKIKRLTYG EVEREPNNGFQVNNEDTLP LILDNYEYVTTTTELTEKQL NLVWLHYLERLTKLTADSL HNLISCKANDATLQWADL SSVEAEVIRELVQYVDKG GSL (SEQ ID NO: 156)	143	Proteína hipotética EFP_gp201 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504310.1	5e-59 (140/143)		No se han detectado dominios conservados putativos
27	9325	9173	MANKVSLENLLAMAVTAKE HEMSRHNKMPQLEKTEAN INKRIKLSKEG (SEQ ID NO: 157)	50	Proteína hipotética EFP_gp202 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504311.1	1e-16 (49/50)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. SE

28	10272	9025	MDFDKIKYKDLVMDIKNGVT ELPEGTRAVVADGTPATTKE IEGVNFTITPDMGAPLRSK HYGIMWALTELOWWQEMS NEVSWIKERGVTIWDEWE QEDGTGKAYGYALPNKERF IPVYSGDVELAKNRKAGSLI PKVVPKGGWAGTHQPYL KLNQVEAVIEQLKSTPNRR IMTLLWNVEDLYDMSLEPC VWTTHTWTVVEGKLNHVKA RSSDVQLGLFFNIOYHALQ LVMANTVGLGLNLYWTSO NA (SEQ. ID NO. 158)	315	timidiato putativo sintasa { <i>Enterococcus</i> fago phIEF24C}	YP_001504312.1	0.0 (313/315)	timidiato sintasa	Timidiato sintasa y pirimidina hidroxil- metilasa	cd000351	3e-44
29	11375	10392	MNLQERYEGINWKKIDVID QATWKKLTEQVWLDTRVPV GMDVNDWAKLSDMEQDLIN KVFGGLTLDIVQSESGVH SLDDVRTQHEEAVLNNAF MEAVHAKSYSTIFSTNPT EIDNIFEWATNKRRLQYKANI INDIYRNGTLPQKKSASVLE SELFYSGFYTPRLYLGEAKM VNTAEIKLRDESVHGTYIG YKYLQFNQLPETEQEME QWVIDLAFKLWENETQYTA ELYSEIGWTKDVNTFL (SEQ. ID NO. 159)	327	ribonucleotido putativo reductasa { <i>Enterococcus</i> fago phIEF24C}	YP_001504317.1	0.0 (327/327)	ribonucleotido reductasa	Ribonucleotido reductasa subunidad R2/beta (RNRR2)	cd01049	3e-63
30	13538	11388	MNTYIELNNQLNPNNGKIQ DKDKEAVRAFFLEHVKNKT VFFYSLEEKISYLIREGYDK TVITDKYSNEFIKKLFKFIYS KKFRFDTFMGAYRFYKQYA MKTDGGERLYLERYEDRVAF NALTMGQDDEELAMKIADE LIMRRYQPATPTFLNAGRLR RGEYVSCFLQVEDSMSSIG RTLNSALQLSKLGGGVGINL SNLRALGDPKKGEGAGSGV VPMKMLELGGFRYANQLG OROGAGAVYLVNPHADM (SEQ. ID NO. 160)	716	ribonucleotido putativo reductasa { <i>Enterococcus</i> fago phIEF24C}	YP_001504318.1	0.0 (710/716)	ribonucleotido reductasa	Ribonucleotido reductasa Clase I	cd01679	1e-132

FIG. 5F

31	13783	13541	MTKVTIVYSKDMCGGQCLFLK NMLNGKNPFDENSHDEQ ALAYLKEKGVSSLPVVEADD GFSFNGVRPDLVKKLEKEL GV (SEQ. ID NO: 161)	80	ribonucleótido putativo reductasa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504319.1	9e-40 (80/80)	ribonucleótido reductasa	familia redoxin NrdH (NrdH)	cdt2976	8e-12
32	14176	13910	LATRNKIGTYTNDGNNVWQ MAGSKAELELLSPNNAKYL LEVTDTPPEYQKVNRLQV ETGKNYSVLLDKVTNKSQE SEDFLGDKV (SEQ. ID NO: 162)	89	Proteína hipotética EFP_gp211 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504320.1	3e-41 (84/86)		No se han detectado dominios conservados putativos		
33	14487	14182	MKTDLQKKELLEKDLRSYK KLYELQKSIKEEDELKSSIS DMEELGESKISIDGGTFKLM PEYKRASADTKLLMNVTYPN VWEKVNVTYTNKYINFTHD (SEQ. ID NO: 163)	101	Proteína hipotética EFP_gp212 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504321.1	2e-49 (100/101)		No se han detectado dominios conservados putativos		
34	14808	14578	MEKVPKPKVLKRVREARG ESLRELANMIGVHWSSISY WENGHKEPRVKNRYKLAKL YNIPVEHFEEDNGQELPL (SEQ. ID NO: 164)	76	regulador transcripcional putativo [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504322.1	4e-34 (74/76)	regulador transcripcional	proteínas similares a la familia XRE Helice-giro- hélice	cd00093	3e-36
35	15096	14872	MKKFYGIISTITTRTEEYKK LNQKTERTRREVTPKETY QSSQPRRLGAPKELEAFAR KONGKVITYIGAF (SEQ. ID NO: 165)	74	Proteína hipotética EFP_gp214 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504323.1	6e-35 (74/74)		No se han detectado dominios conservados putativos		
36	15491	15207	MILQILGERKYDCKDSTEERI VKPFIELIDGVQFLLEGEMAF SLLSKHHEITRVPNSPYEY RTEKEGYKTFVNSVYVIND EGKTLRLFLERGL (SEQ. ID NO: 166)	94	No se encontraron similitudes significativas.						
37	15614	15543	GCUGAUUJAGUAAUAGG CUAUUACUCCGGUUGUA ACCCGGAUUGGAGUUC GACUCUCUCAAUACGCA (SEQ. ID NO: 167)					18NA6-Tty			

FIG. 5G

38	16731	15640	MKVNYGNSVEIYANDLKY DKLPQTYKVRFPNPSGFS LAVTDQFKLKESKYYGDRLY KIEKYLHTFKTNRSLSGLVLS GEKIGKSLFTQLSQRAIEE GMPVILITEAYVPGIAEFDSD QESLILFEFEKVFENDRDGR ESQEKLLSLFDGLSQKRIY ALTYNINLRVNDFMLNRPG REHYHLRFQYVDADERITYL QDKLDKAYYGEIDSVKPSR RIKLNYDCLRAIALELSFGIS FGEAIDLNLN (SEQ ID NO: 169)	363	Proteína hipotética EFP_gp215 [Enterococcus feco phEF24C]	YP_001504324.1	0.0 (360/363)	ATPasa	superfamilia AAA+ (ATPasas asociadas con una amplia variedad de actividades celulares	ctf000009	3e-04
39	17175	17102	GGACGULUAGCUCAGUG GUAGAGGAAUUGGCUCA UAACCGAACGGUGCCAGG UUGGAGACCCUGCAUGUC CA (SEQ ID NO: 169)					tRNA5-Met			
40	17307	17234	CGGAAAGUAGCUCAGCUB GGUAGAGUGGAGGCUUG GGAGUCUGAUGUGCCAGG UUCAGUCUUGUGUUCUCC GA (SEQ ID NO: 170)					tRNA4-Pro			
41	19179	18106	GUAGGUGUAGCUCAAUUG GAUAGGCAUCCGCUUUC UAAGCGGACGGUUGGGG GUUCGAUCCUCCAUUCU ACG (SEQ ID NO: 171)					tRNA3-Arg			
42	18736	19685	AGUCGGUAGUGUUAACUG GUACACGUGUGUGUCCAA AAACCAUAUAUAGGGGUU CAAUCCUCCUACCGAUG (SEQ ID NO: 172)					tRNA2-Trp			
43	19063	18991	GGCAGUUAUAGGGCAGAGG UUGUCCCAACACCGUUGUC AGCGUGGACaCACGGGU UUGAGUCCCGUUAACUGUC G (SEQ ID NO: 173)					tRNA1-Asp			

FIG. 5H

44	20880	20542	MNYPKREKWEVSLTSGTY SVFPRRLGVTTNDAMSNV GAMKCAELPMIPVHKLADR OSELYYNFAFQQTATENVV DMPERTSLYTKPEDETPEP EIRLGTINNYFSLR (SEQ ID NO: 174)	112	proteína estructural [Enterococcus fago pHEF24C]	YP_001504328.1	4e-51 (108/112)	proteína estructural	No se han detectado dominios conservados putativos	
45	21288	20944	MNDYQNDLVLRLRLIEDK LHGELTEKGKQDAVELNS AVSELDRVNSLDKRLAVHE EKVAHLYQITKLEETIDALE GVNDKEFDHKKRDIVENVFM VLGAUVTVFSSMEK (SEQ ID NO: 175)	114	Proteína hipotética EFP_gp220 [Enterococcus fago pHEF24C]	YP_001504328.1	9e-59 (114/114)		PHA02414, hypothetical protein	1e-39
46	21583	21323	MYETALVQALLQMFVYLM SYVYTRALQYKKLQAL SPL ASYKFTFVLYGSGSLYLF NGYYPIVYTVGAILVCLW FTSD (SEQ ID NO: 176)	86	Proteína hipotética EFP_gp221 [Enterococcus fago pHEF24C]	YP_001504330.1	3e-41 (86/86)		No se han detectado dominios conservados putativos	
47	21700	21969	MDNSKRIKKRFTTSALVAVT LSKLSKYVIVEQNAFFQALI GGASCALLSSLFDWYTNKK KKENVENCLKEASDLQKK AIKR (SEQ ID NO: 177)	89	Proteína hipotética EFP_gp001 [Enterococcus fago pHEF24C]	YP_001504110.1	5e-43 (89/89)		No se han detectado dominios conservados putativos	
48	21980	22268	VSTNKDKIKRRIYFSQSSK TTTKRGDKRISATRICAVC GRPLSKLVLTGVFTVAVD HISCKISDRRLNWCEDIRSC YAYSSKRGES (SEQ ID NO: 178)	92	Proteína hipotética EFP_gp002 [Enterococcus fago pHEF24C]	YP_001504111.1	3e-44 (91/92)		No se han detectado dominios conservados putativos	
49	22272	22700	MGMDRLKDNKAKKKLERT PEQQLRDTFNQASIKLNCQF MANYTSGAIEYDDIADLTRL FOIYLQVNNINDGMDEGTG TLPALTSEHKDISEKVSIEKI IKDGEELLSLDELASLPDD QLEEVLYNRELQMNRENEA TF (SEQ ID NO: 179)	142	Proteína hipotética EFP_gp003 [Enterococcus fago pHEF24C]	YP_001504112.1	2e-74 (140/140)		No se han detectado dominios conservados putativos	

FIG. 5I

50	22700	24535	MTTKAQHAKMAKEMVGTID KITTECLAYITDMLTPSYLL RNHSVRNHPITRISGRDATK AOAHRPWQPKINQDHRDK AIKSRQLGLSEMGVGSMLQ FADTHSYDAVKCLYTHPTNE QMTNFVQTRLDPLVLONGY STVNDDEVNSLKAKIRNSFL YFRSSSKPGAVEGVDDIYLS MDEYDRVPALAEASALESM SSSPYKVNIRWSTPSAPDM GHGLPKGSIOHWYUHKCE KCNYYNEMSYDAYITPEAP (SEQ ID NO. 180)	611	terminasa grande putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504114.1	0.0 (494/494)	terminasa grande	subunidad grande de fago terminasa (GpA)	plant05876	1e-09
51	24635	25423	MVDNNVKSISKTIEGLINKSL SYEYVKNNEILLTNEYQHVYK AYGFDNFYIMYLYADSDS NDWYLVKGGQKDLKLPV NRKVVRNGKMTITTYEDTG SSDNNNSPLDKESKKKKE LEPVNAKELRKVSLGSDEEE KLDPKIAKLADTKKFGNN FDTQCTDYLLLEGQDSVTRGV VGFTREGSYLKMSFSMSDE AVEGMMKLAFSQILKAWK LGLGAKISTDWARDVEELISL YGYRRNKTEYIVSMSSSL (SEQ ID NO. 181)	262	Proteína hipotética EFP_gp006 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504115.1	2e-148 (261/262)		No se han detectado dominios conservados putativos		
52	25612	26244	MELMNNKKLDELTKNVAID EDYDIFVEKMGNLVKDLYEN YQFLQWAPPEGDYTSGYFL GQVIRAEYYPVEYENLFLA VDKNLNELEINKRPFVAVKO GKVLPLGEAVDELOTGCS ILQACEVRNVVGTKEYMA KQEEERKERQAKLEERER AMEVLTKDQVNLTLRVTEA LANELTDEVAEKYDLMELVN SMREGLKAHNGN (SEQ ID NO. 182)	210	Proteína hipotética EFP_gp007 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504116.1	6e-116 (209/210)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 5J

53	26234	26578	MEKNSLGLKALIKNIRLLREK RDAMPDNI EYTSQVMPVP YYLIKGDNAVESFLMCAG MINRNKDLGLPISLEKQKQ VKLNNGELTIVECVATYSID KTDGQVERFLVEHL (SEQ ID NO: 183)	114	Proteína hipotética EPP_g0008 {Enterococcus fago phIEF24Cj}	YP_001504117.1	1e-59 (113/114)		No se han detectado dominios conservados putativos	
54	26672	27541	MAGEVFSLSITSVNPMPN AGSRNGITDIIHLHNATTN KDVAMKTWLLGGGAGTSA HYECTPTEHCCVGEQYSF HAGGTGGIDVPKIANPNQR SIGIENVNSSGAPNWSVDP RTITNCARLVADICTRYGIPC DROHVLGHNIEVTATACPGG MDVDEVROAQQFMAGGS NNAVKPEPSKPTPSKPSNN KNKEGVATMYCLYERPNISK TGVLEWNGDAWTVMFCNG VNORRVSHPDENMKVIEDYR KNNG (SEQ. ID NO: 184)	289	acellinuramoli-L- alanina amidasa putativa {Enterococcus fago phIEF24Cj}	YP_001504118.1	3e-169 (288/289)	endolisin amidasa	Amidasa_2, M- acellinuramoi L-alanina amidasa	3e-10 pfam01510,
55	27738	28348	LKTSILGLSLSLGLVVLG TEAKAEVTEGKTYWKVE SGDTLSEIGAKYNLDFTNIH KNKGVVADPNVIFVGDKFL LPIDENGKLVQVNTTEPDI EVQYNAPVTPEDQVVEQOE VVEQPVVAETPAPVVEAP ADSSSAKEWIAQRESGSY DATNGQYIGRYQLSASYLN GDYSPANQERVADEYVAGR YGSWENAKSFWLANGWY (SEQ. ID NO: 185)	212	LysM de unión a peptidoglicano {Enterococcus fago phIEF24Cj}	YP_001504119.1	2e-92 (208/212)	proteína que contiene el dominio LysM	LysM, dominio de lisina	cd00118 7e-05

FIG. 5K

56	28488	28832	MGYQDETQWQMKVKKVN GFVGDWLIHSYYEYGGNH VQHTTNGESYRIILIDSR EILLDRGNPVAYVEIVND GQKSFYNDMEEEKIEIPNG RCLNDKTRKGVV (SEQ ID NO: 186)	114	Proteína J hipotética EF_P_gp011 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504123.1	2e-60 (113/114)		No se han detectado dominios conservados putativos	
57	28847	30568	LPKWLDKALGKESSEETR NMEYKMHLEIDTNVNN EPYSMESSEKGMNGKTIAY MOPGEMSVNPGYTKPSI RNSQDLHKTLKFGNNILN AINTSRMCVSMYCKPARN ETGVGYERLKDIEAETSH DIANKRIESENTAQFRDP NRDNFTTFCNLVRATMY DQVNEKVFQDNGRFKFDI VQPTIFLATNGEGLKNGE RFVQVIDNRVAKFNERELA FAVRNPRADIEVGQYG (SEQ ID NO: 187)	573	proteína portal putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504123.1	0.0 (571/573)	proteína portal	proteína portal del fago	1e-05 pfam04860
58	30679	31470	LSEVREKYSIFVPLDIENSIQ KSESVNDGEWYVQGYATTP DLDDGDLPLQGGIDSYFIEN GWNYEHKNDAEFIGAPTS NCYVDVKGLFVEAKLLKD NKYAQSMWKLANTIQKSGIS RQLGFSIEGAVSRNAQDN RIIEGVKHNVALTTHPAAPR ATWETLVKSWTTGYGTAPD ACVDAGALKRREMFKEISN LTYAVRTIAGLYSKRPAAKE FILREVAKDIEVDTSNELSK FMQLSRGISLKEAT (SEQ ID NO: 188)	263	proteasa procabeza putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504123.1	9e-152 (260/263)	proteasa procabeza	Peptidasa_ U35	3e-07 pfam04566

FIG. 5L

59	31477	32433	VAKTLNDIEDFDAQLNKVK PTTDEETRVSVEEPEKVK EECAEVEQEEKPNESEETA GNDGEESGVETVEAEJEE PETVEEVVVEEPVEESAETV EKSDTKENKDEEEFEDEE DEDKKXKDKKDKKKDKKE DKEDIEKSTEVEQVKSSEIL GAMEAIFKNMGLSEKLEDEI HREFNEAKEAKEAKEDIEA ESVEKSLDNPKEKTSKEDS EKGAVGFVNKSVAVEEVA TEEPTVDVYVVDGEQDTAEP (SEQ. ID NO: 189)	317	Proteína hipotética EFP_gp015 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504124.1	1e-118 (290/317)		No se han detectado dominios conservados putativos
60	32571	33971	MTEKNTERQLTSVQEEVK GFTTGYGTPESQTDAAALR REFLDQITMLTWADGOLS FYRDKRPATSTVAKYDVY LAHGRVGHTRFTREIGVAPI SDPNLRKQTVNMKYVSDTK NMSIATGLVNNIEDPMRLTD DAISVAKTIEWASEFYGDSD LSENPAGSGGLEFDGLAKLI DKHNVLDAKGASLTALLN QASVLVQKGYGTPIDAYMP IGVQADFVNGQLDRQVQVNS DNGQNMATMGFNVRGFNSA (SEQ. ID NO: 190)	466	proteína de cápside principal putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504125.1	0.0 (462/464)	proteína de cápside principal	No se han detectado dominios conservados putativos
61	34070	34333	MLKSELNKTVTTFAGVTF DHNGETTDLTVEOOEHLGT KVPYIOYIPDAPKAKEKEAT AEKADEAPKKAKKAPAKKTT KSKKEED (SEQ. ID NO: 191)	87	Proteína hipotética EFP_gp017 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504126.1	2e-41 (87/87)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5M

62	34346	35245	MYPDYGYEEQGDNTVQYQ PYAHGNPKHDLKIDDIQIP ADYGTWTPATLKQYMFGEV VNPETGEPLGDTFYEHIIS AIAKAEKRLDIAMPRLIRGE HHDYHQSDFNSENMYTHVRK RPIQAEKQLQLEVNGRGLYR YPSNWKVVALAGHIQMYP TSLMQTGTQFGYEMTFSGY POLAGMPPSGGQVDAPQMI HIDYVAGMLPRKNRGYNED WECPADLEOLVIKYALKEIF QQWGRLLIGAGIASLSLTV GI (SEQ ID NO: 192)	299	Proteína hipotética EFP_gp019 [Enteroboccus fago phiEF24C]	YP_001504127.1	4e-176 (298/299)	No se han detectado dominios conservados putativos
63	35262	36131	MGEKPIRFGGAGETGNPK QLNTRVFEFETKGMASREN RGIDVLWERAWLCTORNPM TLPKSDCPIRCRGAIYQIP AVKLRAIOSQEKGSNQDL GLLDTGTAGTTTELDSKITER DRITYPEVKNYQSFIENVNKR RYANGFLSYDVNSIEDIYG KDGRLVDGVDFRMDYDTN TYNPESLIDINISINMSVTLR YVIDLLKESRYQYTTFGVKQ TOFESLPKLLKREDVIDS EPPSLDIDTASR (SEQ ID NO: 193)	289	Proteína hipotética EFP_gp019 [Enteroboccus fago phiEF24C]	YP_001504128.1	4e-167 (288/289)	No se han detectado dominios conservados putativos
64	36124	36747	MARKGQRPVLFDSKAILG NLTRAVVDEVLSADQIVAL RNGSSVQRPSPSYLIVTESR MAKNGVIDLKPFFAFARNKKK YNKKGEWYLYIPISMKTNNM SRRLYDELRAVPVGTQPV VKMDYLYDRRKQSPSVSSI NYKPKSTNVTVPQSWGKG TRNTYVAFRTVNANSPANS WIIRRNVDODMSKTMILR NIDRLAKWALKNLGG (SEQ ID NO: 194)	207	Proteína hipotética EFP_gp020 [Enteroboccus fago phiEF24C]	YP_001504129.1	5e-116 (207/207)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5N

65	36751	37596	MIPSLDTLYKEFEERLRILS ECYIDEALKGMDKRALESF KNTYCSIDGKPKREVEMS YSFPQEHLSFARFVTLGS SEEDSKSIGGQGGYEYRE GNVISEATHREGDKLINTS KPVADYLNSSDSFAESDHF RIEDNKPVDFSYNEELGI SINVSVISKVSDDDVAGVYK GYQSDNVSISSISNIDTAR CLDAIARILLTMRDLSDEKTG YMLQTLHFQDMQVIESGE TLVFGRCPTVN (SEQ ID NO: 195)	281	Proteína hipotética EFP_gp021 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504130.1	3e-161 (251/281)		No se han detectado dominios conservados putativos
66	37596	37529	VAKETKVVKKVKKQPK KPKGYVHVDTFLDYAKVLY GLNKYQVAGFRALMAGREY QHEDADFPFLEKYICKEVK (SEQ ID NO: 196)	77	Proteína hipotética EFP_gp022 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504131.1	1e-35 (76/77)		No se han detectado dominios conservados putativos
67	37833	39542	MAVEQFPRKKVSRPHTEIV DTSGIGGASSSDKTLMLV GSAKGCKPDTVYFRNYQ QAKOVLRSGLLDIAELAW NASDVNTASAGDLAVRVED AKNATLTGGGLTFASTIYGV DANEIYVALEDNNLTHTKRL TVAFSKDGYKRYVFNILGNR SIOYKSGEAOANFTIADOKIS KKATTLTINVGAPESTTEV MKYELGQGVYSETRVLYSAI NSLPDWEAKFPPIGDRNLPT DALEAVTKVDVKTAEVIV (SEQ ID NO: 197)	569	proteína de la vainita de la cola putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504132.1	0.0 (566/569)	proteína de la vainita de la cola	No se han detectado dominios conservados putativos
68	39803	40025	MASVGNQTVHTGNTVYLM GNKIGRAQASASGERQYGT QGIVEIGSIMPPQEHVLYKE GTTILERMAMKEDLASLG TALGEDILORRIRIVAMDAL TKEIVWAYRGCSAISYESFT ANEVTSISTQFTYLSAKVK (SEQ ID NO: 198)	140	proteína estructural [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504133.1	5e-75 (140/140)	proteína estructural	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 50

69	40117	40263	VKYPYLVELYAKHVRDSGYI ENVPVYVEDVAKRVEEIKR EENL TID (SEQ ID NO: 199)	48	Proteína hipotética EFP_gp026 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504135.1	7e-16 (47/48)		No se han detectado dominios conservados putativos	
70	40309	40672	MTENNEKVFPTPTNLSREQ LIEKLQROENLTDEEVNLIK YNDAEERKQLDRIPGVNDV FSKHYNLKEYGLEFDIKAP NIENKQIARREAYLEGMG MAVSNFQSYQMLATIRVC GVPEVLADDEKYNLYVL GVIAKDYGEWLNSFRY (SEQ ID NO: 200)	157	Proteína hipotética EFP_gp027 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504136.1	9e-87 (157/157)		No se han detectado dominios conservados putativos	
71	40940	41515	MKKFKVLPSPDPAWQNLISD QVEWILYNMERDIEEOERLA KGMQLESEFOYDDSWYD KPHDEFSPHREGDDEEIAI KLSEITSEEDMAKLKARWEA SQEVDAIRAEGGTTHEDTIN ELIANNVKKAMEEARRIEKH GGKRWQEKSSIELEERKN LEFNSQLKGGIQEADLFN KDEPTSLDDEFQI (SEQ ID NO: 201)	191	ARN polimerasa putativo [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504137.1	6e-105 (190/191)	ARN polimerasa	RPO41, ARN polimerasa dirigido al ADN mitocondrial	0.010
72	41560	45216	MSNNYRFYVEAMTGDVAK LNEIDKLMKDIDSASAKGTQ NFFHTSQDKDKAVEEMOKL IKAKKELDRAFDNQKNAES MGDMATYKRAVSDAEELTR RFNKTKQEFONHARMOAN PNYNASTLRQOKAFRDELT EQERAINISRAQDELNRVN SRVNHRAQASATGRMTY NQESNMKRLRLRTGVFESL GSENKSRQDELREYKQR QEELAEITRSNTNLDROYRK NRETSIQAEIKEIEIEARK RLAD (SEQ ID NO: 202)	1218	Isina de cola putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504138.1	0.0 (1201/1218)	Isina de cola	proteínas de dominio SLT	1e-08

FIG. 5P

73	45255	48440	MSVELYPRFDLITFFETIDN YHIVYDAKDGLIGRNNNG ETEKVSNNFMAESVISLTK NALEDDSAVFSVLADGVY WDRVLNANDAVILKIDPOTS STRKSDNPVLLVGLISEVRL EGDYGENSKMYRITGQSPA KALMQFDLGVDEVSVALTID LGWLPDDAQEGIRMSGSSA SQIAESLMKRFLOYMKFNFN GQGDKFLWELDSWTEAE RLIDSTPYINIEGSLKQIID VTAKPFNELYEDATPEGKC (SEQ. ID NO: 203)	1061	lisina de cola putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504139.1	0.0 (1058/1061)	lisina de cola	familia NpC/P60 (función desconocida, encontrada en varias lipoproteínas)	pfam00877	8e-06
74	48534	54002	LKRRFQAGLGSEIKRVYKE GQINTLLAQVQVNYKYN TYDLLALQHKVEVFQNSYAN EGRFSAFLPMEFGGRNIVG QPYGVNPHAVGTVALVGF1 NSEKDMPIVSVYNNNDVSK QLSRTOFSNSDPKDELIGD MHQKESLYPSLTYDSVDGE GGRVVTFSKGSFIADFTEV ANSSTIDAGYGTGYEDLET SYNNIGDLEPMKGRAPNV LFKHGVLDDDDGKPDLDL LIHNPDTGYRTSMNKEED W (SEQ. ID NO: 204)	1822	fibra de cola putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504140.1	0.0 (1820/1822)	fibra de cola	No se han detectado dominios conservados putativos		
75	54102	56513	MALNGTRYTAFARHRLVLE WRANQMIAGNTSTISWLYL QSMQKWRGLDAPAGDAKV TYDGTQTQTEKASSMLNAFO KKLLAKEWRVNVHNDGSK RITIGGSYFVNVVTFDNGVP TYGCTIPNFSVDLNRIPR SSLNPVPTLNLPGNLPITMR QSSTFKHNLTAWVANRDNP TLNNDHWTYLTNLNDVGT SGAFSTVANNTKTFITLNN RTSWGGKVKLWITGLDDVV SQERTYKIVPMMNAQASGG K (SEQ. ID NO: 205)	803	proteína estructural menor putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504141.1	0.0 (769/810)	proteína estructural menor	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 5Q

76	56507	57232	MVEETQKIFVTLDDKDFVSN WGTSLSDEPVEYEVLPMD SPFFSHYNSNCFQYVIGEL VLSEELKLVAVASKFK RDCEETYLQKVPYTSCTTY LFDVSDDEFINKILLDNQI DYVIGITAVTSDGSQILKF DKSQYTTMTTRYKKAVESRE NKLNNKLLPMENAKSVEEA KEISWSSVPOELLPEQESNE PCDEQSDSLIKENKELRQK VEFNELALMDAINMFSEMN K (SEQ ID NO: 206)	241	Proteína hipotética EFP_gp035 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504142.1	4a-134 (237/241)	No se han detectado dominios conservados putativos
77	57264	57410	MYPYLSMLYASYVKKDPENY PLEKVPALIREDVKEIVEEMA KKNEKQG (SEQ ID NO: 207)	48	Proteína hipotética EFP_gp034 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504143.1	9a-19 (48/48)	No se han detectado dominios conservados putativos
78	57547	58236	MGQSDGMGGTLKRQIQVG NDPNKGWYRFQVNPQYK YNKPHRYTIFTKSNITEDF GKDIETQFSGTTGFRVDSR GKNGADRLEKELEIDNYAK QGGNGNRSSVEMKFNFT DKYFVWHLAPEGLSIFSA EQPLFNNTLSLVVREAGQ PSERAGVSPQIGWVSPSIR TYNAQCDTRTPAQILHDEY RRSVMPATVNPATVTSQAY NYGVNELKKGYYGG (SEQ ID NO: 208)	229	Proteína hipotética EFP_gp035 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504144.1	3a-130 (226/229)	No se han detectado dominios conservados putativos
79	58240	58776	MEKVEQSADLLRFFRYLNV DINGEVANVIDQPNFISR FYTPHTRVNMKSITLLDVRD NDIGETNKALSKEISLTYKFL KSGKLSSPRYELAQIVYLE SFALIYAEIEEPENPKMNES DVKQTRENVKYLIDCLGGAK DYTDVMDLOSMOVALGYIQ EQVPLQGGLPVNGTI (SEQ ID NO: 209)	178	Proteína hipotética EFP_gp036 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504145.1	6a-89 (179/178)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5R

80	58763	59467	MARYKKHLIVVGDIMQSAQ KETGSVDNNVVKIAEYNDLV YPYVDTMQEKMNSLEHLAT LGDTLPIPEDEGNLLDINTSSL NORDMDFLGLALCKDLDM TSQDYYENHGTSDQEFAT HNGHEDLKIAGADNIQAT ISRLMTAKGSLMLHPEYGS LHLMFGKTTIEOMKISIEVC DTVLKDTRAVECVLVNHYIE EDRYVGNRYRATLQSTREQF EFVQNDNSGALIV (SEQ ID NO: 210)	234	placa base putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504146.1	8a-135 (233/234)	proteína de la placa base	No se han detectado dominios conservados putativos
81	59463	60535	MRLKKSEILGRLLDVTMINT HEINDFSVGSTIRSIYEAQSM ELEOYILGRENILWGIEQG VLNAFDFRKRKRAYGMV TLEFHTVTQTPVYVPTGTF DSLSGAPSLTFQTMQDYI IPEGVITAKVEVYCTTVGTK GNPKGRINRVNNISLKT YNEFDLGTDEESIESYKA RFHAFVESRGRATIKALDYG TROVEEVAGVYKEEVGV RIYADLNGDLKOETLDKIK VAIEDYRPAGIKLD (SEQ ID NO: 211)	18	proteína estructural putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504147.1	C.0 (348/350)	proteína estructural	XkdT, uncharacteri- zed homolog of phage Mu protein gp47 COG3299 2e-05
82	60553	62970	VSNFYKNIHPLLRRGKKPNK YDDTFNFAVLNALNYELTQAE QETIAKHSLSLETATGEYLD TWGDWFGVYRKDWDNDY YRKRIRELLKRAPAIADAL LDFLNDNDVAVIQYEPWRNIF YTNKSKLNGDDHLMGYVYR FAIDISIDRPFPEIVEIKAFK PAGVLFYLRDTSIAKNTT VESPYVYLDVTNKTLEFLN GLYYDLRGNINLSQORTQV VESNIFHTNINSLNGEDVLA GAFDHGRGYI (SEQ ID NO: 212)	805	Proteína hipotética EFP gp03a [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504148.1	2a-132 (228/305)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5S

83	63076	63621	VAIATNSRVYASLQKNKQ DSMYLAIGKTIPTWNEAP PAPDPNTTLTEVIGYKVA RVSLCREYLPDDSKYPV SYGSRNFTLPDEGKEQA WAVYVEAETGDELPTGTF ROVGIHTDLVSKASSEKAL LPTDVTDAIGLQFFENRQQ NRTSDVILKEFHMTENKKS VKQ (SEQ ID NO: 213)	181	proteína estructural [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504149.1	1e-101 (179/181)	proteína estructural	No se han detectado dominios conservados putativos
84	63636	67100	MAKNITNDLQKEPYNRY YQGRFSOLLKPDNPLOQ AELNELQSIQDGLGVAESI FSDGIOTGMEYVLODKKL TIKKGAVFLGCKMRNDEQ SIDITGEGTEYVGKLVOKVI TAEDDPSLLDOTSGVPSHF SEGAORLDEDVAVNDDSD ASNIYHFVNGELYINPDTP MDKINKLAERTYDESGSYR VRGDMYTEVHTPDPNKI QLVDSGRAYVLGFKVDKP TTTRIDIEKSPRELETINNEGF (SEQ ID NO: 214)	1154	proteína de cola asociada a adsorción putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504150.1	0.0 (1152/1154)	proteína de cola asociada a adsorción	No se han detectado dominios conservados putativos
85	67198	66151	MGKFKDLTGQTFGKWTVID IDETDKRIHWVCECEGKE QSIKASSLTSGNSKQOREC TRNNLMGKTFGRVAVIKOS GERAKNGILWECVDCGK KRLVLGANLLNGQTASCOC YSTDLKKVSTRHGLSKVNG KTKLFMTWDAMRQCTN SNHASVYKDYGGRGITVCP WLNFKSFYDWSMDNGFS NDLSIDRDNKGYSPDNCR WVDAKTQIRNRNTVTYNW KGSEYTLAEELGELTGINKMTI KSRLNR (SEQ ID NO: 215)	317	conserved hypothetical protein [Bacillus cereus G9241] Proteína hipotética 39- O_gp07 [Clostridium phage 39-Q]	ZP_00241204.1 YP_002265415.1	3e-37 (82/195) 1e-35 (64/209)		No se han detectado dominios conservados putativos
86	66231	68437	LPETHQTSSGALIFKPTIAE QEHKNAMESIKOERTELEK ELANVKAIDELSKELADIKQ LKDELSK (SEQ ID NO: 216)	66	Proteína hipotética EFP_gp042 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504151.1	6e-30 (67/68)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5F

87	68692	70464	MRLVDMHTQRYEDSENY LRPEIKVMHSELOVKADG YQFSPAYKAGYWDGIDFFD KENDTPTGILLPHVETILGN LOSTLSKSGYKQFEHDDRP DEMFSDMDKREVLNGDN NEKITLRDYQYSEVEQVKN RIGVWVSTGGGKTEIASGLI QOITPYLESGERIAFTNSS SIFSQSDRIEKRLGKVGAF GAGKKDQOVTEVMPITVS AISADPEAKKLTAKEKMYK KIAKDIAPKFERGF (SEQ ID NO: 217)	590	helicasa putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504152.1	0.0 (588/590)	helicasa	HELIC ₂ , dominio de c-terminal de la superfamilia helicasa	cd000079	2e-11
88	70482	72120	LOSPCLNIEKFKLNKGIT DFERVADKSORWGETVAS PIKRTDMAKETGNPRITR YINQLEELGLKTEIKRGMN GGTLVVFNTDMLNFEPEKN PITSOTKOAKEIREQVFPKA PTKVPKRRYRTKAEAEARIL SEKLKKREDILNDKIEFNVT RSFFDSFDEPEYFKGYLIS RMYNAYVYTIPIYEKYNRLKN LDEKKAKQQLRAYESSYNY DVLPRRFVGTPOYKKEVEL AKYCEENNRPVLVYL (SEQ ID NO: 218)	542	regulador transcripcional putativo [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504153.1	0.0 (536/542)	regulador transcripcional	HTH_CRP, Hélice-giro- hélice c-terminal de proteína reguladora cAMP	cd000092	0.003
89	72153	73625	MSQIQGVYRALSPEFFAK EILSKIPMDEFNDSGYEMVS TINLYYRTHDESLEEQSLTL VEDKMLKQNKSLAQNKVF EVVSDLYELENEVDSEVIS ENKONYVRKVLTRIAMKSV TNEGTLGSDSNQQLMDDL RDILTETAGNNSEILDFDD YDKKMEILANIQONKYPTG FTADAISDGGGLARCEVGMV VAPTGGGKTTWAVNQARN YVVRGLNVLVPLEEKVDR MIVRFEQLLSQSKKNIL (SEQ ID NO: 219)	490	helicasa putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504154.1	0.0 (490/490)	helicasa	DnaB_C, DnaB dominio de terminal C helicasa DnaB	cd000984	6e-13

FIG. 5U

80	73625	74680	MKHINFSDFHMHFFKDFSK PDPEYGTDRAKEQITLNL MNYARNKNGDVLFGDMF HKRVSDVRIFNMLFOVSSY PDVDVIMVSGNHDKVTNSL YSDSALAPFSALPNVTVCSL LNKIKDDYTLVAVSYGEEV EEMKAVIKQADNLDHETV NLSAHGVDSSTGKYSH LOGAFK/ADLYPKFDIVTL GHYHKQFLGNLSNVFYVG NTLOTSFADEGOEKGYDIT IEGKKWEQKFKTDTYTFE (SEQ. ID NO: 220)	351	exonucleasa putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504155.1	0.0 (349/351)	exonucleasa	Metallophos. fosfoesterasa similar a calceinam	pfam00149	8e-04
81	74796	76688	MLKFRVSAENYMSIGSVSI DLNNOGLVIEGINDTNETF QSNVSGKSTLLSTVTYALY GATPSGLKADAVINKQAKKN MSVLEFEKDGVPYRIERYR KHSKHKNITRFQGTNDITQ KSAVDITDKKIDVFGIDYLT YANSIMYGQGNVEIFATATD KGKKQILENLADIGVYRYAQ DVAKERAQKALALAEELNR QYIAKVVEKDGLTQSYNSAL QQYENTEKLQCKESELANA ELVIKQSEKNLSEGRAL (SEQ. ID NO: 221)	630	exonucleasa putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504155.1	0.0 (620/630)	exonucleasa	ABC, sbcCD , SbcCD y citras comples Mre11/Rad5 0 (MR)	cd03279	8e-09
82	76697	77382	MKHYTLSELNEGTIFVPTSS SNEGKLFSPFLGTLFDWYP CCPRYEQYSTSRKKLYLR LLDSKTLVARYGVGDNKK RVISKIACFNEENYNEEVA NENAELEFNAEQYDVTPK DDYTLKEVDSISKVLDLIL LYTNOKVVEEELINKVDTL QLSKPDSDELKQAYKDISEY MRLDREKATYVLSRSLDSL KSVYEKFGNVYTMIMMRK VVA (SEQ. ID NO: 222)	221	Proteína hipotética EFP_gp048 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504157.1	4e-123 (219/221)			No se han detectado dominios conservados putativos	

FIG. 5V

93	77363	76421	MFTDLLSNELGSPKIVARD YRYNCFCDYDTKYFYVR VEEGHPKNLWHCFKCGS SONPVSVFMKYNNVSFKEA LEILEYGYRFNNKNYVPKS DKLTDEEYLLLLLSGLGPK EETQAKKELVAPPLPDGPK LLSQNLREPEAYPFLCYNK RGFTLNDIYHNGYKDSW VPLENGKSVRLKDLHLFLH GKDGKYQWYNTRAGQSH KSLNAPSKEGEHSKDTFN INRASQTPQIVITEGVDAIT (SEQ. ID NO: 223)	352	primasa putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504158.1	0.0 (350/352)	primasa	dedo de zinc CHC2	pfam01807	9e-10
94	78438	79070	MRYTLEDLHAGMKLRCTDS KNYSFWTTNKIYEVTKESG SLCIFDDYGESLDEDLVRL NGNTGNAEFYVSVYMKDA DYTEDLEFCMLLHCCKGM SPFWATGQTYEYKBEKG ILFTKSGDGNOCYAKAVAR LNGSASGSEFELLERPHKTEL EKKYEARIKELKEKLCIFY KQQQKIEENEISIEISLSEA LKADVLREFE (SEQ. ID NO: 224)	210	Proteína hipotética EFP_gp050 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504159.1	2e-90 (165/210)	No se han detectado dominios conservados putativos			
95	79086	79980	MGRVSYYFLNSRNIMDEDE TKRTYHGTFNSMKEAEQSV RDWWKANDFKCGTLRIEG TEDGIVRWYONHTGYLF VPEGAVVYTIREGAKPKR GRENOVAHDLFTADGVVJ PGRGNSVISTGKTSFDPK QYGLFINPRGGMKYPITLG NTQGVVEGEYRGEVGLPK NTFSLOLDARAVSKNVLIN EEGKLINIPVTVARSMYPSF NALYEKOLEKLEELQLVYG GEVRISNADEYVAVGRLLP K (SEQ. ID NO: 225)	294	Proteína hipotética EFP_gp051 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504160.1	2e-171 (294/294)	dUTPasa [transporte y metabolismo de nucleótido]	dUTPasa	COG0756	2e-05
96	79983	80213	MLPEFKPPLLYVMGFSVM LEKHQCSVTFLREPYLGTS YDKIVKLKMTYPNYSITVVG MADNKYKFTLNKED (SEQ	76	putative dUTPase [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504161.1	6e-37 (76/76)	dUTPasa	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 5W

97	80215	80523	ID NO: 226) MYTKKEEVTVYKHLVDKEQI RUGDVGYSKATIRGFDAKRV KDTLSVTNGIGVSRVCDIEY ITVHGFDDKQSRERWAKTFE NLEVRKEDGNSLRRYENE FR (SEQ ID NO: 227)	102	Proteína hipotética EFP_gp053 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504162.1	4e-52 (102/102)	No se han detectado dominios conservados putativos
98	80510	80521	MNFVDYFNQMONLVEEKT DEYLLLEKEHGGKVTYQE LEGALSTVARNTAFMYENY NLMOQNLKYLKLDKSGTI TEELEKELKEFRNIESLMED ETYE (SEQ ID NO: 228)	103	proteína de transporte de fosfoesterasa/ amón putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504163.1	1e-50 (102/103)	No se han detectado dominios conservados putativos
99	80814	81185	MSKESNRNKRIGELSEADM RWAEWLATQGVHKNHQ KQLERLSKRSVLSQVTTIV EFMGKRNDCYISSLIEQDAV FDNLLTKLGVTEENLEAKA EVEKELSLQEKQKLELSIK ENKEK (SEQ ID NO: 229)	123	Proteína hipotética EFP_gp055 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504164.1	1e-83 (123/123)	No se han detectado dominios conservados putativos
100	81205	81873	MTDYSAGVGRKSRNKGGRFE ROMAKELTEWVGVEFNRY PASGGUHWASSNNVAGDV VPSDANFPFVIECKNREYV TIENFLNKEIKNWIAQVY GDARETKNPLLIFFTRAKNM FVTMAYNEKLVMEIEKRGYP LWNSNTYVDYKQTHCYKT FTTVLDATSPF KPYGSKDKO YFLFYFSDYNWEDSLYE TTMODAKQMDAEDSLDAL VNSYLGGE (SEQ ID NO: 230)	222	resolvasa putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504165.1	2e-127 (221/222)	COG1591, resolvasa de unión de holliday - tipo arqueal 0.002
101	81875	82174	WAKTYQEAALTVQSYLESQ SVNKEISSISVSFSANWTG EREDYVIDTLTYDIDLRFSL ETAHYVAIGKKLPQDSNEHA ELLKRLKEFKQASIKKLRED (SEQ ID NO: 231)	99	Proteína hipotética EFP_gp057 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504166.1	2e-48 (95/95)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5X

102	82180	82659	MIDNVSPSHYTOGEIEVE VIEYITAKYPAEIRYHLGNVVK YICRAPFRGKIQEDLNKSS WYLKBAQLVLTWSPSSYTG KCKAFLENFLENKSHRDAQ LIEPEEPHERFLFOIAQSYN KEQNYISALMELNSSGSD VKTVLENTENYLFKFTT (SEQ ID NO: 232)	159	Proteína hipotética EFP_gg058 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504167.1	1e-87 (158/159)		No se han detectado dominios conservados putativos	
103	82752	83546	MTKAPRVKRLNIYNTDRYFN INLMKKEDIAKKIKVNLNEE EIEREMDELASNPLKTPGY MORTNEKSYLYQEKYTNQ RLQKLFKHAGSVSYITDTIV PYIHQISKNLTSEVWPTKN SYENREIENVQLAFTACPVTI DCPVNLPQVSPYDVLFLHP LKTNDKIQISFPCLTEEFQ TRHEEYYHKVGSVYEVKSE YKYKFNYYQTSLSWAMNI WLVGDSDEYNNKDRYIQKE KIKRNANRERA (SEQ ID NO: 233)	264	Proteína hipotética EFP_gg059 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504168.1	7e-153 (264/264)		No se han detectado dominios conservados putativos	
104	83539	83650	MSKDKTINRTDIARTISHHTG YRNKDILKILEVEDEVVAQA VSOQSVNNHKLWKLNIKKK PEKVAWDGINSKSFQPEKY VVKFVPLSKLKESEDITYNKE SK (SEQ ID NO: 234)	103	factor de huésped de integración putativo [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504169.1	2e-52 (102/103)	factor de huésped de integración	HU JHF. factor de huésped de integración (JHF) y miembros HU de la familia de proteína DNABII	cd00591 3e-04

FIG. 5Y

105	83940	87011	LKILFLOEYRENVHNGN CQTVDFKRTMGKLTGLL NTIGLTGRDYAVDYDMIP EVCKVAPRTGPKIKYKPTL RORKEPEERLLRLMKYKP DHPRMGEGCKNLGTSIT KNRGVPTTKTITNEMILRTA DEQGLEVDVDSFETWVL PNFSMEYWTANPIENFIM ADIDTLGKPVQEGEOAFIPK KVDYEFVDNIERVQIFGFL DKTKPVTAWOLETNSLRGD LLGAKPLVMSMSWLEGGGV (SEQ ID NO: 235)	1023	ADN polimerasa putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504170.1	0.0 (1021/1023)	ADN polimerasa	familia A de ADN polimerasa, dominio 5'-3' polimerasa	cd06444	2a-86
106	87114	87656	VLMRVDDLEFKTIIDNG EVVTHDLOTELOVNEFVR TAFLEQPAKYTWTSILRL RMYDENYELKAEKKAELY EPSRVALINGGVAKPTKDOI EAQMLDEDYKLRQSVNL SFNVROLQYVKAFFORKD MLQYGADLRREYEVOKV SMFDPMKKVVNNGFSQFQ WNLEQ (SEQ ID NO: 236)	180	Proteína hipotética EFP_gp062 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504171.1	3e-100 (179/180)		No se han detectado dominios conservados putativos		
107	87712	89001	MNFQEQLOQQLKQNGER EAVDYPNSHLKHKLFPKA ENGQPSLTLYVRLPAPVG ENYVVSAREAFITTRNNG KDLKSNFIFSEHPNAEDLEQ AMRWNAENRVNPFYSBNT KPRQRYVNVVQLINQQTG EVNYETDSNGQLWRLKL POTACMAINESLSNPMRLP QFSPDVPVEVAGYSFSSAD AFPSITKPPRSNNKPTSYNV QVSNRSLGALPCQWENLL EDLYQATPSVEYNREHEY F (SEQ ID NO: 237)	429	Proteína hipotética EFP_gp063 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504172.1	0.0 (428/429)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 5Z

108	89088	90333	LARRKSEEDFGTDLTKEV GLTFIDTKFNNVSDRLPTM IPQLDYILGGGLPGRMVEV FGKNSGKSTLAVHLTKVA QMILDVPTVWIDVEGTADPE RLAELGYDFSGAGVFNVEP KONKDGSKDTTVERVAEEL QRLLPVFSLGHPVLWDS VAGTASEKELEKGVGNQOP GKAKAMAQFAQHAPLMTN SKALFANQARDELGSMFG GVDSGGGHALHFWASLRE VVKASQKKNKELNAFGAEE (SEQ ID NO: 238)	415	recombinasa A putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504173.1	9.0 (414/415)	recombinasa A	RecA	cd00383	1e-36
109	90387	90773	LRKGLAPNPFEELEKHQDS SKRTMTMNSGTPSSLOPI RDMFLKAMREGKRVLIENS DLSSANSVVEIEYVGNRW LGQCRVLFYGMELKPHITH FCDVYGAYGHDAAQVKRQ VKVVFEGDNPFE (SEQ ID NO: 239)	128	Proteína hipotética EFP_gp065 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504174.1	1e-70 (125/128)	No se han detectado dominios conservados putativos			No se han detectado dominios conservados putativos
110	90766	91360	LSRDVQKEEKEIRNGNRFIT ETHGKGVFPRDVRLYHKY SNLRVYVYNTHKDSFNSEA SRKELSYIDEQFIKLTKEYD INGEVDFFGYKKALNLVR HSYVKGFRDRTARERLGTQ DNEVELLLGIDSSQADIED AELIESLLSKANFSEIELAVF CQLIQGTVRDARIITELSENY GVSKKAVKDAKNNVREFVLI NLTD (SEQ ID NO: 240)	204	factor sigma putativo [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504176.1	1e-112 (202/204)	factor sigma			No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AA

111	91441	91716	VEQNTGKYPAPRLVMGIS FVATGLTTFQWEPLPTIDE QANOGMLVA SVGLAYNIW YKNAVTSYCKAKEEAGE VVGTRQDFKNRD (SEQ ID NO: 241)	91	holin putativo [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504178.1	2e-46 (90/91)	holin	Fago_holin	pfam04686	8e-04
112	91764	92726	MKDEISKLELPNLFGRFLVV ETISDGYTGTVSGHNYEID QKSEETYPYFVNDKLNKF IRSDLVVYTNKKNKYVCK TIDPYNHAVYDELIVVEGM DKDKRTLQAPKLFVNDLFSF GSYNIPLTGNLSLENNPDVL VSSVSLDKQTAKMYTERTL ELIATVLPFGATNKKVFSV DKPELLGI TVSDNKATVTSK DKAGTAIVTVTTEDGEHDK CTVOIEEYKVTGNVSGESA LEKQKTYNFTASI (SEQ ID NO: 242)	320	proteína similar a Ig putativa [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504177.1	0.0 (319/320)	proteína similar a Ig	PHA02283, Proteína hipotética	PHA02283	9e-12
113	92747	93190	MAKEILNIEDLLKPETLEVAI DGKYLIVPTLSDSGFTGVAG GVAVAVTNKGTDYTVNELIV NOKDNITKPSDEPIITDDNE IFFITRTLEDPPYVPPVATEK LKTQDKVKEQVLOARLAFAD DRFKLOVYVYFLADEPFVY GDKTE (SEQ ID NO: 243)	147	proteína estructural [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504178.1	8e-78 (147/147)	proteína estructural	PHA02283, Proteína hipotética	PHA02283	4e-13
114	93267	93593	MNDNKEKCYKQEIIRDITYKG YDILLDEENGFFVSVLDPD GKEISGFVEADKPIEEYKE LLGKCDQDISFKDLIGFLNG RQDTERIDIRFLKRDSCV (SEQ ID NO: 244)	98	Proteína hipotética EFP_06070 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504179.1	1e-41 (96/94)	No se han detectado dominios conservados putativos			

FIG. 5AB

115	93598	94551	MTKIKLITKKNTGGYAMNTL LRRFYANNVDVEFLNKPILP DHNHGEYDAIVVGEPFEE SORGALDTALSSMDNPFSSK VYHLATFGOTYRNESFERS FVDEISPVGHFVELIDLTK FTNIGTKEDQNVVALAKE ALVFAKDIEETDNVRYEVT DRTISWLLVLLGENLYKV TEPSKELDTILKEQEVLYDAL NINMDYVLRITIGKMSANVI NGTVVCFGYAEQHVNEVAH KLINFYKSHNYQKVI (SEQ ID NO: 245)	3:7	Proteína hipotética EFP_gp071 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504180.1	0.0 (315/317)	No se han detectado dominios conservados putativos
116	94605	95888	LKNNFLEKLLDKLDFPRIL OTINGSLOPSFNRVHVGKFN KLAQFDLDKENLYSLKALV KEEEDKELHELYEASMAK ITLEAVRKVLQDDKSSFDV LSSYVVENQAVLARNREFG KLORGAYLDHLISGLKTYL LAELKDMSSLKYNKHLKAP KVSSDRLLCLSDWPHGAF VNNIDTGGYNFEIFERLEK LLEEVQVAMEQDIKKHVV HGOIEHNNMRVNVQAFEA FPATEQIAKGIRVL (SEQ ID NO: 246)	427	Proteína hipotética EFP_gp072 [Enterococcus fago phIEF24C] ADN polimerasa putativa [Lactococcus fago Q54]	YP_001504181.1 YP_762586.1	0.0 (425/427) 3e-16 (71/255)	No se han detectado dominios conservados putativos ADN polimerasa
117	95900	96274	MGGNLVYLLAIAYVGEGITA FTNTRKERYMEEGEAPLP RSSYVFLGYNLYLLRIANSLIF IPTSLQNLVYTGIALFTLMVVF VFFIARIEWVIRTANRYVQK QYIKOLEERKGRKRETN (SEQ ID NO: 247)	124	Proteína hipotética EFP_gp073 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504182.1	3e-82 (123/124)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AC

118	96313	96333	MMFTVSPNGTSLIDVNN PPTLRGGLSISIKTKVNEVK ETPVYVELAEELTGTDVVS VYVKEIGDSIKQKYEIEKVT PRFKSTTYLGELAQKIGRSI KEQRVETRPPLFLAPVYN GIDFTGIEGKGFYEREEDR HLLPDGKPGIAYGDNIGVFI GLSSIKWDKAYVYVESITKG YLSOKRWFNLDGQRPPQR SETL (SEQ ID NO: 246)	206	Proteína hipotética EFP_gp074 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504183.1	2e-114 (206/206)	No se han detectado dominios conservados putativos
119	96533	97673	MTDKOFYEADIQELIINKQRI FGDIGSAIVFEKAIMQGNIT ODCLVTEKRGGLGIEKTER DSTRRLNKQLSDYEKVCIDY VYVLCDSHVPKVEDILIRH NHHVGLAYTEFMGEAML GEYKQPSRSPKKSAYHMLN ILWKEDLRMLGTFERYGDR LEANGAKVMKTNRSRGGVS GLYVKGSTTAPRMTPKPELINN LINRVGGTTEETRVFCDFEI HNRNHPEKAKLRHFKAKEH RGDLIGV (SEQ ID NO: 249)	246	Proteína hipotética EFP_gp075 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504184.1	3e-143 (244/246)	No se han detectado dominios conservados putativos
120	97663	98169	MGFKGAKYGSWNTVWGKN YVGTGRTSGSNTKRLSTK GYVQVGFVKEYQNLTEKDI MLKLEYGKDLVSSYTGYPV DMKLRLKKEEQTLASLDIV YVVSIGKEPVGKLSIRAQRRL FREVGLETFYLEKNYYQRL RGGNVRSVGYTNATKSKRR KADRRKSNKSKTTR (SEQ ID NO: 250)	168	Proteína hipotética EFP_gp076 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504185.1	2e-90 (168/168)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AD

121	98183	99040	MLKKGKEVTLRKFYNIITDKESVLLGARYTSSIMTIDIPITTFEDVEVDLKKETVAGTISFRPVGERQINALSLKEASTAYGGYGEFLDDREKPLNSDFAVDYSLADSAFSLNQLQEPFLNLYMISSPKVEYIEVSIRGRKNMQYVLEDESSSGVTSTLALVFRKKLYDGETLLGVHTYTEALARVEGKVLQFIANGSVLEQVIGAVSVLGGSTGTTLFPMFDDMVMQFVMIESVPWVHISCUTGAFAKKEED (SEQ ID NO: 251)	285	Proteína hipotética EFP_gp078 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504187.1	3e-163 (265/265)	No se han detectado dominios conservados putativos
122	99144	99989	MDYKEKVVVGALTWLTGLGERRYLGOMRVLAVYELGSRVAGYTYTENSDDYDVAVVYMPSPHDLMPYTTITTKOETKIDGKVEVKYMSIMEYVYRIENGDLALOMLNATSSQSFEGEPIEGIDNKRITRLVITYNKKELFYRRETFTYLAPEKLFGRVNGRIKATKARMKDKAENDDREVAVKCAILIRYFMDLLVLADGESIREGLTFSPHANIREFRFDCESAQAKTLINTAQVLLIADREELNSIKDHGLS (SEQ ID NO: 252)	281	Proteína hipotética EFP_gp079 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504188.1	7e-156 (269/261)	No se han detectado dominios conservados putativos
123	99982	101810	MTKLEQNKEILDIFNRKGKVTDKVEESAKIMLELDHDYDFGTGDIATYTERGTDRKGRFYLESRLEPHKLMYPYGFILNAVYSKVHYGDQEEETLEREVSRYVELEYNLRDQKVAVLKNGKPLNFSENNISNMFSGHVAQNILEOLDTMSGSDMYVSVYKRVSRVKDEQIGKVSREFFDRLMKYNKIELYKSGVPEGFALAYAYRVVVVGEKGVKRNKWEYPVKSDYLDKEQTNPAKHLGIPKSIKICEGGGLEWTF (SEQ ID NO: 253)	542	Proteína hipotética EFP_gp080 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504189.1	0.0 (522/542)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AE

124	101929	102618	MAKKEVNNSSVLLNLYNNK LLYSKVDEALDECKPYDFIA FCKEKDFEINKPALSRYKE KRRESLETGVDSLELDKRR KSGKIDKSKVEVTPLPNETY ONTFGQVEQNDVEVLDTH QKGFNSLKEVDYVEAPLAM KAIEVKANTANQFQGLSLT GLRELRLQSAKEOAMTEII LOFPEEQHEEVFAESAE KEEYENLDLTEEDQRTKAL QASGMII (SEQ ID NO: 254)	229	Proteína hipotética EFP_gp081 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504190.1	3e-128 (229/229)	No se han detectado dominios conservados putativos
125	102629	103096	MVENLREVNKYTLTEESLH ALLEGKTLVKGLEQRRKLD VLVRIFSEGVPVTOISYDIT PADGYWRTGYWQYDLPIIN ALSTYPCFYDNLNDELPK FMIGDTVYVTSKEDSIKDSAI VISVYKDDANKWYKLSR DNERYAESEIRRDRL (SEQ ID NO: 255)	155	Proteína hipotética EFP_gp082 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504191.1	6e-84 (153/155)	No se han detectado dominios conservados putativos
126	103197	105476	MANILDTLKWLDKGDVTEI FDKERSYAKLTLDSSAKT NIVRNIVEYDLDRGVYATG EYTPWVDNLLDMRTQGA EPEKTTNQLATYEDALK FIETNGTFYIGEEVVKVDA KELALMLMYFRDAEELRG EYDPKQHHVDMTELSDVYL KIMAVPRHELDLSLGLMR AVSHNVGEDLFETLGRDYM KQAWVELVNCLSLDTHVP FRVLELEKVTDSMTTQHI VTLVAGRELKRYSEEE (SEQ ID NO: 256)	759	Proteína hipotética EFP_gp083 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504192.1	0.0 (746/759)	No se han detectado dominios conservados putativos
127	105536	105742	LILFISITMLSMFLLYLFGM ASVALIELGLLMGSDNITK GAHSLFTGVTLTVYTEIK QCILLF (SEQ ID NO: 257)	69	Proteína hipotética EFP_gp084 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504193.1	9e-26 (61/69)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AF

128	105816	106268	MYDSYGYLDWASWLFSLVI GSAVAFFETLAWVGTEDVA PSHOVTKSHLHPYENSKV VWEAKQCFEINVDGGLVAI DAEGTTLSTKGEIKPKIVFT ENYINNWWTAPFLGIAGKV KDTSSVLYLDSTGLVYNKPE KNSSAPOLKIK (SEQ ID NO: 258)	150	Proteína hipotética EFP_gp085 [Enterococcus phage phiEF24C]	YP_001504194.1	3e-78 (144/150)		No se han detectado dominios conservados putativos
129	106343	106513	MSYTKRALEARGYDFDTMS MLEKMNALLEEPEFQDE QMRKEVEEF-SKECATNCE (SEQ ID NO: 259)	56	Proteína hipotética EFP_gp087 [Enterococcus phage phiEF24C]	YP_001504196.1	5e-24 (56/56)		No se han detectado dominios conservados putativos
130	106503	106775	MENEKLESYFMKEIAPLDEI EMSEELIKGMENINPDMIT VSFSKEEVDILLAMLDLELP RLDSGSELFSPNLVREAKLQ LIKNKLTSK (SEQ ID NO: 260)	90	Proteína hipotética EFP_gp088 [Enterococcus phage phiEF24C]	YP_001504197.1	2e-42 (90/90)		No se han detectado dominios conservados putativos
131	106863	107134	MNEQKIVYAKLTEDEAVFA CELGDKIKQRESOELSRLE LAKRAKVDSHTLIEQGRRL PTLRIMAKLSKALHRELAISF TD (SEQ ID NO: 261)	83	regulador transcripcional putativo [Enterococcus phage phiEF24C]	YP_001504198.1	4e-40 (83/83)	regulador transcripcional	proteínas similares a la familia XRE Helice-giro- hélice
132	107146	107433	MRGSLDYNNYLYQTIENRPT EELDVLYDSEL YKKAGDLFAI DNFGVKEGRLLILKKAIRE EINSRDEEDLYLYNYDSIS DEDKRVNWLVEV (SEQ ID NO: 262)	95	Proteína hipotética EFP_gp090 [Enterococcus phage phiEF24C]	YP_001504199.1	8e-46 (94/95)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AG

133	107436	108224	MFSVVKADSYVKSDIEMVEF KNVSLALTKKEKELWSGKI AKYNEFVNAVGYHGNKI PEINWVINGKLAKVLOSPVQ FTNTNIHYIEISGRFVKEVILL QETPLAQRALDILMDVARHE AIHYTLVYINLSGGDLPTF NYHDGGDEFKDLCLTGTS PSGATKEEYYSFTLGAIRC RHSTCECGGLETYMYTRG RYCYNGCVGDNGRKIFRP QGDIAYIDEPKSKAKPKVEE ALKDYKGALKLPY (SEQ ID NO: 263)	262	Proteína hipotética EFP_gp091 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504200.1	1a-143 (255/262)	No se han detectado dominios conservados putativos
134	108306	109379	MAYVTNIDVVADGLDLYNG NYVVERGVVTEKLHVAATW NNEPTPENAYAIRNNGVDY KSKVDEFGNAEVTPEVNGR PDQVTSIFALTSQYEGDMP RVMSAIFSDETEKQTYMNV TASINGEPVSREGVFLERDQ VTVDVKATLSTGKFWEGA QVGVYNNITEYLGDLADAG YGSVTFQVKGKGMDSAI YVVDHEREATLTVPVKFT NTVTITETSTEESSIVDTIT GTEESSTDTITTVESSTIDS T (SEQ ID NO: 264)	357	Proteína hipotética EFP_gp092 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504201.1	0,0 (355/357)	No se han detectado dominios conservados putativos
135	109504	109806	MSQVSKHGEKRVREKGV NKSSVDRQFELALERYRQ KELTGRLKVVVSRVFNK YPQTCILYNGKCHVSEGT LVTVLNIPSNLLKDFAKLSKK RGK (SEQ ID NO: 265)	100	Proteína hipotética EFP_gp093 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504202.1	3a-51 (100/100)	No se han detectado dominios conservados putativos
136	109808	110110	MDIMDIELEEKKLVKEHV EOELKLMHPLKLVMTDW LGDTEKLSQGLDLYFNDL TETELIAMDASEIVESSDV LLDFIDYNNDLTGLFEQLGV (SEQ ID NO: 266)	100	Proteína hipotética EFP_gp094 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504203.1	1a-48 (99/100)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AH

137	110113	110406	MDKAERKVNIVRQVITGARK TTAKVAEIVFVLTFAGILVGY YSYSELNAGWFAIPRLSV DLLYVAVLLGGLARFAEVYK VMLEVKKIKRGGQL (SEQ ID NO: 267)	97	Proteína hipotética EFP_gp095 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504204.1	8e-46 (94/97)	No se han detectado dominios conservados putativos
138	110403	110582	MSNKTLEQRVIDANKEINDK LNESSIRKQIEEEQEAII SDVEDLDYLENGVDL (SEQ ID NO: 268)	59	Proteína hipotética EFP_gp098 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504205.1	2e-23 (59/59)	No se han detectado dominios conservados putativos
139	110595	110960	MNKKVEEMTMEEKKALIA MGLIDVTOEADWVVIATCE ECREYEGEEYEEGDCAC EHCQGEYFMETALEGTRC GRCDYDFMWDDYFFEN EGNPYKDKHCEHCYEELYS MGMEKF (SEQ ID NO: 269)	121	Proteína hipotética EFP_gp097 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504206.1	2e-43 (102/120)	No se han detectado dominios conservados putativos
140	110967	111364	MNEELKNTLRQKLSMLE SYEMREASFWMFNGILRTI MSVAVVAFVSYAKHVRPDN VATWFLALWVFLAEQAKG AYDAIAFGHKKKFAKHKNM RGITITQLLEEDEEKLNGK LDE (SEQ ID NO: 270)	125	Proteína hipotética EFP_gp098 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504207.1	4e-62 (114/125)	No se han detectado dominios conservados putativos
141	111357	111587	MSNDEKLVFVFWVVALMVV WLLTFSLYTNLSLFFAVHE GDWLGIWRNVLLOVVLVGV VATVLOLRFKKGME (SEQ ID NO: 271)	76	Proteína hipotética EFP_gp099 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504208.1	5e-34 (76/76)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AI

142	111591	111965	MGYLESAIEEIERVLLGNKS RTEEVYLNNAIRYIKELKK KEVEPTWLNPEOTLFLNWF NELYAVGGLTHVTEAVCFLE STGGRMKYPEAYSAFNLIS ENELLEVSYSKYTGILFKAQ GGELE (SEQ. ID NO. 272)	124	Proteína hipotética EFP_gp100 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504208.1	1e-51 (113/124)		No se han detectado dominios conservados putativos
143	111962	112219	MNFHGKVFHDKVFDLSRD YPDWORYQTEKRPHPNEL RMDFAIDSTDSRYEEYVMG EFNVETASGDVKVYVGSRR VYHKRALEE (SEQ. ID NO. 273)	85	Proteína hipotética EFP_gp101 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504210.1	2e-26 (55/73)		No se han detectado dominios conservados putativos
144	112225	112618	VEYTEKDIKEGMKLRCTDLS NVGYWEVOKVYEVTRNKDL GLVAGEGERSHRTVYKYLE VLNGDSKIKFEVVEEKPVRF AKVTCVYPPDRGLVEVGHG YEVLEKEPTGSRVYVLSNKL GNHSLLPDQFVVDPEPSND GEKDVLELDVEAKLADHQL KTEAECLFAKDRVNEQAL NLNAKARKLEESLEVLREYM (SEQ. ID NO. 274)	197	citidina desaminasa putativa [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504212.1	3e-77 (153/197)	citidina desaminasa	No se han detectado dominios conservados putativos
145	112660	113702	MIYYINFLDFASSWSADKR YRVRRMITGSIYARDNYGH YRFSSOTARGYLKNIQEYA TNKVELTVEEEAAMKPRFK VGERVYVNDLQNFGEYKT HIAKMLGYAGKEATITRVW GSNVRYFINIGTHQDWOW TEDNLDKIEEPTLSVRQVE AVHPFWTKGKDYENLTSO GRYRVWDEEEDGSSGKSIK ELLDVINSNGKPFELLETP SEAEPLNHMSDLEKIEAK ITALSEESYOLFKEKSEL (SEQ. ID NO. 275)	280	Proteína hipotética EFP_gp104 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504213.1	1e-155 (264/280)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AJ

145	113715	114017	LNKKTLLNTTITVFLGGTSQ SSRPKGQTLCEMOKSDGS VEFIDGTVFYVHSM/VVYM ANKKHSMQATVSAIDGNYK YAGITEFLKVDYKENTILLLE I (SEQ ID NO: 276)	101	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos
147	114018	114647	MRKVVICRLECVSKDNL GEWTVDNIVPFESELGKV YILDEGTTCSRDSVSLISS NASFGVTFRYAKDKAEDRIP SNPOSSTSLKVGKYEHLLE FDSLSSNQVWVSHSVDPNS QWHYIYETKSAELGGVTL ELLDTLVYVHVHVVMERSK RTVEPLESHTFKWEYGTKN TEDWEKIVPLLGKVKVFTNL NSNRGFHTLX (SEQ ID NO: 277)	209	Proteína hipotética EFP_gp105 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504214.1	3e-116 (205/209)	No se han detectado dominios conservados putativos
148	114810	114968	MYFVIVVNGQMRILLKVTGK EWEMSPHTEEAIVIEVALDT CYTYIENQEAQKN (SEQ ID NO: 278)	52	Proteína hipotética EFP_gp106 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504215.1	8e-23 (51/52)	No se han detectado dominios conservados putativos
149	114985	115125	MIGDFILWFKGAWKETFCIH DYTVKGVYKTLDNHGYLKC KKCGRIK (SEQ ID NO: 279)	46	Proteína hipotética EFP_gp107 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504216.1	3e-16 (41/46)	No se han detectado dominios conservados putativos
150	115138	115470	MNQRQKKRMKKYLAILNEV EVDSDYDSQAMVLYVDVAD NEQNRDIKEVCGILGDKKEK FIAECKESRLYEETLNILASC WHYLMQKEPKLTIWHSVS KGFSLERYSED (SEQ ID NO: 280)	110	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AK

151	115535	118178	MFKKKKKEEYTYREGDLK TVGGYYPDARLSGRTPLY KTTNEGYYINNEQSRVTLIE MDALGDIYAVNEEPLLEKE GDFLLVVSOLKRGVRLAG AEVQCLMITGEMASLAGTVV HYDKDASHIAKGLFTVKEN DSYWCVAIAIPLNKVADPDF ALEHLLATLNKKASTKRLIN EIKYDNLHQLDEVSNEEL EKLTKNIETYNR (SEQ ID NO: 281)	213	Proteína hipotética EFP_gp109 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504216.1	6e-114 (203/213)	No se han detectado dominios conservados putativos
152	118188	116631	MSMPSDLGKTLKPKVINKN PDFYELAVGGKVIYNEEVME IAKAFSNKKTKRYLLNTRSN KQVCVPVYHVRPYDTQVEG LKLGLVDLDAHMTTYTLRA VNHGFFVYDEDEHCLYDDV PENALVTSEVSRIQPEDFG KVTDYFV (SEQ ID NO: 282)	147	Proteína hipotética EFP_gp110 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504219.1	3e-79 (144/147)	No se han detectado dominios conservados putativos
153	116795	117226	MSYVNEFETIGDWLDREYD VLLRDGHIDELDNWGMAL FALSEGVLTDGLDKPFLEI TREDLVAGYNHFKELNGW LRGGKLLVSGNLATIQGFS FDHDDVLFEDNNKAYAML VGHEARDTYKNGFCRGYYV IFYQD (SEQ ID NO: 283)	143	Proteína hipotética EFP_gp111 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504220.1	9e-75 (138/143)	No se han detectado dominios conservados putativos
154	117581	117880	MNKYKFTYADIKNLSEEEK KELNRCQGLAVEQLSTKQL OKKKPRFAYELNTVFDSTA ETGGQYATATVKTPIGDD RFRVCGWGQLSNGHIELLK (SEQ ID NO: 284)	99	Proteína hipotética EFP_gp112 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504221.1	6e-42 (96/99)	No se han detectado dominios conservados putativos
155	117959	118249	MFKRLEERYKKNLSMELKIF NNTMKLNDNKIDFQERTK NFDKELQYTELENEKENLIV LDIRVSNENYKNVISENLY HSIKEMTIFELLYNL (SEQ ID NO: 285)	98	Proteína hipotética EFP_gp113 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504222.1	7e-45 (96/98)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AL

156	118333	118666	MNKEEVKEWNNKKEEQDE VLNKVIVTFYKEIDLKVKMYN RGLLGQLSAFNEIKGMLSGI ELTAKVAPDNVLPITTHNEL EYLFGLDNEGRAYANEYLD GFLKSVE (SEQ ID NO: 286)	107	Proteína hipotética EFP_gp114 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504223.1	1e-51 (103/107)	No se han detectado dominios conservados putativos
157	118750	118890	MMNGLKRLMKAKRYKKEVK EITMOKKANELETNLNKLK LINQNY (SEQ ID NO: 287)	46	Proteína hipotética EFP_gp115 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504224.1	1e-15 (44/46)	No se han detectado dominios conservados putativos
158	118949	119215	MTKEELKSYLENNKPFSTS MDNVSLFNDVRAVADDER KGEAFIYTCALIEEQAETLE KSDLEELKEKSGESLVQDIN GYLYFV (SEQ ID NO: 288)	88	No se encontraron similitudes significativas.			
159	119297	119524	MIAENELYVMNPLNEWDM NYHLEKETGKDFLIDIGOVA DNEEREKYEIGLFLSOLKN LVQDLIEYSWATI (SEQ ID NO: 289)	75	No se encontraron similitudes significativas.			
160	119606	119898	MTEQOFKKEHLEPTEWRS GGYLDTSIDQSQSYIESR PRVYGGCVYQVYTMKDG TVYELYSMTASTRGVAHNC HARNVLORDVAKQYRDSAIH Y (SEQ ID NO: 290)	97	Proteína hipotética EFP_gp116 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504225.1	7e-51 (95/97)	No se han detectado dominios conservados putativos
161	120012	120218	MKLSDIHLVGLVSVLLWGY LSIMICLQVFRALGGWDHRTL TVCSGLLFAYVFGKLGWEQ GTGKSK (SEQ ID NO: 291)	68	Proteína hipotética EFP_gp117 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504226.1	9e-29 (65/68)	No se han detectado dominios conservados putativos
162	120300	120542	MKLVNHLFLCLFQEQESYSI LSYESIDFYSRLGYDLESE WLLRDLGNGTSLAELLTD YNNLENETKAVFSKWL (SEQ ID NO: 292)	80	Proteína hipotética EFP_gp118 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504227.1	1e-37 (79/80)	No se han detectado dominios conservados putativos
163	120619	120864	MNELECYDSRKSFYKGANIL VEEENGISLYSDTKVATYIT NGLAKVFGTYSQITLPHIKE FFQNGLQKADTKQKEIDYL (SEQ ID NO: 293)	81	Proteína hipotética EFP_gp119 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504228.1	3e-39 (80/81)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AM

164	120930	121180	MLKITKEITLGEFEAWEGGK DRLEIKELDLDEAQOEEL MIEGAEVTEMINDILWFE MDEFAOFEEEEEE (SEQ ID NO: 294)	76	Proteína hipotética EFP_gp120 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504229.1	4e-31 (75/76)	No se han detectado dominios conservados putativos
165	121210	121416	MTTEKALNIAENKGI7DYK VKGNSLYTSYPMKCTY LVTIDTLEEFERKELKRYK KGLQNAEL (SEQ ID NO: 295)	68	Proteína hipotética EFP_gp121 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504230.1	5e-30 (66/68)	No se han detectado dominios conservados putativos
166	121435	121605	VAVTINIRKKLOYERIKLE KRKRGEPEEFIFNGYSLEE IELFLHFKKSEGGK (SEQ ID NO: 296)	56	Proteína hipotética EFP_gp122 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504231.1	2e-21 (53/54)	No se han detectado dominios conservados putativos
167	121750	122046	MTKTELQYKKAIGVAIFATSE EDKKQLGNVAFPSYELEID LNKNRYVYALNCGERHAYC FTKLKKEEETGDNFINLQKP FFLDIHKGLTWSKSL (SEQ ID NO: 297)	98	Proteína hipotética EFP_gp124 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504233.1	8e-50 (95/98)	No se han detectado dominios conservados putativos
168	122114	122344	MKIGKKEELEANNIFNRADE LLGAVTMEELERONGGSRFY ADGSPDTVLWHMKKEFSLK PFHCYYFDGWYIALINI (SEQ ID NO: 298)	76	Proteína hipotética EFP_gp125 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504234.1	5e-53 (68/76)	No se han detectado dominios conservados putativos
169	122423	122862	MTKENNVFLNEKELMKEIE TLENGFDGCYCDLHNEVFN YGTNTDTEEELEYGIFNAIG EQEYEEHFQATLDLONA SAVADMLYIKGHFLFDRL DFNDVLADVAEGLKLDKOL WNEEATEEVNKAIRKIKRE VPWLVD (SEQ ID NO: 299)	144	No se encontraron similitudes significativas.			
170	122925	123356	METLENFGYTWGGKEVTK EEAEKNVKGVDIFLLYPD NTESLVSLDELETEGVRFG VEKPVOLLFKVSNVHNTEE VYGENVEEKKRLHDSLEIT AENLTGQIEEDWENYYKT YEEAWEATYNGILSQLKSEC TIEKM (SEQ ID NO: 300)	143	Proteína hipotética EFP_gp126 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504235.1	1e-75 (137/143)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AN

171	123438	123635	MKLTEKELNLTIRDETGN GTAFLGETLADFLIESGDF TNLTILEVLENNINGIRPIE WPC (SEQ ID NO: 301)	85	Proteína hipotética EFP_gp128 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504237.1	1e-24 (5262)	No se han detectado dominios conservados putativos
172	123629	123626	M8KNKSKDKLTRKDIQFW GDEAKTLEEWYKISKESDT DKMINTLKEYANNNEHFVK GEQGG (SEQ ID NO: 302)	85	Proteína hipotética EFP_gp129 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504238.1	1e-25 (6070)	No se han detectado dominios conservados putativos
173	123823	124128	MTNTNQWQWQKFNQGT NONNOKEVITLOVAESFV SQLTKEYSVGLVLMFYFM FGMFQFGGATYAFTHNRK IGAWQOVRSVYTIKECEE WNN (SEQ ID NO: 303)	101	No se encontraron similitudes significativas.			
174	124116	124307	MEQLKGLTIRELIKKLEEVPE ENKDLPIYTFENENSLPIKGI SLYDENGKHSQENPLSFDVI R (SEQ ID NO: 304)	63	Proteína hipotética EFP_gp130 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504239.1	8e-27 (6163)	No se han detectado dominios conservados putativos
175	124320	124679	MNSPMNKQAKQVERSEKIK LVFEVRRENWKKRFSEEVK KYLEKGYTHLENKVFFALI SIDLEKGEKVISULVNEYDGI ANYTVMKRVTLREKGNRAIL KRMILTQKQVKKVSMWIKGI (SEQ ID NO: 305)	119	Proteína hipotética EFP_gp131 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504240.1	8e-58 (114119)	No se han detectado dominios conservados putativos
176	125582	125558	MKLEFIKLAESKCATLEAY NELOGYELTRGDRVDQNPVL IAYMQGTHSVSEISNELENK ELTELAFVYKNASFIYPNEK ELLSGLGL (SEQ ID NO: 306)	88	Proteína hipotética EFP_gp134 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504243.1	3e-40 (8388)	No se han detectado dominios conservados putativos
177	125556	126123	MLEVQKFRGNGNGARTWV GOIVGIDRLAGEYVRDQVT GIYFYVSCSAVVECARP (SEQ ID NO: 307)	55	Proteína hipotética EFP_gp135 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504244.1	9e-24 (5455)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AO

178	126213	126389	VDTVDHDLGKIKODIEYKG ERIKELGGQKQEOAELEA EVKGMREVVDIEQAL (SEQ ID NO: 309)	58	Proteína hipotética EFP_gp136 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504245.1	4e-18 (43/53)	No se han detectado dominios conservados putativos
179	126471	126647	MNNKLDLEEEYSTLDEL LDSKEFNKNNLNHVPQM QPSHNSNTLADTCRYPEK (SEQ ID NO: 309)	58	Proteína hipotética EFP_gp137 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504246.1	3e-22 (52/53)	No se han detectado dominios conservados putativos
180	126723	126862	MTQINAEVKQOEMLGNKL EVLQGNIDVWYNGEPYKTI ELI (SEQ ID NO: 310)	44	No se encontraron similitudes significativas.			
181	126943	127101	MTQGVKDYKAYGKELSTK EVKEFEKHNMPSLMDLA KFGAMNEDGTKN (SEQ ID NO: 311)	52	Proteína hipotética EFP_gp141 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504250.1	2e-21 (50/52)	No se han detectado dominios conservados putativos
182	127235	127474	MTPELAEMNLTKNDSPFSFI NESGVFIEPKRNPFSOEGTY LQACKDVAGELETNKVEGN EIDNYLKMQNNLNLAYEYI (SEQ ID NO: 312)	79	Proteína hipotética EFP_gp142 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504251.1	6e-37 (73/79)	No se han detectado dominios conservados putativos
183	127554	127776	MKSIIKQIKDYKGLERRN NGWADEELNSYTTQVSNL FELNDLQNGVSEEEAEI EEVFSNTIDLNF (SEQ ID NO: 313)	74	Proteína hipotética EFP_gp138 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504247.1	5e-17 (52/74)	No se han detectado dominios conservados putativos
184	127676	128571	MTWANNKKEEVLELLND WFGSDYDTVMGELEEMK KVTFGTSTNQPLLGGNDLI GLPQFKDNEASELPTVEE LLEELKDTWNLAEADNTY NYSGFLESEDFKVAQENS DTTIAFAHTGIDRAGYSKA IPVIFETYDFQIEFLGNVYS QGYAFKIKENKEYTSLDVS ATSEYVRYITDNNNELQL DYQETCMELDNESVAEYL TSQIEFKDLKPAL (SEQ ID NO: 314)	231	Proteína hipotética EFP_gp144 [Enterococcus fago phiEF24C]	YP_001504253.1	9e-110 (205/231)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AP

185	129793	129887	MSRYRGDFTAKTGQVCV YVNDKKEKGTALVRDRG GDEYTVSNEGMIYTKDMESI DYMPW (SEQ ID NO: 315)	64	Proteína hipotética EFP_gp146 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504255.1	1e-29 (84/84)	No se han detectado dominios conservados putativos
186	129086	129235	MEINKAYERLLKEVELLQND LMDIEDYSEVYQAFQKVID ELEYVIEG (SEQ ID NO: 316)	49	No se encontraron similitudes significativas.			
187	129752	129525	MLNSRGEPLLPINTQVRLNN FTFECNGRGRSPMGVIGY DMSVCREFTDYVNESGDLQ GYAHYNTVTEVWLGST (SEQ ID NO: 317)	75	Proteína hipotética EFP_gp149 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504257.1	4e-35 (71/75)	No se han detectado dominios conservados putativos
188	129782	130054	MLNIFYNWGGFISHPVLITL SIVGIYVLGYALYKFIQVIVL SNSLNTKRWIASAIFTVLST VFTIYSFLVEIYVVLVVISGLV VLLT (SEQ ID NO: 318)	90	Proteína hipotética EFP_gp149 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504258.1	2e-38 (89/90)	No se han detectado dominios conservados putativos
189	130400	130059	METLIDKERLNLKLVGDITF TKPELRDPLGCDKATVTSV TPGSVWISLNGTEYEVHKD EKTVPPLRNQSGEIVGEYF LDFADHKYWTYFAKTAVE QVSLRGE (SEQ ID NO: 319)	106	Proteína hipotética EFP_gp150 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504259.1	5e-51 (95/106)	No se han detectado dominios conservados putativos
190	130744	130433	MDKNTKDELALGKFFGT LVVLVLIIVIGGYVIMFLWN GLIAPTFGVLTITWAQAIGL DVIFISHTAKTTTNTEDSHM VFATKATVSTLLFMJGWWVM FH (SEQ ID NO: 320)	103	Proteína hipotética EFP_gp151 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504260.1	5e-49 (102/103)	No se han detectado dominios conservados putativos
191	131000	130737	MNYLIVATLVVYGLITLISVI LTYGVYVQLTNELSNPMPW FVVLGGHVLVITAFILVNN VIQLNKINQEVNNAKKEEND G (SEQ ID NO: 321)	87	Proteína hipotética EFP_gp152 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504261.1	2e-38 (84/87)	No se han detectado dominios conservados putativos
192	131308	131001	MAOCYHDQLTREEKQLKR KYEVLOSQSCWCHCNPLW MYPPDRVNLITOLDISNP EYVTPRLHYNPTGERMGL VHVRCDYIKELMNSLLNH SMFGK (SEQ ID NO: 322)	101	Proteína hipotética EFP_gp153 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504262.1	9e-50 (95/101)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AQ

193	131716	131525	MKKDLKLMKPGVDLVITY PTAGATITVTRTKIGSNNEVLE PYLDYEAIVUSKTNHYIADII (SEQ ID NO: 323)	63	Proteína hipotética EFP_gp154 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504263.1	5e-27 (80/63)	No se han detectado dominios conservados putativos	
194	131984	131760	MKVEQCELATLFGQNPENNA TATYFSVDYDYGDAITTTGE EGYTOFNFTEEQWAVIV DTISVQLRAQKLS (SEQ ID NO: 324)	74	Proteína hipotética EFP_gp155 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504264.1	1e-34 (73/74)	No se han detectado dominios conservados putativos	
195	132249	131998	MEKPYAVRSRHTGRVEYC TEDWLFQGSERNAMPCKEI RYVDMHCGMESYYEVTFK ANGTYTEELPVYAFGIKM IEKEES (SEQ ID NO: 325)	83	Proteína hipotética EFP_gp156 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504265.1	6e-40 (77/82)	No se han detectado dominios conservados putativos	
196	132630	132250	MAKVEIPSRVARAIKKYDS MLSLANEYFDPYDEAPDD KLAEWDEGNQVYLARAYM YGYTIKROFKVIGDTRYDHG FTIGDTVYLEKVYPDGVYAV RENSRSLKIVTLDVHPCDL EETQEEE (SEQ ID NO: 326)	126	No se encontraron similitudes significativas.			Proteína de función desconocida (DUF1642)	1e-05
197	133063	132866	MGHLPDDVGSWATHCNLV CDGELLEDKKSQTYTCEDC GEVVTLDLNEHLEKEAESY LKFFGYK (SEQ ID NO: 327)	65	Proteína hipotética EFP_gp157 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504266.1	7e-29 (61/65)	No se han detectado dominios conservados putativos	
198	133578	133063	MDKNEFMILGDEIFTQVGC DGTLPHALGYNAGIAKAYS LAYGLDEPERVVPYKVGSEY DKCKEENLFRINMDKGSYP SKMYFWLANPENHEKLA AWVLGHTVEEEDDEYTHAK DKDGWGSYIDRLGSPDFT NYLKDPTFTKEERKMDER PWAFAYKVGDV (SEQ ID NO: 328)	171	Proteína hipotética EFP_gp158 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504267.1	4e-82 (159/171)	Proteína de función desconocida (DUF1642)	2e-10
199	133839	133691	MSYEITYDSNTSVNIQEKIA VNSALYKVGVEKKASRVN EKTEVKYTLVSSAESQEST KLELPEHVMRLRLSEIENSLE F (SEQ ID NO: 329)	82	Proteína hipotética EFP_gp159 [Enterococcus fago_pHIEF24C]	YP_001504268.1	3e-37 (79/82)	No se han detectado dominios conservados putativos	

FIG. 5AR

200	134394	133852	MMKDELINALEELKFSHPV VOELSNRSQCYNKAAIL LAKKLEPKKVVVPKFAEW YEGNKHALDLAFTQIRMLD GNSYPHESEFDCWLDQSK NNPIETLRMKDGYEVEKEP LYHVFYGLGNKQEDCNLW VKSHNNEVYFSNKPNGK NKFTCEQEKEDERYWAFV PVYK (SEQ ID NO: 330)	180	Proteína hipotética EFP_gp160 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504269.1	5e-83 (154/130)	Proteína de función desconocida (DUF1642)	pfam07852	2e-19
201	134787	134395	MIKKEFDVGDHVEEQLEK FQNEHPSAEFYITGGQTTY EKIWFKYTDKVAQVELSD NQOVLGWLKKEYLTIDEP ELFWRLRANSKPDYRNSPV YKNRYMTEIAQLQVLOAFS QWAIKERN (SEQ ID NO: 331)	130	Proteína hipotética EFP_gp181 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504270.1	5e-89 (127/130)	No se han detectado dominios conservados putativos		
202	135140	134784	MSRORYNEIDRVCMYME ANGENFNSFEGDLKAY KTAVEAVKKPELNKOROV FEWLKVGYSKDSLFEALE RIGETVEDPKTEEAYSLSV TEEAQVQAFTDWFLEQEG VQ (SEQ ID NO: 332)	118	Proteína hipotética EFP_gp162 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504271.1	5e-61 (114/114)	No se han detectado dominios conservados putativos		
203	135314	135144	MRKINYYETTWAGIGIETV EVPDNATNEEIDEVARDVFS SYCSFGWGDVEDEEE (SEQ ID NO: 333)	56	Proteína hipotética EFP_gp163 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504272.1	1e-23 (55/56)	No se han detectado dominios conservados putativos		
204	135844	135302	MDNKFATKDDRYLVQVNV GEVKSXTINGLAQAKAEKE RLTHNRRNLVIDSEYRDQ QNRLYSGRGRHTVISINLO KLNHQVEGNELNTHFDLYSK LEVTHRLKIAPTYFKAVKEG RKLFEIRKNDRRHYHGDILL NEYTCGSYTGFEVKAQVYI TDVAQDDYVVLGIKLOEK (SEQ ID NO: 334)	180	Proteína hipotética EFP_gp164 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504273.1	1e-91 (166/130)	dominio ASCH	pfam04286	0.001

FIG. 5AS

205	136311	135847	MYTCMKPFKTERVSDVNS VWYGVVNNMMWYELDPC YDQKCPKYILIGGSAGASICI DLHTLLNNFMKVDSYESV EIKLRERCGFKERTHTFDYM GYAHFKORFLKRFNGISSD RKLKKEIVNTNSLNDLRFV SNNDNWISIKMKERY (SEQ ID NO: 335)	154	Proteína hipotética EFP_gp165 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504274.1	4e-80 (144/154)	No se han detectado dominios conservados putativos	
206	136778	136308	MMNRYLOKLSMEDMRY VVERVSSKTDIFGLSEDCLL POLYRPTLVFVPSKKYVYQ SLGVTTYKDEKALVSYGTD QDGLDQLLKIDEEAKKVTTF EEGLKRRYNRQIKRKTRIN NLLEODKRGYGWHELYLQ GVAITLEDVLDLEERQ (SEQ ID NO: 336)	158	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos	
207	137345	136980	MSNCIEELLSKEAYVDRFV ARDNSYFANVMQSFHTKN VFHVRRNDEYFMGRANNF VVELGELDFEVPISKEDHEL LASVLGTLNLTATFVLVTGN HKGVRVTTIWAIPKTLDKEL L (SEQ ID NO: 337)	121	Proteína hipotética EFP_gp167 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504276.1	7e-85 (120/121)	No se han detectado dominios conservados putativos	
208	137521	137342	MIECLMQVPLEETCGDFYL DEMLOGLCAMHLLDGEIQ SLMMIYVSELLEEEENML (SEQ ID NO: 338)	59	Proteína hipotética EFP_gp168 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504277.1	1e-23 (59/59)	No se han detectado dominios conservados putativos	
209	138053	137635	MSKYILFWGHTPSKRNKLG KEOLSQWYPSQFSAPKGL GEDIFPTAEHYMMVRKANIL FNDVDTAKRLKTESPKDAK RLGRQVKNFEENLWVKHRK SVLDGNTYKFTQNDLSLRF MLSPKGTKEAEASPFDKVW GIGLRSDPRSDTSRWKEG LNLGEVLTREVENLN 339	172	Proteína hipotética EFP_gp169 (Enterococcus fago phIEF24C)	YP_001504278.1	2e-95 (167/172)	Proteína de función desconocida (DUF1788)	pfam08719 9e-39

FIG. 5A1

210	138527	138054	MIKVVDSIDTPYGLSKELE KFLANKHHTSINSVAYKNP STYSALVTYKQEDSVDSLS VPLKAGFLKIISDFKYRTLE ECHRVPULSTYKLNINDGD KIPLFFKDKPVAISPTGSEP YFYEHPEHIEANGGLPSPH FAFEHNGNYEYWEHH (SEQ. ID NO: 340)	157	Proteína hipotética EFP_gp170 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504279.1	4e-73 (136/157)		No se han detectado dominios conservados putativos
211	138531	138524	MCFGYCPVCETAINVGDPDN GGELCQLTHIRSKVIGTTR GHVNGLGWVEDCVFQGR SGRNSQEEIFERSEYEFKDSY RIGKROAPSGREVRAVEP LNDLTVGSPERECEFAIEGL NIKELKQYANTILALEDELLQ SAGGLSCMGQDIYERMMI LANMKSSNRYWLVLSKLY NOYILTLPDSMEAKSGVAV HVACLKTLKSKEERASLPFSK PDPOQSIGTYREAYREDNT (SEQ. ID NO: 341)	235	Proteína hipotética EFP_gp171 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504280.1	3e-129 (225/235)		No se han detectado dominios conservados putativos
212	138700	138260	VEFVERAEYVFFKPLDFNL GHRVANVLKEELSCLETSY YKTRLYGSIYLVASDKISIEV YNESIKLGFNDEEVLGVIG YPVECAKVFAKASREELSN SGVMMSGSYTFKCPHELYD YAKYMLEHYGLKAYYDIPC EKVYTF (SEQ. ID NO: 342)	146	Proteína hipotética EFP_gp172 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504281.1	3e-78 (142/146)		No se han detectado dominios conservados putativos
213	138884	138750	LNKORENHKEKIKEHTENIGH IEEKIENILYIPEEEEYNRLP F (SEQ. ID NO: 343)	44	Proteína hipotética EFP_gp173 [Enterococcus fago phIEF24C]	YP_001504282.1	1e-14 (42/44)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 5AU

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas EFS (n=105)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F170/08	1×10^{10}	48	21	13	8	10	90
	1×10^9	43	25	8	7	16	94
	1×10^7	31	30	6	2	31	69
	1×10^5	55	1	1	0	43	57

FIG. 6A

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas EFS (n=56)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F170/08	1×10^{10}	2	6	14	14	62	38
	1×10^9	5	4	5	4	82	18
	1×10^7	0	2	7	2	89	11
	1×10^5	3	0	0	2	95	5

FIG. 6B

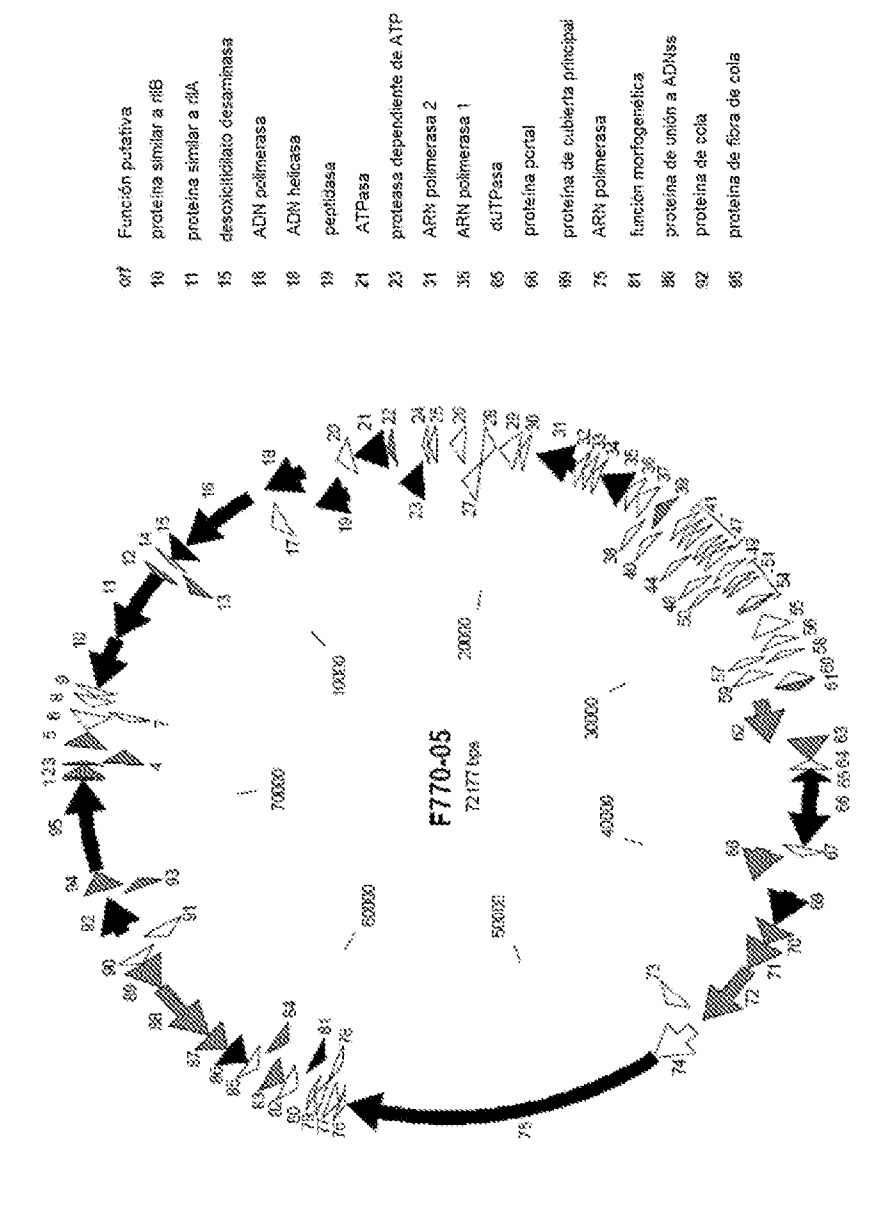


FIG. 7

orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	<3	98	GILLVDSOOALECCAL SSQWGSQANGHHQIA (SEQ ID NO: 344)	31	No se encontraron similitudes significativas.						
2	100	528	MQVDVPGKERISALSV RGTVLILDGQEHDFAPI WDGGYLPPEAYIGRTIP FOEIKVVDGDFVRYIH OVTVEILDAEPGEVKP FVTEEDGPVEMPFEYY RLGLGTNSERSGDGE VPGSTEYGGEPSEGES LPGGERADSDRIGS (SEQ ID NO: 345)	142	Proteína hipotética [Pseudomonas aeruginosa]	BAB03223.1	1e-21 (51/94)		No se han detectado dominios conservados putativos		
					Proteína hipotética PPF10_gp026 [Pseudomonas fago F10]	YP_001293370.1	0,14 (32/93)				
3	533	625	MDKGEVADLTAWLEK VKEIOERYPLPEEPK (SEQ ID NO: 346)	30	Proteína hipotética D3112p55 [Pseudomonas fago D3112]	NP_938262.1	6e-05 (15/20)		No se han detectado dominios conservados putativos		
4	622	1146	MTADQVFNQVLPEAY KLIPASMNSPASVAIL LAILGLESFASRRQL VNSINSEGRKVLPLG PAKGYWQMEKGGAYK GLNFWKPAIKELVHS VCKARGVPATQDAVW DALEHDDVLACALARIL LYTDPHRLPIKAQNE AWDLYLROWRPQQPH EATWPELYRKAVRVVT Q (SEQ ID NO: 347)	174	Proteína hipotética DacI_3261 [Deinza acidovorans SPH-1]	YP_001564284.1	9e-30 (55/179)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 8A

5	1143	1655	MTISARQIRWRAEVLFF AIALYAYNKGFFVKAES KTNAEWELRMMAER AAENKKALEOSLLEA MNEVKKDADECLADQ ASRIAAADAQSRSLRE QVARLRDOLADGARA STERHASNAASVVLAD LYGSCVSHRQELAGA LDRSHAAGLTQCKSY ANKSLGHAPPO (SEQ ID NO: 348)	170	Proteína hipotética SPAB_01000 [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Paratyphi B str. SPB7]	YP_001587255.1	1e-04 (51/165)	Proteína de función desconocida (DUF251 4)	pfam10721	1e-05
6	2275	1718	MSKYEPVFDSSKVTR FYHVRGFAERNRQV RFFKTTWVGFLIDR AYWVDEDDLKELEH VVRKITAASDIRDLA KERYGAFLAKDGGSTK RARTSVKAAFFSMICR RERQLIFLERDLNRA QSILGTRLDTKVAER LEMLNTTVEIPSSWDI DQQLAEHKRIHENEH HEEGALVWEPDF (SEQ ID NO: 349)	185	No se encontraron similitudes significativas.	AAK65118.1	0.011 (47/166)	No se han detectado dominios conservados putativos		
7	2459	2268	MAEVTTVLEMPNTVIA TAVGDKIMEADAYRHY LESNVDPRFVLEEVIA MVAEKDQELVWKHV (SEQ ID NO: 350)	63	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos		
8	2626	2509	MPWKSDPNWGVLSAI ALSVLSGVISLTSRIAK GHPPKFVWVSELSS AILVGYLYDVVPYIQH LLYEWMTMPICAVGG HLGGRVFQWVEFYK EKFGIPDSY (SEQ ID NO: 351)	105	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 8B

9	3134	2910	74	No se encontraron similitudes significativas.				No se han detectado dominios conservados putativos
10	4960	3162	582	proteína similar a rIB [Enterobacteria_fago N4]	YP_950512.1	2e-53 (158/411)	proteína similar a rIB	No se han detectado dominios conservados putativos
11	7488	4972	838	proteína similar a rIA [Enterobacteria_fago N4]	YP_950511.1	4e-61 (131/335)	proteína similar a rIA	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8C

12	7683	7492	MSLDGQTVAVRVMFT NYFGVYPGKKQIDHLC GQRCCNPAHLEMYT HLINDKRRSAKRAKSK E (SEQ ID NO: 355)	63	gpc22 [Enterobacteria fago N4]	YP_050500.1	5e-18 (39/62)	No se han detectado dominios conservados putativos			
13	8078	7680	MAKAKLKAQWTPGK LGHAPVNGRYFEVNR ETRMHTWTGCLPVP EGYEQVTMQEYDSFR KFNGTLKKRLMAFR GEAKCSKDAGKSGS ESKPAASKTRASSST TSPAPATSGKARIQVR AGVVVTGG (SEQ ID NO: 356)	132	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos					
14	8221	8081	MIKHFGGIEEAEAAIAS GKAVYGGKFTVPKGYIL GTDKGMVYLHKE (SEQ ID NO: 357)	46	No se encontraron similitudes significativas.						
			MNAAFGLPATLREVS TVLKAPDPRSMKYRR LYMSIATNAAKQSVAE RHQVGGVLYTTIGAL FTGWNCTMPGTDNC CENGELYREETRFKTT PYGVHAEHNILAWAS RSGVFLDNSVLWITRA PCVRCAEAMATHGVHL VLFRODDHEPEGMTV LAMGNVYAMWSITLD SLITEHGHHYVSKTL LAN (SEQ ID NO: 358)	189	desoxicitilato desaminasa [Bacteroides vulgatus ATCC 8482]	YP_001299900.1	6e-15 (41/146)	desoxicitilato desaminasa	Dominio desoxicitilato desaminasa	cd01286	9e-20
15	8822	8253			cCMP desaminasa [Vibrio fago KVP40]	NP_899367.1	3e-11 (36/120)				

FIG. 8D

16	11519	8904	MKYTWEEQDSYPVAI LIKEAAVSRSAESTYI KOLEGLGVPRKXWV SLDYEGKKVSAKAKE CIKDRDQLLRDLGVQY AYVADSKYFKEWTKR KTADDFGNLSPAGY DPGYLVTPGVNHQVL LFDPGQMRLSRGFK AVDHAHGVYRPVGS DLLHDVITYYRGVVSQ AKEALARLMDKPEISC DIEGFSLSMFDSGIATI GFAWNEHDAVQICD YREMODENKHGYY EPNAEMREVLKWFFT EYPGR (SEQ ID NO: 359)	871	DNAP (Enterobacteria fago N4)	YP_050517.1	4e-175 (348/871)	ADN polimerasa	familia A de ADN polimerasa	pfam00476	2e-34
17	12046	11519	MDARTPEFLIFRAVK DCLDGLYVPYKRAF OAKLNEIADAVARG DGIRAFCHRGGRNMP GEKPNFRYFRLSRG NRVLVDSLLSEYDPVL DERDSVLTFISQVNLK SDPSEYLLKMFPSGL REPLKRYEYHFGLPVE GVEFTTESPIGSNDAG WIKLCTRVGIRLVGG L (SEQ ID NO: 360)	175	No se encontraron similitudes significativas.			No se han detectado dominios conservados putativos			

FIG. 8E

18	13383	12048	445	ADN helicasa [Enterobacteria fago N4]	YP_950515.1	1e-36 (129/430)	ADN helicasa	ATP- depende nte exonucle ase V)	COG0507	2e-13
19	14531	13302	409	gp25 [Enterobacteria fago N4]	YP_950503.1	4e-40 (115/386)	peptidasa	proteína no caracterizada conservada en bacterias	COG3664	3e-19
				peptidasa dependiente del metal [Clostridium acetobutylicum ATCC 824]	NP_348481.1	2e-09 (60/357)				

FIG. 8F

20	15049	14531	172	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
21	16131	15061	356	gp24 [Enterobacteria fago N4]	La superfamilia AAA+ (ATPases asociadas con una amplia variedad de actividades celulares) cd00009 2e-05
22	16404	16177	75	Proteína hipotética pQBR0228 [Pseudomonas fluorescens SBW25]	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8G

23	17234	16401	VSQANEKTIERIGKILLI FKASEGEIRPHFWLTG PSGSGKSFNMDQCN RLDMLPMTENVNCSL TKEGYSGLSKALAP LATLGNVPNVVFCDE MDKFLSGNSNDSHA NEISGVONEFLRVLE GSTTQTFGQYGYNT VCVERSLFIFAGAFNG QENMDATELLKCGVK TEFIGRTGLVYNLEKP TLEAMVQYLKESELW ANYRSLPKEDHKAE KWLKEIGROYPSNI GVRINTLIHQYYINAG ED (SEQ. ID NO: 368)	277	subunidad de unión a ATP de proteasa dependiente de ATP [Helicobacter pylori Sli470]	YP_001910850.1	4e-12 (79/270)	proteasa dependiente de ATP	Familia ATPasa asociada con diversas adaptaciones celulares (AAA)	pfam07724	1e-06
24	17478	17293	MQFSDLSPEQKLYP THSLKEALEEARHLL PGGSHHDFMRAMMG YHNTFLFYGEWTPSE (SEQ. ID NO: 367)	61	No se encontraron similitudes significativas.						
25	17720	17487	MSGDAIAMVAYFATAI VAAGLDFVLYDDYDD KADRSVTLGLWPALP NVGLTYTKIKTAWKG FKOLCKYGIK (SEQ. ID NO: 369)	77	No se encontraron similitudes significativas.						
26	18621	18178	MLSEERIEHELSSLKN VLDGLRRNITVLHNR SILSEEDITTEHVQSY VKRLEELDKFEFLRQ NQIVHPDVQGGQGD EQTTAVLKDAVVTQM GNKLAELDALGFGKE HVOKHGLDETVDAC LYVQSLKGGEALLNLL RSMK (SEQ. ID NO: 369)	147	No se encontraron similitudes significativas.						
No se han detectado dominios conservados putativos											

FIG. 8H

27	19199	18621	MEKTIWFQGNPIDVP IDRCLYFLADGKLVQF AYHNDLOQLQAFMTG ISVGKLYAALKGKFEVY VRHGEIVANQRVGKV GRSSHNIPIAVYKQG EHLVYQLTACAKELVK AOFTGDHVLWSTKIP GDTLVMLPGEPGERV RKVVIEIGTETHYN WCGHACFEIADKHG VRYTELNDHFQLYGV NK (SEQ ID NO: 370)	192	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
28	19226	19639	MSLRQVLAGEVEVRI VALLEVGVLPDGMN QGVHGOFSIATALLAN LVLEPLDFLHGFGELL LQASHRILEDCLFRDD LGSSFRILHGEELGEF GDLVACFDGRLQLA DLGLQAIIALSTRVDP TVVLQFRECCV (SEQ ID NO: 371)	137	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
29	20325	19750	MHTFEGDPMIVHD SFEHIDSTEGLEAELR AFGAMWVLRGETSW WSRFRQAEERPEHVM YYDIANFIMENDFLDN VGRKPKLGDEEEEFLE MLRKLVEEAMERDSQ YRNKPVARSVLHOAS VLAMDWVVRGVYRAAR RKYPDNFVADLMYY LYERVYISHDAYEGS TLQLKYTLNGKYQVY LDGELR (SEQ ID NO: 372)	191	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8I

30	20804	20380	74	No se encontraron similitudes significativas.						
MRKSYLKFLDTMAWIV AVLVFVVAVASLTIV NGLVALFVMIAGAVGI GMTFGFWFLGYGIYE ELQKLNARVRA (SEQ ID NO: 373)										
31	22168	20927	413	RNAp2 [Enterobacteria fago N4]	YP_950484.1	4e-51 (137/419)	ARN polimerasa 2	ARN polimerasa similar a T3/T7	PHA00452	2e-16
MTPYTAPEYLLIDAAN QMGHDKWLFQRIQ WCYDNFDDLENECN EKTRPOYLKAVMAIRA AQRGEPVGHVGLDA CCSGMQMSALGCE SQAQATNLINTGFRQD AYSLVTTAASHTLGE VGEIKRSDIKTATMTH FYGSKAEPKNLFGEDT PELEAFYQGVEMVAPI ANEMRDDILINTWQPY AMKHSWVLPQNFHSI VKSVDVFETRYEVEDE MEGASFEYIKQDCG VERAVKNAANVHSID AYVLRSMH (SEQ ID NO: 374)										
32	22475	22203	90	No se encontraron similitudes significativas.						
MNVAAWLHNGEWHL FTDEMNRVSDQAYY QAGLKGPKRDLVLL RMTAKRRNTAYWFHF RKDNPFNKMPVAYT EEIPKELOALLTYGL (SEQ ID NO: 375)										
33	22763	22479	94	No se encontraron similitudes significativas.						
MELVWVKDGDNRV FADDVPAIDGTVDK VAEGLATLYRKEEPV VFTRRTAFYDQYV LMWKYPTYGRAYGK EASDEMIKEPSAIALA GY (SEQ ID NO: 376)										

FIG. 8J

34	23058	22798	VSHYAFYKEDDTWKF VKYGGELLEVOAASM MAYSPKEAACTCYK UNGVRWWMGMIDOK DAIEDVNLPAULRAM LVWVSLDOLLE (SEQ ID NO: 377)	86	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
35	24003	23071	MTTHMLPEDMORAN EYRFARAHIDGYREFI RGDEDLPALMERGIAL LEEYRTTEYSYNSKNL RMETVRNLDLEHVFEE IVASAYCQVPDMFISF TAKLAGVIGFDDKADS IKTIAEMVAVIAELDVY DIEQYKYGYTKVISNI QLPERLQHAYERAMY LPPMVCKPSKLTGNK SKLHLTLEKESLIINN HHNEDICLDVLEKMN VELCLNTEFLSTVEEE SHKYLDTDQDKDDWY RFVSESHMYKLMV (SEQ ID NO: 378)	310	RNAp1 [Enterobacteria fago N4] YP_050493.1 5e-23 (63/197) ARN polimerasa 1 ARN polimerasa similar a T3T7 0.001	No se han detectado dominios conservados putativos
36	24362	24015	MRINAHNKDMFTMVGI REAEQNMARKFNTMLI SDSLRKGCESCLYIFDG LTEEYFRKDLNVAAG LNMRLKSYIDPFKAL YTKHNGRWPFSSDF NPVAEKLVPPEIRAQS LLFD (SEQ ID NO: 379)	115	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8K

37	24642	24402	MPQFVVGNNWEAFD KADHENVLSNSTLST GAVVMTAGMAAELVA RFHDAGIOTSVEGVIA ENGACGFGCCRCQS KVGVFQDKRHYROPT DLGCVSTSTTQLMWR AGENPTHQYHLEOPG QNEPWWLKDILARLP GNVTWSRP (SEQ ID NO: 389)	146	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
38	25093	24842	MTRYLKRVRIRDDNG MFVSDGDTLIDALREV KLKLLKOLTVIDQDD GHRWMFQYSHVNNHI VLTQSPDCCDGIIRM GDLL (SEQ ID NO: 381)	83	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
39	25494	25093	METNMMFVFGSKTA GIHGAGAALYARNNK GAEMGVGEGPTGMS YALPTKYRAHGGRLLVT CHSDYAKAVQRFMDP AKEHSYMSFQVTRIGC GLAGFHDSDIAPLFQA APDNCYFSEAWKPNL KPTTKYWGNE (SEQ ID NO: 382)	133	gp14 [Enterobacteria fago N4] YP_950492.1 3e-23 (59/125)	Proteína hipotética 9a-24 PHA00684
40	25787	25494	MPTDLKTPGTGTVTG RLVVDRLDYLNLLEVR KYSRDKIDMAYIDMTA LEERVMAHMLDQIPKP VKSKRRPKWEMPVR NHETNHLGKGPRNKF GGFN (SEQ ID NO: 363)	97	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8L

41	26262	25972	MALKSNARTNTAAQ SDDTRAAFINISIGTR GGDPVRLGNGIPLRLS EAVEAQLHEYLAEKD DKDLAKRIENLRSLIL SFRVVRKSELOLDL (SEQ ID NO: 384)	96	No se encontraron similitudes significativas.
42	26541	26356	MVLTTRKATSLDRGY RECLDAESVARELHAI GMSAVTEEDVNLHWA DWDNDLSDEPRWV (SEQ ID NO: 385)	61	No se encontraron similitudes significativas.
43	26835	26614	VTDVLEMLLCLYASS VAVLNGYMKWISSNNY TMOOTWMLVIDILVM HVLTFSGMFAIGAVCI FFNLVGLL (SEQ ID NO: 386)	73	No significant similarity found
44	27065	26832	VIIIMFLFAVGLSMLV IGLHROWVINEMLREP LSISRRHDELMRRIHA WYMAVCGIGLLFAGC GPLFIFLAGGLL (SEQ ID NO: 387)	77	No se encontraron similitudes significativas.
45	27280	27062	MTVQLLAIAVALLLV PTVLSFLRLVWAAET WVRCETGRGNRGTA AVATVLYGVATWVCA YLFVWGVYL (SEQ ID NO: 388)	72	No se encontraron similitudes significativas.
46	27503	27300	MLTIACIVLIFCGYLF VKCLASLTCFGALFVL PGAKEYAAVAVGLVWN VFWAAVWVTAINFLFH VA (SEQ ID NO: 389)	67	No se encontraron similitudes significativas.

FIG. 8M

47	27803	27507	MSTNLNLIGRLFDKII PTNGKLTGFRVRMTLF NMDCPNTVLTHVVMC GDEYTAKSILKTAIOR RRLNLKHHWHYVEVVK DLPGACTNRUKTKPET LEI (SEQ ID NO: 390)	38	No se encontraron similitudes significativas.	
48	28095	27787	MRTIAELKIGLEWQQA NRGETYMCFLVSLA NGWVGPPTWDEYR SFKWILWEKLNFRGS DSVLGLLERVGLDDSE ENWVQFYAWYYDLI KRNTYEHQP (SEQ ID NO: 391)	102	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
49	28350	28099	MMKYARIKRVNITY VDACQOWARDFQYD QCLRLIQHGFSQSL EEFQRVWMLDQAF DFCNERGCPADPGFA DVR (SEQ ID NO: 392)	83	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
50	28592	28350	MNTLYHMQEHVCFV GTRDGVNYQTNRV TFGEARHETNCSPS DKDIRFYRPHGEAED VEVVIARLDLTTKEN N (SEQ ID NO: 393)	80	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
51	28819	28589	MSNPHSVFRVVKCFV RMVITNGELITSPTHNL EEMRDYNRNCKPTD TGIRLSYMSSETGCEV VLARFDHNGKVLV (SEQ ID NO: 394)	76	No significant similarity found	No se han detectado dominios conservados putativos
52	29025	28834	MDQNYTLLYTNECLH SIEHEFEAVSDEVARIK ATAMCRGOEGLWSGI YLTDPQGEAITFDPF (SEQ ID NO: 395)	63	No se encontraron similitudes significativas.	

FIG. 8N

53	29726	29472	MFKALNQFFAMLESM FRVATNLTKAENWTE WAEESAHFNKARL OREQAIALLNENAOEL QEKGLTEAVESVRKE RTKAKA (SEQ ID NO: 396)	84	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
54	29750	29857	MVVVTQDQOSTAQPKA SLDLEVQTDQDWEVE LNKVG (SEQ ID NO: 397)	35	No se encontraron similitudes significativas.	
55	30797	30147	MNKKAVLNKLPQEL VEIDLGISWHEYINNA GDINTGLVYVKLAAY AELFDVVPNNPAEKKI AELEAKVKELEDKKA TSTEENRESFLORVAS RGSRKQADIVKDGILF YVVGITIRGTTLRMEST FMEDAFOPVLRDARD WVKTFVMSGGGLGVL VMSORARNHRLLYW FAATGLFTGVATHIET GLAYVSPVKHRDWKD AWREIGCVIQGKD (SEQ ID NO: 398)	216	No se encontraron similitudes significativas.	No se han detectado dominios conservados putativos
56	31309	31001	MELNDTGKIRVLTOG KAYYLDALLTRDEWDT MTDAQKTKYMNEWVL ASVSIRPQMPSSSDI LKHKHELELEVSRLKK QATPTFRYPYPGVTHG LPDQR (SEQ ID NO: 399)	102	No significant similarity found	No se han detectado dominios conservados putativos
57	31580	31300	MKADWVYSNLIFALVW SLYVKNPASEEHLWLF HLLHFLFALLLWTAIDV TRYSPWEKKEKPVFAF FIFAPWVPMNLYGAM MLELLWN (SEQ ID NO: 400)	88	No significant similarity found	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 80

58	31769	31557	MDISYAHVQIMKLKNG KITSHKVEIPYSLSEV QDDFYSTVAQILNLVR RGTGISVNLVTHSRVL FTAGPNQ (SEQ ID NO: 401)	70	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos
59	32200	31769	MOLEPYARHIVNGEL MSRNARVECGTKVFL LRDTLTHNPDTGRKLA LGAGSOVMVAGLCIOY TEKGNPLIAVHSINED GDLFHALVDPNHLCTYA ECPVDRVLKLVQVEE MYVMLRNKGYEQSEK VAELLYSYGHIQLOEG KL (SEQ ID NO: 402)	143	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos
60	32722	32333	MVDRLLDVSIHMA WDOCLFQDEVHQLRL VYAGDVAGHVLVGHIT LLGPPLDLGGESTGV SLGWOPHQLIGHVLR SMEVAVQLELTLHH MEVPNDVAVPEGFRHV RIGOHVIECLOYFRGD GLLHLVR (SEQ ID NO: 403)	129	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos
61	32735	32992	MQNAOSEKVOQESAN SLTLHLKSPEKTELKID VSDRAADADIMRQNA EALARLOQEMAGKQL SAKDVAERSMDFGEV EGELA (SEQ ID NO: 404)	85	gp69 [Enterobacteria fagc N4]	VP_950547.1	0.050 (26/77)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8P

62	32992	34644	MNLDTPIAKAVADEV DFAGLDEAAKSVEQW LREVYGGDSSYIPISF ALQFVDFIKMVGNEG EENKTPVLHILMLDQI GSGQTRIANMVFRGA AKTTVMGEYFLYIALY GELPGFGKVDLALYVS DSIDNGYKNMRKNLEF RWENSEFLKKYIPQTN FTDIRWKFNLGKVF MKGYGAKTGVRGAKIE MGKRPOLAVLDLVS DEDARSPTVAIEDTV YKAVDYALHPKKNMII WSGTFFNAKDPLYKA (SEQ ID NO: 405)	550	gp68 [Enterobacteria fago N4]	YP_950548.1	5e-157 (282/527)	Terminas e-like family	pfam03237	0.003
63	34641	35375	MTQLKQVIDLLAEGEL SNIKYVNDTGALVLER VPSLRANLGVLDLHK RFLKEGMLKIQLEEG RRLYPLRPAYOYGOQ PKPGVPOFTDGNKLG RQSLKIEKIGDNGVE YYLNDTWQPLNITPE FDVLEISSEFYCHSS KTLVRYRRAPTPMK3 CYDNLDSWGCIDILP YTHLOALLYFVASRCQ TPIGMENTAQDGFNF SKKYAEACANLDAQN LRIDFVGNQDRFTRG GMV (SEQ ID NO: 406)	244	proteína 30 kDa [Enterobacteria fago N4]	YP_950545.1	5e-10 (65/236)	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 8Q

64	35707	35408	99	MLIKEYEHAQLKPK GWQVSEDIHQWQA LOEMLGSPFTAAFG DNADGSRVYSLNFN EGATLDVKAGWIFVN EEGIEGWSAEVGV RFKEIQ (SEQ ID NO: 407)	128	MPVRASDTAGGYDIF MPEGGVAYPNQPIKV KLGFSAAPPEGHVALL LPRSGTGSKAGLR NTCGVSDYRGEWV AVVSTDREPPHWEAG NRVLOMLLVPAIPEL QLVEELSETNRGDGG FGSTGE (SEQ ID NO: 408)	Proteína hipotética COLSTE_02170 [Collinsella stercoris DSM 13279]	ZP_03298245.1	4e-19 (58/128)	dUTPasa	dUTPasa [transporte y metabolismo de nucleótidos]	COG0758	1e-29	No se han detectado dominios conservados putativos
65	36097	35711	726	MADVDEYLTLPNE GDPKSKLOPEWISAP SLAQILKQDYQEAQV TDEKITQNRWLDYMH VRGEGRPKTEKGS VQPTTRKGAEWRY SLSEPLSSPNFEVNP VTWEDAESARONGLV LNQQFNTKLNKQRFID EYVRAGVDEGTIVKV GWNYQSRTYKEQVVT YEMMPDSSEELAQV QTAQIREESPSEYPE IPEDVRLGLEETEANGI QVRAPVVGSEERE ETVENHPTAQVCDYN NIVDPS (SEQ ID NO: 409)	36165	36345	proteína 94 kDa [Enterobacteria fago N4]	YP_950537.1	0.0 (345/706)	proteína portal				No se han detectado dominios conservados putativos
66	36165	36345					proteína portal putativa [Burkholderia multivorans CGD2M]	ZP_03572553.1	8e-09 (146/671)					

FIG. 8R

67	36415	39753	MNEEHAIQITRKNAEK FVRLRDAMLRLHKMR DFOALILNDFLKNAA RLVLLKADKNMESPE MQARIIREIDAVGALHT YFQLIGVRGDEAEQAI KDCDAELERVREEED EE (SEQ ID NO: 410)	112	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos
68	36763	39949	MADFLEMSDDDLPEF YEVEEOTRSQDEEPE QEQONDEQSEEVQWE EPPADEEQEEEEEPE QDPLNSPDDELCDLP VEEKPTEESEEEEEE EDGDKEESEETPTEE KPEAKKSEATKQEVQ PADFMARTAPFKANG RLQOVKTPPEEARLMQ MGANNYNHKMSALKPN LHMMROLDDAGLLNP DTIANVVDLLNHHKPE AIAKLAKDAGVDPLDL DEKSVADYKPTAVPFN QVREALDEQLDSIEHS PSYNRVVT (SEQ ID NO: 411)	398	gp57 (Enterobacteria fago N4) YP_950535.1 8e-34 (91/270)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 85

69	39984	41183	MAGPVDNIKPMKYND PANGVESSIGPOIHR YWYKRALIDAACEAYF GQLADTFSPKHYGK ENRLHYPLLDORNVN DQGIDASGATANGNI YGSSRDVGNITAKMPT LTEIGGRVNRVGPFRV EIKGKLEKYGFREYT QEQLDFDSDPAMEGH VTTEMVKGANEITDI LOIDLNSAGTVRYPG AATSDAEVDASTEVY DSLMLRLDLNARA PTKIKMITGTRMIDRT VGNARALYVGSGLVP TI (SEQ ID NO: 412)	399	proteína de cubierta principal [Enterobacteria fago N4]	YP_950534.1	2e-124 (218/400)	proteína de cubierta principal	No se han detectado dominios conservados putativos
70	41240	41905	MSLDELONLSEAPLES POTRSELEVLOEKATA LGISFRSNTGVKLE KINAVLNDEAVGDEEE DEATEATSSIPKPSAE AGAAALKAAEAPRPKT EGELRRDRRLAAHRLI RORITCHPNKNDWD AEYFSIGNDEIGTIRRL VPYEVOWHVPEALLN FIKSKQYQHEFTVTEQ TPMGPKVVRRSKSVR EFSVEILPQLSEDELES LRKQAVNGSYKED (SEQ ID NO: 413)	221	gp55 [Enterobacteria fago N4]	YP_950533.1	2e-19 (63/200)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8T

71	41909	42874	MAVEPTIADLTVEKLD GKGALDQLLOVTRHL AKEHDAGRLLKGOEYA AVLTGGITAVLQNAVIM FLQKDEAAINKAALVE AQIKL TEKGCELLDKQI AQADKDAELIAAKVKL TLECAKLPDSQIRASG FQDLLVQEQTKVQTA QTRRIDCEILSAGFQD LLVKEQTAKTKQDVL AVQQTVMMEQQVLES TQKVLNKKQCELLNVA QECLLKAQFDLTKQD GLNTOEQTLVRQKVA SERAQTIGAGVDADSV I (SEQ ID NO: 414)	321	gp54 [Enterobacteria fago N4]	YP_950532.1	2e-11 (84/298)	No se han detectado dominios conservados putativos
72	42832	45154	MGLFSSKKKTVMNTTV QRVEDDAHIPDSPTIG VQIGTHETGIVENILEK LSDSIGVRANTAYLWA QRNNYYWGLPESKVV NGVDARTVWQTIARS EGTITTYNQFGPLNS LHWGFTLRLVLYQYN PLTNELPGLSTTKGSK VYLFDMIPVFQTDVYA WADETANKGMLQDFG FSPKSGYTPSRPYNTI GGMGQFAGWSPYRT DNSFGEDYVLLTYEW KDAQGVVQKQETRMIM NLDSLIDYHOVRFRR QNGT (SEQ ID NO: 415)	740	gp53 [Enterobacteria fago N4]	YP_950531.1	1e-10 (119/562)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8U

73	45135	45602	MAYPYSDMPFCVELD TSTLGSFGLGPGQTQ LQMMPAVDVNAAAS GSGGFMGFSNIFSR DSMFGGVAPSGAGTG GWMPALGIGQAVFG AIGANRQQRARQQL AFSRROFDNMYGAQR QSINTNLEDROGARVA SNPTAYESVDSYMER NRIR (SEQ ID NO: 416)	155	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos
74	45602	47167	MAQETWRNIGATVSP GSASSMSAGTTGVQQ ALGALGCHSRQDEM VNNAKLQREANTQSY LDQVAASTLEQLSNAD YRSGLEAQRDAMGM NLDRAATRDATKQISA OONQAAATQKFDMM QAEVGGRGVQDLRTL AAEGRAGEVNLAEQ OLINEGEIRKELTGVO DAIGNROYRAAGEQR AOAAANRAAEAHSL MAAGRENLAFTREQR DELRRDRDEAKLVSG TIATTFODYQESROAQ SEMRVG (SEQ ID NO: 417)	521	No se encontraron similitudes significativas	

FIG. 8V

75	47168	57364	MADFIDQFLSDRQE ANAGATPAFDALDFAS AGLDMKGSQKAYDLD GIRERKKRNVESLIG KMGITPGAAGTEILNT AASFVSGTGRALGOVI ALPNAADAMGQAGVT NEAEAYNRYVSAQM QEGDEAILSQTAAGDD GVPTMLQRMQGVVD ELRKFSTNVDFKFFDW SSIVDTTRRQOLSDDI ADATAGGVVERLRNAG ESFSRGEILDGLVQGA LGVGQTAATAIGASAT NPLAVGEYTVENAPQI LAYAAN (SEQ ID NO: 418)	3398	virion ARN polimerasa {Enterobacteria fago N4}	YP_960528.1	3e-38 (238/1065)	ARN polimerasa	proteína de membrana interna de integridad de la envoltura celular TolA7	PRK09510	6e-04
76	57583	57380	MGVLKGLFGAGALAG AVIGILFQGFVSWIFRI LGVVVALFVLLLCWV GWELWKYCFISRKKEG EQ (SEQ ID NO: 419)	67	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos					
77	57910	57593	MSLVDVAVVEAKRQGV QHSIRGSNYESDIPPS LKALLDEALRLANEHSI FLYWSASLPNGVMTR AALGEGENIHQVLYLM SYAAAVQDPALAGEV VQKGMFLDKK (SEQ ID NO: 420)	105	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos					
78	58143	57907	MGDLKACMLKNMHV TRVLHLEMRNKLINT LRDNATDDGMATLEM FDAALKEITDRFLRAL RAYGNENINEIKAAE (SEQ ID NO: 421)	78	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos					

FIG. 8W

79	58142	58399	MAKELLVGKGSWAL WITPLRGGGCTRON GPEHSLMPTCSIDIRK PAGGSVLGLORHOLR EVNGPLDLGGQGL GGIQGPMRW (SEQ ID NO: 422)	85	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos
80	58444	58599	MAVNTKKSPTIRNH ENFRKGMKVITYQRT KGNLTFTVDCDPVEA DLHAC (SEQ ID NO: 423)	51	No se encontraron similitudes significativas	
81	58954	58550	MKAKSYLLAFAPTG VGTVFQSAIHAFQGG SHDFTVPLIAQIKERSG IGANSIMLSVSFLGTM TEAEFNPPFRPGMDA TVAYLEGVRAGLENS KONPYPTGVSVEAADY RNGRISGF SMREGQQ PFQDHSPQ (SEQ ID NO: 424)	134	PnGR [Enterobacteria fago P1] YP_006558.1 0,059 (22/66)	No se han detectado dominios conservados putativos función morfogénica
82	58419	59012	MKIELQQAEEVAAGIAT YLITANGLKADASQLSI SFQITRKGGGGVAFV EVPCLAVASLVGKAP VATEPQTVEVEKPKK AEKKVNTTEAAAGLAT AVAESKASEAAPVEVA TEEPATEMEAREEE PVAEQAAPASTGGSL FS (SEQ ID NO: 425)	145	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8X

83	60021	59461	MARLVNIGMDPSMEN WGLACQYDITTSNTL SLRHEVICTSKTKDKQ IRVNSDDLNRSTEITTR VMEVKEANVFVEVPV GSQSAAAKSVGMCI GILSAVRASGKPFHLL TPTDLKYNACNSKTAIS KEAMEWAVKYPHLN WPRTSKGEVIASRAE HMADACAAAEYGVFH HNDKRLALAMLT (SEQ ID NO: 426)	186	gp46 [Enterobacteria fago N4]	YP_050524.1	3e-36 (79/171)	No se han detectado dominios conservados putativos
84	60452	60079	MKVNPQDVKNMVEE SFTLPSSGLTTCQLTL VNGWTVTGSSCYOP IEFDAEIGKEVARRNA EDEVKKEAGVELMCK LHKONMGPKERKLE LDELKARQESLYSFLR SDAAASVHAYMGSLI VOCKDVONNLEIEE RLOQWQD (SEQ ID NO: 427)	147	Proteína hipotética RSL1_gp264 [Rakozia fago RSL1]	YP_001950159.1	2e-15 (35/81)	Proteína hipotética PHAC1971 3e-17
85	60614	60449	MKVRELLDSLKRQLSY CTNPORERLIDHTL RIPVLRPGTVGARPSV DVLWVPGFDWDDGS MFCFENSDKLTALTP EEVKTINASYSKGTSW FAYQETKKLREEINRL KKOLELGGSE (SEQ ID NO: 428)	121	Proteína hipotética PS1278ORF_144 [Photobacterium damselae subsp. piscicola]	YP_908742.1	1e-13 (40/91)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8Y

86	61564	60818	MFQNLSTSNNSDIKEA KDSIGGSSRIFQDIYA FKILAAYGSESSGGAL AVNFEFEHGTGRKL KIQQVTSSEKEGQN NYVVAEGEKEHYLPQ FNIVNAICLMTAEKELA ACVPEORTLKYDYDA KAEPKQVPLADLTG KDIYLALEKIENKRVK NEATGOYEDSSEIRE LNDVAAVFHFGTKTL NEARAKAEPEFFDKW KEAKAGTVRDTKKV AGGGAASGRPAPAGG QAGGGKPSLFS (SEQ ID NO: 429)	248	proteína de unión a ADN monocatenario [Enterobacteria fago N4]	YP_950523.1	2e-25 (87/253)	proteína de unión a ADNs	No se han detectado dominios conservados putativos
87	62325	61581	MTQNDHLVLVSGLS ATGKSACLRLNREPEK VIYLNCEAGKRLPEKS RFIERTVDPYQIPTVF DAVVEGKVEAHTIIDT LTYLLDMYESOVIYRA ANGQAAWMDFOQFF KDLMDQKVASSPCKVI FLAHTKEEYNKATMA MDVCVPVKGALKNG IESYFSTVISTKKVELG KLEPFKENNKLLETPQ EEMLGYYKHVFQIQTK ETVGERIRGPMGMWT HEQTFIDNDQKVLDIH LDWYYN (SEQ ID NO: 430)	244	gp44 [Enterobacteria fago N4]	YP_950522.1	2e-73 (131/242)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 8Z

88	84542	62374	MLKYEMQRRHPTSERI VEILCEKTSQKNRFF RILVGFQFSMMAAHM RCHIKTHERGEIPVNM YALNMPGSGAGKGS TKVMEDQTYGFRHRF METFDTAAEKHLDDLA FKRHRKGSSELPDQF AVRKEFKSLGPLLYDF DSGTGPVAVKQMRHKL LMANAGAVNLVVDLIG LNLPMTEIMPTLELF DVGSVKQKLVKNTND NLRGEEHGRTPTNLM AFGTPGKLLDGGKTE DQLMELLETTYARRO FFGM (SEQ ID NO: 431)	722	gp43 [Enterobacteria fago N4]	YP_950521.1	0,0 (324/721)	No se han detectado dominios conservados putativos
----	-------	-------	---	-----	----------------------------------	-------------	---------------	---

FIG. 8AA

89	65367	64557	MGQYTNQTGIPNAM ALWLASDYDYSEAG LSATLLKPIRQVILAR RHPSDSMADIEGMIA NRMGAAIHDSIEKAWT VVKDRALDIALGIPASV AKRVLVNPTAEAEKAF NEANEQPAITYMEQ RSKKEYAGVMVSGKY DFVADGGVEDFKSTT TFSYKDSKSDYILQG SYRALNPGLTKDTMR HFIFTDWQKFMKQON KDYQSRVASKVFNL MPIAETETWITNRVKW LMSLKDTPEADLPICS DE (SEQ ID NO: 432)	338	gp42 [Enterobacteria fago N4]	YP_050520.1	2e-73 (138/322)	No se han detectado dominios conservados putativos
90	65349	65569	MEDPRYSPIPVCKAQ HPQGQPCEDCEKLR RLPVKSAEPAAHKVOR DTAPLNRYQRPPIRA WKFVDVYRINMLPLG ELDPGALDHARKKL MAPQQRSGGKSLWQ DVKEARDTLNRWLED NAGEDD (SEQ ID NO: 433)	126	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos
91	66374	65946	MEKLTPEDEVPFKDFPI DSMPNLLACMGKARA DTIRFHGLDRSIGGP RTRWFTNPHAKRLQG LPDAFSDRGVEDILSGI ASATEGSRPLSAARL FVLOEPQLCYDLLMG GMALEKROALRYMAA AKLAVFHILNRYFGASQ (SEQ ID NO: 434)	142	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos

Fig. 8AB

92	66766	66055	MVDTQNINGVCGTGD WNGPKPGDPNNDLL LKATPAFGGIDIEFTW PTTNPGAVGTRFLRS TDANFAGATIRAFVNG NFYEDKIDPGSKVDQ RYYVWQLVSGTGDG DIIGPASATARPLIEQM IEQLTGEIDSGLLSQEL RKEIAQIELNKLGTQE EIERAKNDIDALGVRLT QIDAKMDQNTAILQEE VRARVTAOSSLVQTV NTMYADFNQIAAQQ ENTALATKYNALASSV TTINATVNGDSASGV (SEQ ID NO: 435)	429	profago LandSo. proteína J de especificidad de huésped [Shewanella oneidensis MR-1]	NP_718509.1	2e-24 (98/281)	proteína de cola relacionada con fagos	COC4733	4e-04
					BoepGomr22 [Burkholderia fago BoepGomr]	YP_001210242	2e-16 (101/363)			
					proteína de cola de fago putativo [Escherichia coli]	YP_002519295.1	2e-14 (91/301)			
93	68052	68351	MSYGFERYDANGNT VDSINKSFRSVYRQQ VFPVLGGTTNLPQFD ASKQDIEFTWFQ LAP NPWPQCFYDFGFVNNQ IOWYDTYSTSYGKAYL NW/SFR (SEQ ID NO: 436)	99	Proteína hipotética PSPA7_2427 [Pseudomonas aeruginosa PA7]	YP_001347794.1	2e-05 (22/55)	No se han detectado dominios conservados putativos		
94	68348	69019	MTYGLKLTNENSDICD ELNPVYVVVFEGSYKY DSPGQDFYVQFPPI RSOSLPFFAKQDQPH GFMDFTWFGSNGNW TGCRFVLTNFAGMAP SVYSGKYKIVAVHMPK TAGWGMQVDFADGN GVFDGTGTPAVFLGSI ORFLPYGYNPNFPGG RTLGSWYADATKIKQ GAYFRVDFGNTTFRH NGFTIGMLNGPTQWM YIAAFISGNKPGYTIDH PLLAIE (SEQ ID NO: 437)	223	hypothetical protein PACL_0538 [Pseudomonas aeruginosa]	ACD38786.1	5e-10 (40/117)	No se han detectado dominios conservados putativos		

Fig. 8AC

95	69058	72177	MTTKVIFTFHNPQSP QANEKFTVRLTRPGM SDAEHCVMIPETVEMV TDAKGEFTMDLESST AYRVTAIGDDDEYEDD PCSQYTFIFYVPDSVD PVYQELIMPPIPNIL PWDEEAMNKITQAVV DARNARDDAEESADR AEQVGLAAEQVTLAK AEVTKATAQADRSKTE ADRAATQATNAANSA TAAANSATQANTQAN RAKTEADRSKSEADR ARDLADAVAEEKVEGG SLPLVGMNETFTYEG TDPYRWTVSGPATAV SDGSVMRLTKTDGSG SRAEVRQAVSPDASH WIVYMRVKTQTGTAS RNCSAQIRFIADNKN CVYFNVNANGLVEP NTIHMGGTEGOTRNA ATNFTGLGTEDWLGL AVKYDAVNRHIEFRR MPNGTWQKGGGRIM VDAKPAFIEISSMPVA PQNWWLDTDFISVCK PNLCYGGSIAGAGONE YGVTRGNPNPYNRRN WAGTWFGKVPYATN RNNLVLVQGVGGRRT WQYLSQSEISNSGVK VVEIHASTNDVNDATM TMAKRTSDQAIQDL HAVGAQVILFNSMQG TKAYNDASSTVVKLRD YTDQWWNTLPKYNNG LAQTLDAFLIAKGYM DPALGASUGLHLTNAS AQKIADKLGQFFSNSS DTNGFASLDSPAFTGI PTVPTQTPLPYGKQI	1040	proteína de fibra de cola [Pseudomonas aeruginosa]	BAB03222.1	3e-75 (140/256)	proteína de fibra de cola	SGNH ₂ hidrolasa
			gp17 [Yersinia fago Yeps2]		YP_002003335.1	3e-07 (47/155)			

Fig. 8AD

ANTEYVSTFIQDWTSN YGYGOLTMRLNLTGAQ MAGGGVRSQYYYYP GDSSNPLPGWYAFV HHMSYDTNKGWELW NHCYTDRVYMRYSNN AGVWNTPEVMVTEK WMERNSFMTPRVSAF NRLPVASSVGFEQW PLQTNSSGAWRNVNA GVAGLGLIGATTAGN ALNYIGGMPKAPTNDR ANSNLNLNLPDECGFY GLGPAPYSNIRPGVDA NPVGSTVYHQVYDAN TATQIFIRTSQICYER RKAGGTWSPWRYLT DLQLVGTITDSSAGVP NGAIMOVNCSAAVNV GVALRFADGTQIVRAL LQLDYGAVDILQROFT FPMAPVGKPVVTATLE QGTVADINNMPLQAL GPVM (SEQ ID NO. 438)
--

Fig. 8A-E

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas PSA (n=100)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F770/05	$7,7 \times 10^{12}$	2	52	2	2	42	58
	$7,7 \times 10^{11}$	1	52	1	1	45	55
	$7,7 \times 10^9$	1	44	4	1	50	50
	$7,7 \times 10^7$	1	28	2	1	67	32
	$7,7 \times 10^5$	0	21	6	3	70	30

FIG. 9

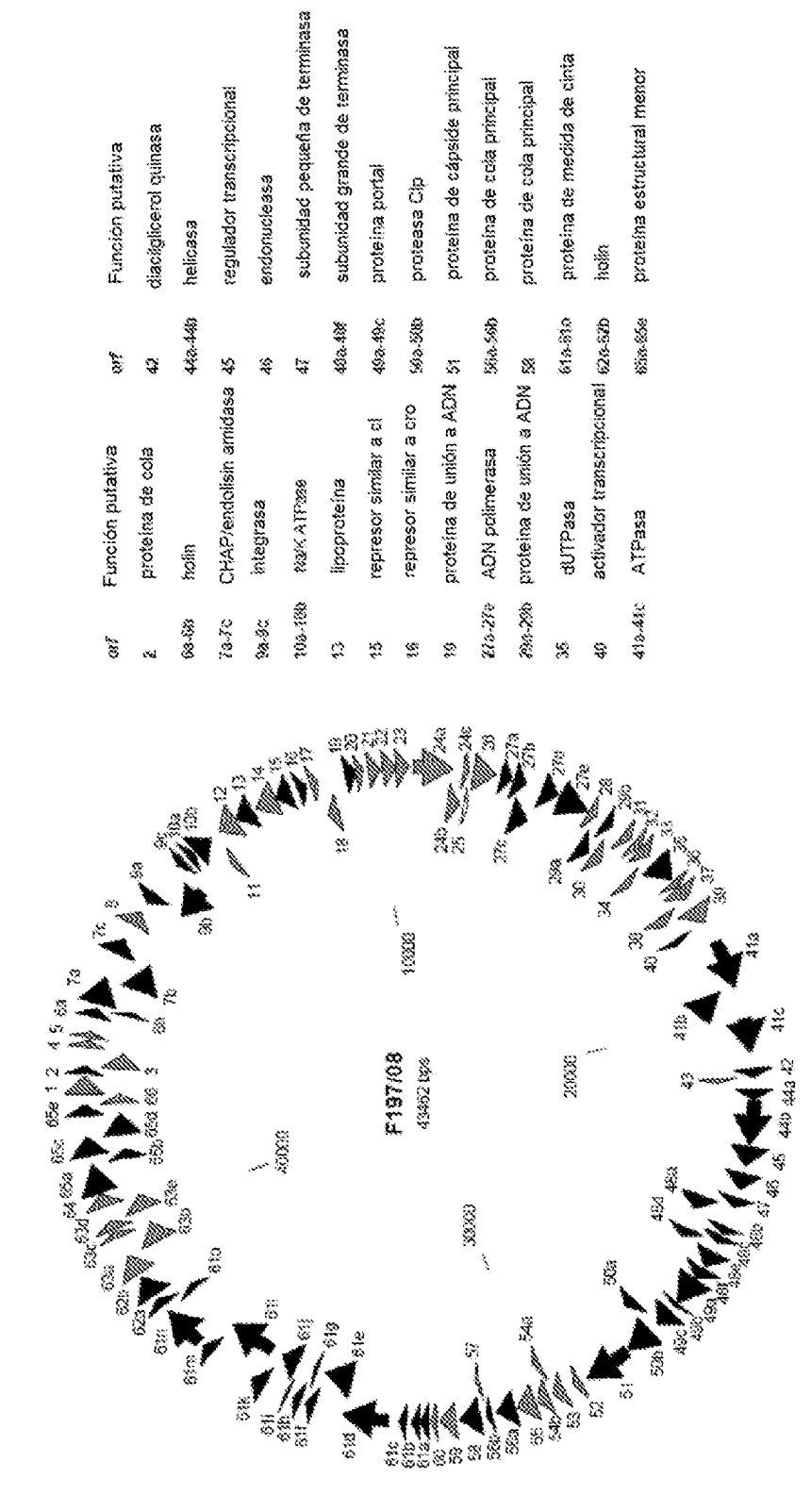


FIG. 10

orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	3	377	NYPRDVSTNGTVEYLVV TSDYKRMITYRPNGTNKV FYKRKEAGSWSEWSELA INDYNTPFETVQSAQSKA NMAESNAKLYADCKFNK RYSVFDTGTANGVGSTLY LINESLDQCFILLIWFDSR W (SEQ ID NO: 439)	124	Proteína hipotética SACOL0384 {Staphylococcus aureus subsp. aureus COL}	YP_1852761.1	1e-63 (118/121)		No se han detectado dominios conservados putativos		
					ORF007 {Staphylococcus fago 3A}	YP_239954.1	5e-63 (117/121)				
2	421	609	LNPSNLPDGGGGGGGVV EFLGLTKSSRTLSTISNDV YFDLGSORSGGANANRG TINKIGYRK (SEQ ID NO: 440)	62	Proteína hipotética SPTP3102_gp61 {Staphylococcus fago phi310-2}	YP_001429956.1	4e-26 (62/62)	proteína de cola	No se han detectado dominios conservados putativos		
					proteína de cola {Staphylococcus fago phiScauS-IPLA88}	YP_002332529.1	8e-14 (39/61)				
3	609	977	MOILVNRNEIISYAIGGF EEGDIEINLPENFSQVFR PKAFKYSNGENFNEEDYS EEKDDLHQIDSEFQNT VASDII RKIVASMKQK VVOSTKLSMOVANKONAL MAKQVTLNKKIRRG (SEQ ID NO: 441)	122	proteína similar a orf 129 de S.L.T {Staphylococcus fago phi 12}	NP_803352.1	3e-62 (118/119)		No se han detectado dominios conservados putativos		
					proteína similar a orf 98 de EYA {Staphylococcus fago phi 12}	NP_803353.1	1e-22 (54/54)				
4	992	1156	MLKLISPTFEDIKTYQLK EYSKEDIAWYDMEVIOK EETAITGEKYPENLES (SEQ ID NO: 442)	54	proteína similar a orf 98 de EYA {Staphylococcus fago phi 12}	NP_803353.1	1e-22 (54/54)		Pago_Xld X: proteína no caracterizada de fago	pfam09693	4e-07

FIG. 11A

S	1203	1331	MEGFTKRHEQDWRLRL EENDKTFEKFQEDIEDSL RTQENIL (SEQ ID NO: 442)	42	Proteína hipotética SAPPV1_gp59 [Staphylococcus ph1NM]	YP_874008.1	6e-15 (40/40)		No se han detectado dominios conservados putativos		
									Fago_holin, proteína de lisis de fago	plasm04688	3e-08
6a	1642	1951	MDAKVITRYIVLILALVND FLANKGSPFPYDEESVSS ILITVALYTYTKDPTSQ EGKWAQKKEI (SEQ ID NO: 444)	69	holin [Staphylococcus fago ph1SLT]	NP_075521.1	1e-30 (66/66)	holin	No se han detectado dominios conservados putativos		
6b	1650	1945	KAESYRKATGQAPIKEV MTPTNMNDTNDLG (SEQ ID NO: 445)	32	holin [Staphylococcus fago ph1SLT]	NP_075521.1	4e-10 (31/31)		No se han detectado dominios conservados putativos		
7a	1949	2527	MTNVDNKKTKQKRWFDN SLGKQENFDLYFGFCY DYANNFFMATGERLOG LYAYNIPFDNKAREKYG QIKNYDSFLQKLDVVF PSKYGGGAGHVERESA NLNFTTSYGQWNGKG WTNGVAQPGWGPETVT RHVHYDDPWFYRLNFP DKVSVGDKAKSVKQATA KQOAVIKPKKNYACSR WL (SEQ ID NO: 446)	192	amidasa [Staphylococcus fago ph310-1]	YP_001429893.1	6e-99 (171/176)	CHAP/endoli sina amidasa	dominio CHAP	plasm05257	9e-17
7b	2502	3143	MLVAGHGYNDRPGAVGN GTNERDFRNYITPNIKY LRHAGHEVALYGGSSQS QDMYQDTAYGVNNGNK KDYGLYWKSQGYDVL EIHDAAGESASGGHVIS SOFNADTIKSIQDVKNIN LGQIRGYTPRNDLNNV SAEINMYRLSELGFTN KNEIMDWIKKNYELYSKLI AGAIHGKPGGLVAGNVK TSAKNQKSTASRLYTR (SEQ ID NO: 447)	213	endolisina putativa [Staphylococcus ph1SauS:PLA35]	YP_002332423.1	5e-113 (201/202)		N- acetilmura moli-L- alanina amidasa o MurNAc- LAA	cd02696	7e-21

FIG. 11B

7c	3079	3414	MLKHQLTKKNPPVPAQ YTPKNNVPYKKEIGYY TVANVKGNNVRDGYSTN SRITGVLNNKNTITTYDGAY CINGRWITYIANGSQRR VIATGEVDKAGNRSFQ KFSTI (SEQ ID NO: 448)	111	amidasa truncada [Staphylococcus fago phPVL108]	YP_918945.1	3e-52 (100/110)	SH3, 5, dominio SH3 bacterial	pfam02460	1e-05		
			amidasa [Staphylococcus fago tp310-1]	YP_001429693.1	1e-49 (87/110)							
8	3774	4065	MLYLLYSRSELYSRAEA MYLTVGPTGDFLVITRYI YLNIEMLHSLQPLNRY GYIYSPITNKITDPNGL WLFFCVFFGAKKADYL KKGQTLVENLKG (SEQ ID NO: 449)	103	Proteína hipotética SPTP3102_gp67 [Staphylococcus fago tp310-2]	YP_001429962.1	1e-39 (82/92)	No se han detectado dominios conservados putativos				
	4564	4319	integrasa [Staphylococcus fago PVL]	NP_053467.1	2e-28 (61/61)	Integras de transposones conjugativos relacionados con Tn1545						
9a												
9b	5270	4512	LTFHALDEWLEYHHTS GSKLTLLNNKIRIKRY SSENLILLKLDIKYQIFI NKLSDYSONQVTRQLG DMKGAIKYAVRFYNYPNE YLLTNVPIKPKRTIEDIE KDESKMNYNLEMMQVLQ IRDHLNDWKLHKRNLILA SILEVOALTGMRIQELQA LOEKDILLNKINTITGTH RIKYEEGEGYKDTITKISS KRSISNSRTVEIFKILE NMMLKRWNSVYDRGFI FTTKKRESFM (SEQ ID NO: 451)	252	integrasa [Staphylococcus aureus]	BAA24009.1	9e-140 (247/247)	integrasa	Integras de transposones conjugativos relacionados con Tn1545	cd01199	3e-23	

FIG. 11C

9c	5479	5300	MMIEFKNNKNNETKYRY YEKYDPTDKKWRVSV VLNKNKQSQKRSNVSF PRKNRRN (SEQ ID NO: 452)	59	Integrasa [Staphylococcus fago phi310-2]	YP_001429636.1	3e-19 (48/58)		No se han detectado dominios conservados putativos
10a	5605	5754	MTQFLGALLTGVLGYIP YKYLIMGLVSEKKQGYQ YSCIDFFLKHV (SEQ ID NO: 453)	49	Na/K ATPasa [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803308.1	2e-09 (31/33)	Na/K ATPasa	No se han detectado dominios conservados putativos
10b	5785	6214	LNLQLLTGLKANILFLIF VLTVFVFNPLVKKFWLINI TRKFMKLDQISLLDKRDK LFNNGKPVFVVKDFEN RIIEEGELKTYNSAGSDF DLLEVERQDKVSDLASN DELYIKHTLVLDKKQIKLD LYLMNEY (SEQ ID NO: 454)	139	Na(+)/K(+) ATPasa [Staphylococcus fago phi2958pVL]	NP_075465.1	2e-71 (138/138)		No se han detectado dominios conservados putativos
11	6358	6187	LNGGENFMVDKNNKQET TRSNPLNKSFEKSGASE KLKSTLSEKAKKRLVFIH (SEQ ID NO: 455)	53	Proteína hipotética SAOUHSC_01579 [Staphylococcus aureus subsp. aureus NCTC 8325]	YP_500095.1	1e-14 (41/47)		No se han detectado dominios conservados putativos
12	6845	6450	METNKTIDLMNYVEFPKR YTEAKGKLVQAPITINSA RRVENEDMTVCYILDQD DDVMDIFDRDITVYCPE NGTATDEYFCERFNSDD TFTLRLSNWTIKDRSY PMSKINDVNITGKVRLE RDFK (SEQ ID NO: 456)	131	Proteína hipotética phiSLTp03 [Staphylococcus fago phiSLT]	YP_239962.1	5e-11 (36/40)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11D

13	7260	6874	VKKERTKKKKKKKSSQ KHKDSKPKTQCKENK LKIKNPPNNNSQNNQ KOSQNNQNNNSDPN NTPANINENDSQNTLND EYVSPGWTKDEQAKAF EEYKKGKEEEARAGASA VPGANIN (SEQ ID NO: 457)	128	lipoproteína putativa [Staphylococcus fago phiPVL108]	YP_988895.1	4e-38 (107/114)	lipoproteína	No se han detectado dominios conservados putativos		
14	7795	7334	LGLEYELCINNKKIEET DOLPNFOPGCMNGKI RRNLSEYKNAEVLVEELA HHKLTGNNLDQTKWINR KFENYARRHGFTSAVPL HEIVEAHNYGVNRLYELS EYLQLESYVLEAEQYKK YIGIGTHYGEYSITEPLR VFKYKEI (SEQ ID NO: 458)	153	proteína similar a CRF153 de phiSLT [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300] Proteína hipotética SausIPLA35_gp05 [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_494132.1	2e-83 (151/153)		Dominio de función desconocida (DUF955)	pfem06114	1e-04
	8137	7808	MENNKVRKILSENQLQELM NDKNDQRELAEAGVSQ PTVSNWQDQTKYPRIKR QQIADYFNPKSRITESK KDIHQETIAHFDEKGLT EEIEEVNRHFEWVRNRD K (SEQ ID NO: 459)	109	Proteína hipotética SAV0651 [Staphylococcus aureus subsp. aureus Mu50] repressor [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	NP_371375.1	6e-57 (109/109)	repositor similar a cl	HTH_XRE, proteínas similares a la familia XRE hélice-giro- hélice	cd00093	5e-06
16	8298	8489	MPEQLSVRKWRRLVRDLK QQEVADILGVNAKTVGH WKKDDTNSNVTYYALA KLYDIEVDQKIV (SEQ ID NO: 460)	69	cro [Staphylococcus fago phiSaus- IPLA35]	YP_002332370.1	2e-28 (63/63)	repositor similar a cro	HTH_XRE, proteínas similares a la familia XRE hélice-giro- hélice	cd00093	3e-06

FIG. 11E

FIG. 11E

17	9573	8749	MNEEKLMILLLEIPRO EWRLVNEVNYQSYQA DKVGLASDNCQJANNY KHYGF (SEQ ID NO: 461)	58	proteína hipotética de bacteriófago [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300_TCH1516]	YP_02761849.1	2e-26 (58/58)	No se han detectado dominios conservados putativos
18	8965	8746	VISHKRLLTQYLDKEIVTS LDLHLNGEVKVOEHIKO AESKTLHHHPKDRVSLD HVL YFDINVKGEKNDSIP YPS (SEQ ID NO: 462)	79	Proteína hipotética SauSIPLA35_gp08 [Staphylococcus fago phiSauS-IPLA35] Proteína hipotética SAS0900 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MSSA476] Proteína hipotética SauSIPLA35_gp09 [Staphylococcus fago phiSauS-IPLA35]	YP_002332371.1	3e-26 (57/58)	
19	9334	9549	VKKLYATPTQHHQLFGVC RSTVYNWLKYYRKDNLG VENLYDYSPTGTLLNISKL EEYLIRKHKHMLGGY (SEQ ID NO: 463)	71	proteína de unión a ADN putativa [Staphylococcus fago phiPVL108]	YP_018904.1	2e-30 (65/65)	No se han detectado dominios conservados putativos
20	9550	9711	MSDTYKSYLIAYLCFTVL AIVLMPLLYFTTAWSIAGF ASIAETYYKEFYEE (SEQ ID NO: 464)	53	ORF100 [Staphylococcus fago 69]	YP_239610.1	4e-21 (51/53)	
21	9805	10059	MAENIKTEOHYYTKDFSG YRNEEDNEVANQELTVTI TLNEYRKLUERKAVKKEE DTYRGKYFEERKKNKRG KRKYKTKKQNL (SEQ ID NO: 465)	84	ORF046 [Staphylococcus fago 52A]	YP_240649.1	6e-32 (71/80)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11F

22	10116	10376	MYKIGKIKKISFNGFE FKVSAMKRHDGSIQIKD MNNYFKSFHVIDLSELYI AMDAIHQWVNEWEEENTD EQDKLMNLVMMKW (SEQ ID NO: 466)	56	Proteína hipotética SPTP3103_gp13 [Staphylococcus fago p310-3]	YP_001429975.1	1e-39 (7786)		Proteína de función desconocida (DUF1108)	pfam06531	7e-32
23	10390	10638	MALEDIFEELKLNINLR VLNTELTVDSSVQEKV KEAPMPKEETAQLESIEE VKETSADLTNDYVLSVGK EFLKRSRYF (SEQ ID NO: 467)	82	Proteína hipotética MW1426 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2] Proteína hipotética SPTP3102_gp18 [Staphylococcus fago p310-2]	NP_646245.1 YP_001429913.1	1e-35 (7879) 7e-35 (7779)		No se han detectado dominios conservados putativos		
24a	10751	11587	MKLDHNSRAHAKLSASG AKQWLNCPPSKASEGIA DKSTVFAEEGTFAHELSE LYFSLKYEGLTQFENKA FONYKRNQYYSEELREY VEEYVANVEEKYNEALS RDNQVIALETETKLDLGY VPESFGTGDVIFSGGVL EIDLKYGKGIEVSAIDNP QLRLYGLGAYELLSLMD IHTRMTIQPRIDNFTSEE LPSRLLOWGADFVKPLA RLAYNGGGEFKAGSHCR FCKIHSCRTAEYMON VPOKPPHLLSDREAEEL YKLPDIKKMG (SEQ ID NO: 468)	278	Proteína hipotética MW1427 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2] ORF012 [Staphylococcus fago 3A]	NP_646244.1 YP_239979.1	8e-163 (276276) 8e-180 (270276)		No se han detectado dominios conservados putativos		
24b	11532	11807	MKRLQNFYINCLSKKWA DEVEQYALNCAKENDKN YPGWKLVGGRSRMTD TKAMLEKLVGAGYKPEDI TETKLLSITNLEKLGKXSI F (SEQ ID NO: 469)	91	Proteína hipotética MW1427 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2] Proteína hipotética phi2958Pv1_gp17 [Staphylococcus fago]	NP_646244.1 YP_002267987.1	6e-36 (7476) 5e-35 (7276)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 11C

						phi2958Pv1.]						
24c	11785	11919	LVKAFSKITEGFEKPOG KLTATESDKRAIKQSA EDDFDKL (SEQ ID NO: 470)	44	Proteína hipotética MW1427 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2]	NP_646244.1	1e-15 (42/42)			No se han detectado dominios conservados putativos		
				Proteína hipotética phi2958Pv1_gp17 [Staphylococcus fago phi2958Pv1.]	YP_002287987.1							
25	11900	12019	MILTNYKNEKORYINMKA KVLNKTIVTKV/RASYS HIF (SEQ ID NO: 471)	39	No se encontraron similitudes significativas					No se han detectado dominios conservados putativos		
26	12003	12464	MHFFEPHSMQEGQESK YSISLIIPKSDTSTIKAEQA IEAAKEEGKVSFGGKVP ANLKLPLRDGDIATERID VNYQDAYFINASSKQAP GIIDONKIRLTDSGTVWSG DYIRASINLFPENTGNK GIAGLNHQLVEKRTS WRCKCSRR (SEQ ID NO: 472)	153	Proteína hipotética MW1426 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2]	NP_646243.1	2e-74 (139/140)					
					Proteína hipotética phi2958Pv1_gp18 [Staphylococcus fago phi2958Pv1.]	YP_002287988.1	4e-74 (138/140)					
27a	12572	12905	MMIDIYSSNDISKCGAY KYTEAEDFEILIAYSIDGG AISADMTKVDNEPFPAD FETFKIALFDPAVKVCICQ C (SEQ ID NO: 473)	77	ADN polimerasa [Staphylococcus fago phi2958Pv1.]	YP_002287989.1	2e-36 (72/72)	ADN polimerasa	No se han detectado dominios conservados putativos			
	12846	13118		ADN polimerasa [Staphylococcus fago phi2958Pv1.]	YP_002287989.1	2e-37 (70/70)						
27b				90						No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 11H

27c	13012	13428	MEEFQETCLNMLKKWQ QFIDYCIDRVEVEMTIAHK IKDFPVTAIEQAYWVFDQ HINDRGKLSKSLMIGAN VLDKOSKEELNCAKHIT GLENPNSTQLLAWLKD DQGLDIPNLOKKTVCYL KEATGKAKKNARN (SEQ ID NO: 475)	138	ADN polimerasa [Staphylococcus fago phi2958Pv1]	YP_002267989.1	5e-68 (121/122)	No se han detectado dominios conservados putativos
	13470	13635	MHDMCSDERVRGLFQ FYGAGTGRWAGRGVQL QNLTKHYSDTELEIARDL IKEQRFDDLLLNVPHPQ DLSQLVRTTFTAEENE LAVSDFFCNRGKSHSMV CKRTMAFRVCQHTRKDI (SEQ ID NO: 476)	121	ORF003 [Staphylococcus fago 3A]	YP_239981.1	3e-61 (98/121)	
27d	13470	13635	MHDMCSDERVRGLFQ FYGAGTGRWAGRGVQL QNLTKHYSDTELEIARDL IKEQRFDDLLLNVPHPQ DLSQLVRTTFTAEENE LAVSDFFCNRGKSHSMV CKRTMAFRVCQHTRKDI (SEQ ID NO: 476)	121	ORF003 [Staphylococcus fago 3A]	YP_239981.1	3e-61 (98/121)	No se han detectado dominios conservados putativos
	13852	14529	MFNYPVESITKGDPLROK GKYSSELALGYGGAGAL KAMGSALEMGIENELQG LYDSWRNANPNVNFVK ACQEAANTYKSRKTHIT HGLRFYMKKGFLMIELPS GRALAYPKASYGENSWG SQVVEFMGLDLNRKWSK LKTGGKLVENIVQATAR DLLAISIRLEASGFKVIG HVHDEVIVEIPRGSGNLK ELETANKPVDWAKGLNL NSDGTSPFYMKD (SEQ ID NO: 477)	225	ADN polimerasa dingido al ADN [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] ADN polimerasa [Staphylococcus fago phi2958Pv1]	YP_001246416.1 YP_002267989.1	2e-130 (225/225) 6e-130 (224/225)	POLAC, dominio ADN polimerasa A smart00482 3e-05
28	14542	14727	MOHQAYINASVDIRPTE VIESVNYNGIDKEKENLAD YLENNPGELLYKYNVNHV LDLEVE (SEQ ID NO: 478)	61	proteina similar a orf26 de ETA [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803319.1	1e-28 (61/61)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 111

29a	14724	15005	MMARRKVRVRRKGLMT LRESEKYNHISPELLRYR YKHKMRGDELLCGRKDS KSKDEVEYMKSQKDEEK EREKIRKSDFERIPTKCE SGI (SEQ ID NO: 479)	93	Proteína hipotética SauSIPLA35_gp19 [Staphylococcus fago phiSauS-IPLA35]	YP_002333382.1	1e-36 (79/60)	proteína de unión a ADN	familia similar a ORF-50 PVL	3e-11
29b	14926	15129	MKKKREKKSEKAILNLY QRNVRAEYEEERKRRLR PWLVDGTPOKHSRDPY WFDVTYNQMFKNWSEA (SEQ ID NO: 480)	67	proteína de unión a ADN putativa [Staphylococcus fago phi2956PVL]	YP_00226799.1	1e-27 (59/64)			1e-13
30	15129	15386	MSISNRKVDMMNETQDNV KOPAHYTYGDIHDFIEQ VTAQYPPOLAFAGNAIK YLSRAPLKNHGHEDLAKAK FYVDRVFDLWEG (SEQ ID NO: 481)	65	Proteína hipotética MW1422 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2]	NP_646239.1	6e-44 (85/86)		No se han detectado dominios conservados putativos	
31	15389	15589	MATQKQVDYVMSLOEQI ELEDCIKYTDIEQVKAMS HKEYSNVIENYKTSIRNE ELYECMSFGLPNC (SEQ ID NO: 482)	66	Proteína hipotética SAR1537 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MRSA252]	YP_040939.1	5e-31 (66/66)		No se han detectado dominios conservados putativos	
32	15683	15847	VAHTAVVNGTYTFHGHRV PGWQSVKKTFTDAEELI YIKQHGLEYEEQKQLTLF (SEQ ID NO: 483)	54	Proteína hipotética USA300HOU_1458 [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300_TCH1516]	YP_001576356.1	3e-24 (54/54)		Phage Orf 51	1e-18

FIG. 11J

				Proteína hipotética SA1786 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835543.1	2e-23 (53/54)				
33	15882	16116	MNNREIQSHSASAYN GNDTEGLLKEIEDVYKKA QAFDEILEGLPNAMQDAL KEDIGLDEAVGIMTGQVV YKVEEEQENEEI (SEQ ID NO: 464)	84	Proteína hipotética phi2958PVL_gp24 [Staphylococcus fago phi2958PVL]	YP_002267994.1	3e-39 (83/84)		Proteína de función desconocida (DUF1024)	2e-27
34	16103	16273	MKFFNVQITYTGMEETIE AESLEAEFEADVARIIE APFDCDEYENVEEEQEN D (SEQ ID NO: 485)	56	Proteína hipotética phiETA3_gp33 [Staphylococcus fago phiETA3]	YP_001004362.1	1e-22 (54/56)		No se han detectado dominios conservados putativos	
35	16266	16793	MTNLTQVLLSKDARMP ERNHKTDAGYDIFSACTV VLEPDEKAVKTDVAVSIP EGYVGLTTSRSGVSSKT HLVIETGKIDAGYHGNLGI NIKNDQAVYLTINEOCFD IQGEMENSFYNNAKIKKP FTINDYIEYKGDKLACLV IPWITPELKQVEEFES/ SERGAKGFSSGV (SEQ ID NO: 486)	175	dUTPasa [Staphylococcus fago phiPVL108]	YP_918921.1	7e-98 (173/175)	dUTPasa	desoxirribonucleotido- trifosfato hidrolasa	1e-24
36	16830	17003	VRERTKIYRGWAKKEIFIL QGNMNVIGLRQIFDELK RSYEGYKVVPIEVDFEIK (SEQ ID NO: 487)	57	ORF089 [Staphylococcus fago 69]	YP_239833.1	1e-23 (56/57)		No se han detectado dominios conservados putativos	
37	17020	17307	VTQYLVTFKDSIGLPHE HIVARDNQITFTVVEAES REEAKEKYEARNVPTDG ATNLNDIKSNIGIFVERV EPNEGAMVDNIETMKPFE EADD (SEQ ID NO: 488)	95	ORF054 [Staphylococcus fago ROSA]	YP_240374.1	3e-45 (89/95)		Proteína de función desconocida (DUF1381)	7e-09

FIG. 11K

38	17290	17537	MINIPKMFPPKYYTEISK KYKNTPEEKAKIENDFIK DNEKDSEFYSPRMANM NEHELRLMRLWMPSLDT GDONED (SEQ ID NO: 489)	79	Proteína hipotética SPTP3102_gp35 [Staphylococcus fago tp310-2]	YP_001429930.1	1e-34 (77/73)		No se han detectado dominios conservados putativos
39	17530	17916	MIKKLKNMNWDFIFAGIL RLFGVIALMLVVISPIYTV ASYONKEVHQGTITDKY NKRQDKEDKFVVLNKKQ VIENSLLIFKKKFDSDAIQ ARLVGDKVEVKTGYRI HFLNLYPVLYEAKKVDKQ (SEQ ID NO: 490)	129	ORF040 [Staphylococcus fago 88]	YP_240738.1	9e-67 (127/128)	Proteína de función desconocida (DUF1523)	pfam07509 4e-05
40	17913	18065	MIKQILRLFLFLAMYELGK VYTEQVYIMMTANDDVE APSDFAKRAEVSW (SEQ ID NO: 491)	50	Proteína hipotética SPTP3102_gp37 [Staphylococcus fago tp310-2]	YP_001429932.1	2e-20 (49/50)	Activador transcripcional	Activador transcripcional RimB pfam06116 4e-17
41a	18386	19444	MLDKVTQETIKYDROVS YSYAASRLSTHWITNHN AWSDFMOKLAQTVRTKE DLTEYNKMSKSEQADIKD VGGFVGGYLKEGKRRAQ QVNNRSMILTIDYAAQ DMTDILSMFYDFAYCLYS THKHREISPRRLVPLKR VYNADVEYAGRKVAQIV GMDYFDDTTYQPHRLMY WPSTSDNAEFFTYEDL PLLPDKILNEYVDWTDI LEWPTSSREESKTKRLA DKQGDPEEKPGIGAFGR AYTIEEAETFPDLYEKHS TNRYTYHEGSTAGGLVL YENKFAYSHHINTDPVS GMLVNSFDLVRHLYGAG DEETKTDPVNRPLPSYKA MQQRAQNDDEVVKAIN (SEQ ID NO: 492)	352	ORF002 [Staphylococcus fago 47]	YP_240066.1	0.0 (346/351)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11L

41b	19416	20045	MLKLLKQLNDKIKSDAM QDFDEIENSDDAWSETL EITSKGTERKASIPNIEIR NDPNLKGKAFNEFTKOI ECLGKVPWNTNFKTRQ WQDGDSSLSRSYIENYD IHSGKTKDAISVAMQN AYHPVRDYLNIKISWDGH KRLEKLFKYLGVEDTEV NRITTKALTAGARVME PGCKFDYMLTLYGPQGV GKSALLKIRWCMVF (SEQ ID NO: 493)	209	ORF002 [Staphylococcus fago 47]	YP_240066.1	2e-114 (198/202)	ATPasa	ATPasa de bucle P previsto y derivados inactivados	COG5545	1e-27
41c	20104	20635	MEMAELATRKAEVEAIK HFISKQYDRFRVAYGHYI EDFROCFHGTINKVDPL RDETGGRRFPWMTYNP ERVEANWSKLTKEIDQI WAEAKYTYEQGEELFLN PELEEMRSIQSKHTEES PYTGIDDEYLNTPIPSWE DLSEFERRRFPYQGDVMI PTGNVDYVERNKVCALE VFVECFGKQKQDSRGS EIRKSNILRQLDNWSYD GNKSGKIRFGKDYGVQIA YVRDESLEDLI (SEQ ID NO: 494)	244	ORF002 [Staphylococcus fago 47]	YP_240066.1	6e-141 (238/243)		ATPasa de bucle P previsto y derivados inactivados	COG5545	1e-20
42	21177	21371	MKESTLEKYLKVEITKLN GLGNWVAPGTRGVDPDR HIMPEKTFEVENKQKQK KLHPLOKCA (SEQ ID NO: 495)	64	ORF053 [Staphylococcus fago 42E] diaciglicerol quitasa, [Bacillus selenitireducens M.S.10]	YP_239829.1	2e-27 (60/61)	diaciglicerol quitasa	dominio VRR-NUC	pfam0877 4	5e-08

FIG. 11M

43	21364	21468	VHQFENRDRHTVYVLWN NEQVNTFIRMVGGTFGD (SEQ ID NO: 496)	34	ORF045 (Staphylococcus fago 3A)	YP_233996.1	1e-12 (34/34)		No se han detectado dominios conservados putativos
44a	21516	21528	MLVAPKQVAKDTWVDE VDKWNHNLKLVSLUGT PKERNDALNTEADYYTN KENTKMLCDQYKRRMAI (SEQ ID NO: 497)	70	fago helicasa (Staphylococcus fago phC2958PVL)	YP_032266001.1	4e-32 (65/66)		No se han detectado dominios conservados putativos
44b	21830	22819	MVVIDELSTFKSPKQRF KSIKKKLPLNRFGLTGTP SPNSLQDLWAQYVLDLR GERLESSFSRYRERYFK PTHQVSEHVFNWELRDG SEKIYERIEDKLSMKAK DYLMPORVDYKQTVVL SEKERKVYEELEKNVILE SEEGTVWAQNGASLSQ NLQLANGAVYTDIEDV RLPHDKKLOKLEIEESQ GQPIILFYNFKHDKERLQ RFKEATTLSDSNYKERW NSGDKLIAPASAGHG LNLQGGCHIVWFCLTWS LELYQGANARLYROGQN HTTHHMTDNTDQRYV KALONKELTOEELNKAIR ARIAKHK (SEQ ID NO: 498)	329	helicasa (Staphylococcus fago phI 12)	NP_803332.1	0.0 (327/329)	helicasa	HELICc, dominio C- terminal de la superfamilia helicasa 0.002
45	22832	23269	MGNTYDKPGTFKYIESE IYNLENKKEIKRLREIL NPTKEQDSNIVYGPLOK CEPVRTTELMAITLLTNK MLRNLEEMVEAVESEYL KLPEDHKKVRLKYWNKE KKLKMEOIGHECHMHRN TVTTIRKNFVAVAYHAGI K (SEQ ID NO: 499)	145	Proteína hipotética phISL_Tp36 (Staphylococcus fago phISL T) proteína similar a ORF 145 phI SLT regulador transcripcional de fago (Staphylococcus aureus subsp. aureus)	NP_075496.1 YP_494104.1	6e-79 (145/145)	regulador transcripcional	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11N

[illegible]

FIG. 10

48e	25177	25563	LITQHSKNNKNEIVSLEELE GRPCTGYDLSFTEDETA ACATFALDNGKVAVLSHS WPKHRYEYSNEKIPYRE WEEDGLITVQLKPYIDY QDVLNWIWNEHYVVEK ITYDRANAFKLNQELKIL RV (SEQ ID NO: 506)	128	subunidad grande de terminasa [Staphylococcus fago phi2958PVL]	YP_002268005.1	4e-85 (117/118)			4e-08
48f	25595	25864	LSPALKDKEMFLDGKIF NNPLMKWYNINVLKIL DRNGWVLPKQSRYSRKI DGFAPLNTYIDMKVAV SDSGEGNEFISKIMR (SEQ ID NO: 507)	89	subunidad grande de terminasa putativa [Staphylococcus fago phiSauS-IPLA35]	YP_002332401.1	2e-45 (89/89)			6e-08
49a	25869	26498	VNIAKENIVTRNKKLIDN WIDOSTSKLYDFSPWKN RSFVGVINNTLETNETIF SAITKLSNSMASLPLKMY EDYKVVNTFVSDLLTVSP NNSLSDFDFNQHETRNE KGNAYVLIERYHOPSK LFLNFDWEMLENCQR ELYYSIAATGNKLVHN MDMLHFHIVASNMVQGI SPIQVLKNTTDFDNVART FNITEMCKT (SEQ ID NO: 508)	203	proteína portal [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075502.1	4e-117 (207/208)	Proteína portal de fago	pfam0466 Q	3e-39
49b	26536	26580	MLKYGSNVQKEKKAASV RRFQTVL (SEQ ID NO: 509)	24	proteína portal [Staphylococcus fago phi2958PVL]	YP_002268006.1	0.007 (15/24)	Proteína portal	No se han detectado dominios conservados putativos	
49c	26728	27111	MQDQIQSRKNEELARFY LQHLLPIYQYEEEFNR KLLTKTDREKNRYFKFNV KSVLRADSAIQAEVYFKA VRSQYITNDREWEDLP PVEGGDKPLISGDLYPD TPELRKSLKGGDKNVN ES (SEQ ID NO: 510)	127	proteína portal de cabeza [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803337.1	4e-64 (113/118) 348	Proteína portal de fago	pfam0488 Q	5e-18

FIG. 11P

50a	27096	27343	MSMKAKYFCMKRRKSKK GEFIYGDNSDKWFEED VTATDFKRLDELGDSEI DVHNSGGSVFEGHAY NMLKNASCKN (SEQ ID NO: 511)	82	bacteriophage protease [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300, TCH1516]	ZP_02759748.1	9e-38 (77/81)	Clp proteasa	Clp proteasa	pfam0057 4	4e-09
					protease [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075503.1	1e-37 (77/81)				
50b	27324	27947	MHPAKNIYVDALASIAS VIAMSGDTIFMKNSFLMI HNSWYMTVGNAELRKT ADLEKTDAYSNSAYLDK AKDLQDEHLKQMLDAET WLTAEELSGLDIELGA NEIAASISKEQYKRFENV PEDLKIDVDKITKIDVDIT SELVETPKESNSLEEKRK KEKKIKRECEIKNDNELL GGNEMPTLYELKQSLGM IGQQLKK (SEQ ID NO: 512)	207	bacteriophage protease [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300, TCH1516]	ZP_02759748.1	4e-89 (164/167)	Clp proteasa	Clp proteasa	pfam0057 4	8e-27
					protease [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075503.1	2e-87 (173/177)				
51	27959	28978	LSCKATDPNDEMEDIKQL ETEKAGLQQRFNIVERQV ODIEEKEKAKVKQGEAY QSLSDNEKNVAKAEFY RHAILPTNDEKPSMEQOR LLHALPTGNDSSGGOKLP KTLSEIVSEPFANQDLR EKARLTNIKGLPRVSYT LDODDFITDVTAKELKA KGDVTKFTTNKFKVFAAI SDTVHGSVDVLYNWE NALQSLGAAKERKDALA VSPKSGLEHMSFYNGSV KEVEGADMYDAINALAD LHEDYRDNATIMRYADY VKIISVLSNGTTNFFDTPA EKVFGKPVWFTDAAVKPI VGDFNYFGNYDGTITYDI	339	Proteína hipotética phiSLTp42 [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075504.1	0.0 (328/337)	proteína de cápside principal	familia de cápside del fago	pfam0506 5	4e-04

FIG. 11Q

52	29120	29284	DKDKVKKRRIFVCINSMV (SEQ ID NO: 513)	54	Proteína hipotética phSLTp43 [Staphylococcus fago phSLT]	NP_075505.1	3e-20 (50/53)	No se han detectado dominios conservados putativos
53	29482	29748	MSLEEKLWLRIDYNFEN DLIEGLIQSAKSELLSGV PDYKDDOLEYPLFLYSD (SEQ ID NO: 514)	88	Proteína hipotética phSLTp44 [Staphylococcus fago phSLT]	NP_075506.1	9e-42 (94/87)	No se han detectado dominios conservados putativos
54a	29745	29897	MKRKMKLYSCFCXKYNP SMKDRILKATESKSLT IMRSSKIEYLPQTNHLVKI DRGLYSKLFNKEIRDET PDIGYNTYVLSEK (SEQ ID NO: 515)	50	ORF028 [Staphylococcus fago 3A]	YP_239942.1	Se-15 (42/50)	No se han detectado dominios conservados putativos
54b	29642	30102	MSVEIKGPEVLKLESVY GKQSMQAKSDRALNEAS EFFYKGFKEIRREF (SEQ ID NO: 516)	86	Proteína hipotética SauSIPLA35_gp44 [Staphylococcus fago phSauS-PLA35]	YP_002333407.1	3e-33 (68/81)	No se han detectado dominios conservados putativos
55	30149	30544	MNLENTIKGILLSDAELKT HINSRIYYKYVTENAEISK PFVVTIPVYDLPDFMSD KYLSEELYQIDVSSNN QKTDITKRIRYLLYQONLI QASSQLDAYFEETKRYV MSRRYOGIPKNIYYKNOR IE (SEQ ID NO: 518)	131	Proteína hipotética phSLTp46 [Staphylococcus fago phSLT]	NP_075508	3e-69 (131/131)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11R

56a	30580	30975	MAEGQGSYKVGFKRLV GVFNPEATKVKRMTWE DEKGGTVDLNTGLAPDL VDMFASNRKRVAMKKQG TNEVKSDMSIFNPSDDL NTVIGRTKDKRWYLGRR EYKSTVCNSNWIRGRWF NRSAGICSLT (SEQ ID NO: 519)	131	proteína de la cola principal [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803343.1	1a-49 (96/96)	proteína de la cola principal	Proteína de la cola principal del fago	plasm0463 0	6e-26
56b	31084	31183	MNRKVDVDTSGQIVYG YHEGREGETEFPKRSR VHHGQ (SEQ ID NO: 520)	39	Proteína de la cola principal [Staphylococcus fago phiSLT] Proteína de la cola principal [Staphylococcus fago phi 12]	NP_075509.1 NP_803343.1	6e-10 (31/31)	No se han detectado dominios conservados putativos			
57	31180	31281	VKIIQRILOVRYPANPQNV EVAVNSKSATVSAE (SEQ ID NO: 521)	33	ORF083 [Staphylococcus fago phi 12]	YP_239887.1	6e-10 (33/33)	No se han detectado dominios conservados putativos			
58	31315	31770	MTKTLKVKYKGDVASE QEGKVSVTLNLEADT TYPKGTQVAVWENGKE SSKVDVPQFKTNPIVSG VSFTPEKTSITVADNDV EPNAPSTATNKTUKYTS EHPEFVTVDERTGAHGV AECTSVTATSTDCGSKS GGITVTYING (SEQ ID NO: 522)	151	Proteína de la cola principal [Staphylococcus fago phiSLT] proteína de la cola principal [Staphylococcus fago phi 12]	YP_075510.1 NP_803344.1	2e-80 (151/151) 2e-77 (146/151)	proteína de la cola principal	Bacterial surface proteins containing Ig-like domains	COG5492	5e-07
59	31829	32179	MIKFEIKDRKTGKTESYT KEDVTMGAEKCYEYLE LVNQENKKEAPNATKMR OKERQLLVDFKDEGLTE EDVLNKMSTKTYTKALQ DIFREINGEDEESETEP EEMGKTEEOISQ (SEQ ID NO: 523)	116	Proteína hipotética phiSLTp49 [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075511.1	3e-59 (116/116)	No se han detectado dominios conservados putativos			

FIG. 11S

60	32221	32331	MEQYGWTLTEVRKQPYV KLEILNEENKEETEETK (SEQ ID NO: 524)	37	ORF103 [Staphylococcus fago phi 12]	YP_239870.1	4e-05 (23/23)		No se han detectado dominios conservados putativos
61a	32394	32579	MNEKVEGTMTELEKLDHL GVQEGMKQKROLGW NSEMKANLSAFDKSEKIN GKNIRRELRG (SEQ ID NO: 525)	62	proteína de fibra de cola [Staphylococcus fago phi 12] proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	NP_803346.1 YP_002332413.1	6e-20 (49/49)		No se han detectado dominios conservados putativos
61b	32580	32741	MGLKFKKMYSOVEDEL KQVNAVYOKAKSSVKDV EKAYLKLVEANKRKISS (SEQ ID NO: 526)	53	proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	4e-16 (44/49)		No se han detectado dominios conservados putativos
61c	32852	33016	LRDAEQKLNINQATTA QLKRASDAVOKOSAKHK ALVEQYKQEGNMQVQTK SAK (SEQ ID NO: 527)	54	proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	1e-19 (50/51)		No se han detectado dominios conservados putativos
61d	33223	34206	MKTFNKEQMAQSHFGK LASQADVMKSKFSSIGDK MTSLQRTMTMGVSTPIL GLGAALKTSADFEGMS RVGAIAQASSKOLKMS NQAVDLGAKTSKANEV AKGMEELAAALGFNAKOT MEAMPGVISAAEASQAE MATTATVMASANSFGLK ASDANHVADLLARSAND SAADIQYMGDALKYAGT PAKALGVSIEDTSAIEVL SNSGLEGSQAGTALRAS FIRLANPSKNTAKEMKKL GIHLSDAKGQFVGMGELI ROFQDNMKGMTRECKL ATVATVGTGAASGFLALI EAGPDKINSYSKSLKNSN GESKKSSRFDER (SEQ ID NO: 528)	327	proteína de medida de cinta con longitud de cola [Staphylococcus fago phi2956PVL] proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002268017.1 YP_002332413.1	0.0 (320/322)	Proteína de cola menor relacionada con fagos pfam1014 5	1e-35

FIG. 11F

61e	34166	34816	MAVYKKAADLMKDKLKG ALEQLGGAFESLAEVGG DLTPMIRAGAEGLTKLVD GFTHLPQWVRASVGLA LFGAAGIPAVLAGGLIRT VGSAAKGPAASLNRIKEN TILSNTNSKAMKSLGLQT LFLOSTTGKTSKGRFGLA GAMFNLPINVLKNSAK LAIPKLLKNGLGLAAS LFVSGGARFAGVALRFL TGPIGATITATIAKYVF (SEQ ID NO: 529)	216	proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSautS-IPLA35]	YP_002332413.1	6e-116 (212/212)	No se han detectado dominios conservados putativos
61f	34797	35003	LRIKFKTAYDRVWFRN GINGLGETIKFFGNIGG AVRLGERKKLSWKYRQ KLQRKVKRYERWL (SEQ ID NO: 530)	68	ORF001 [Staphylococcus fago 3A] proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSautS-IPLA35]	YP_238947.1	5e-17 (42/43) 7e-17 (42/43)	No se han detectado dominios conservados putativos
61g	34987	35097	MKDGYSLSDDLLKVG VNKFGFMQTMGTASKK SV (SEQ ID NO: 531)	36	ORF001 [Staphylococcus fago 3A] proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSautS-IPLA35]	YP_238947.1	2e-11 (34/35) 2e-11 (34/35)	No se han detectado dominios conservados putativos
61h	35106	35257	VLGKGVSKETEVALERYV HYSENSRIMEKVRUNS GOISEDKAKKTFFEN (SEQ ID NO: 532)	49	proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSautS-IPLA35]	YP_002332413.1	9e-17 (45/46)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11U

61	35404	35478	MTCELKKEDELNOKIKEL KEKSE (SEQ ID NO: 533)	24	proteína de medida de cinta de cola del fago de la familia TP901 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001246447.1	2e-07 (17/17)	No se han detectado dominios conservados putativos
61	35471	35857	LSGGISENERKEKLE NORRITVYKELSKTEKEQ ERILVRMQRNRNAYSIDE ASKAHEAEKARKARKNE VDROYEDDYIAIKNNVNL SKSEDKLLAIDQRIKHO EVRIKAKSKKDAVVDVVK KAK (SEQ ID NO: 534)	128	proteína de medida de cinta con longitud de cola [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	1e-06 (16/16)	No se han detectado dominios conservados putativos
61k	35924	36220	MALKVGGLTLEKTKRKS DKYAEQEEETARRNRENI KKWFGNAWDGVKSKTG EAFSKMGRNANHFQGE MKKNVERNORDSKORKE RIELSKQFCRIPH (SEQ ID NO: 535)	96	proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	6e-26 (56/58)	No se han detectado dominios conservados putativos
61	36138	37214	MWSGIKGPSKLSGWS SAKSSVGYHTKAINSTG KWFGKAWQSVKSTTGS YNQTKQKNSDASIKAWA HSKSIWRGTGSKWFENAY KSAKGLTDMANKSRKAK WDNISSTAWNSNAKSVWK GTSKWFNSNYKSLKDWIT GDMYSRAHDFDAISS AWNSNAKSVFNGFRWLS KTYDWIRDIGKDMGRAA ADLEKNVANKAIGGLNS MIGGINNKATDKNLIRP	356	proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	0.0 352/352	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 11V

61 m	37207	37434	IPITLSTGTLAGKGVATDN SGALTQPTFAVLNDRGS GNAPGGVQEVNHPADG TFHAPQGRDVAVPLGVG DSVINANDTLKLQRMGYL PKFHGTTKKDWLDQLK GNKKAGEEFGATAKNTA HNKKRCRRNG (SEQ ID NO: 536)	fago	MVEAAGEKKKGASWLG DKIGDWYVQHPGRLV NKVMSGLNINFGGANA TVKIAGAYSLLKKEISRQ SKIVV (SEQ ID NO: 537)	75	proteína similar a proteína de fibra de la cola de phi12 [Staphylococcus aureus bacteriófago phi 3A]	AAM49603.1	7e-31 (65/67)			No se han detectado dominios conservados putativos	cd00254	7e-07	dominio de fitotransgluco sílase (L1) y lisozima de clara de huevo de ganso
							proteína de medida de cinta putativa fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	1e-28 (61/61)						
61n	37556	36456	MPSGTNVAVYKGGADK VWTDYGGNSIOIKTGA NEWNNWYHLSKQLARQ GORIKAGQLIGKSGATGN FVRGAHLHFOLMQGSHF GNDTAKDPENWLKSLKG SGVRSQSGYNKAASAW AGERRAAKRMGVVVT GDVGNISLIQHESGGNA GITQSSALRDINVLQGNP AKGLLOYIPOTERHYAVR GHNWISGYDQLLAFENN RYWRSQFNPRGWSPPS GPRRYANGGLTHQLAE VGEGRQEMVPLTRRK RAIOLTEQVMRIHMDGK PNNITVNNDTSTVEKIVET NCYVK (SEQ ID NO: 538)	300			proteína de medida de cinta putativa [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_002332413.1	2e-175 (291/294)						

FIG. 14

61a	38446	38618	MLSDKGNKLIDALQIVS SODNGLGSDAIRGLEKI LSKQSGHFRANANWMS GLTN (SEQ ID NO: 539)	56	proteína de fibra de cola [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803346.1	2e-24 (56/56)		No se han detectado dominios conservados putativos
62a	38618	38815	MQSFVRIDGYKKEVITDF NQLIFLDARAESPTNDN SVTINGVDGILPGAISFAP FFSIKVMWL (SEQ ID NO: 540)	65	Proteína hipotética phiSL1p52 [Staphylococcus fago phiSL1] proteína similar a holin [Staphylococcus fago phi 12]	NP_075514.1 NP_803346.1	3e-25 (57/62) 4e-25 (57/62)	Proteína de función desconocida (DUF1306) pfam0699 7	0.002
62b	38907	39377	MPGVKYAVNTANTVSNL KDGSSIEVSLNRYKGY SESVNWTDSFLFDSNW WFENGIPLDFTPKYTHTS NQFTIWNKSTDTNPRFK HDLKILNLNLSGGFELVN YTTGDIKYNKSDKNITDF VLGGVAYVRDNRVGIOT NRGIIILAPGKK (SEQ ID NO: 541)	158	proteína similar a holin [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803346.1	1e-84 (155/155)	Proteína de función desconocida (DUF1306) pfam0699 7	2e-45
63a	39453	39878	MDYHDHLSVMDENELIC ENLLDVEDYGSFKEYEYELN EARYITFTVYRTHNSFY FDLICENFIYHCEKYTIK QIAPKVEGDKYFIEVTAY HIMYEFQNHVSFESNKLQ DDSETGKTPEYSLDEYL RYGFANDRNFGQNDL (SEQ ID NO: 542)	141	Proteína hipotética SPTp3102_gp56 [Staphylococcus fago tp310-2] Proteína hipotética SausIPLA35_gp52 [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_001429953.1 YP_002332415.1	2e-74 (134/134) 6e-69 (125/134)	Proteína de función desconocida (DUF1142) pfam0660 5	4e-45

FIG. 11X

63b	39858	40329	MTYKIGDFKRVKVPIDELG NKNGLVEYCKEAVDLFGCI IYPNDTEIGFYSPETPYQ RSEKVRVQVYNTDTVSAT VSTELRLTAIKVFGKAYTA FEKKYNPIRTTIDIKYSN GFIKEGTYRIETIGSKATI NFDCKYGNETVRFTRKKG LSRWNI (SEQ ID NO: 543)	153	ORF006 [Staphylococcus fago 47]	YP_240019.1	4e-81 (147/147)		Proteína de función desconocida (DUF1142)	pfam0660 5	6e-32
63c	40331	40504	LILDGKQIKQISCFKSVQ SETIDLIKNIKGRHVLEMI FLGEDPKNRIDISSNKK5 (SEQ ID NO: 544)	57	ORF006 [Staphylococcus fago 3A]	YP_239851.1	1e-24 (56/57)		No se han detectado dominios conservados putativos		
63d	40516	40710	MLELKKSTVLNLIADNSG RNOYKAIVDYVADSAKOF GIRYANTQTNEDIETQDK LLEFAKKANK (SEQ ID NO: 545)	64	Proteína hipotética SauSIPLA35_gp52 [Staphylococcus fago phiSauS-IPLA35]	YP_002332415.1	8e-24 (55/57)			pfam0660 5	2e-12
63e	40688	41041	LOKKQINDTPKTELDVNYI GYEKEPRDSVFFVHELM GYNTELVKVKLDRSHPFV NALDEVSPSNEIKDMVQI QQALNRRVIAODNRVNY QANRINHLTSTLNSPFE TMDIGSVLI (SEQ ID NO: 546)	117	Proteína hipotética SauSIPLA35_gp52 [Staphylococcus fago phiSauS-IPLA35]	YP_002332415.1	3e-62 (115/117)		Proteína de función desconocida (DUF1142)	pfam0660 5	2e-27
64	41041	41331	MATEEVKIKALLENDKQY FPATHWKANGIPYAGSS DIDGLPQDGHSDVDKMKL DKLKIGEAGIIONSVQKS PNGKLWKITVDDSGKLG TVLFY (SEQ ID NO: 547)	96	Proteína hipotética phiSLTp54 [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075516.1	5e-48 (96/96)		PRK05926, Proteína hipotética	PRK05926	3e-04

FIG. 11Y

65a	41347	41973	MENLYIKDLGALGRDY RAKEIQLRIEIOFALGI TTEFKLHOKAKTMQHFA EQHYNGRSQAAVVKSL OSQINALVWAPRNNSANE IVQARVNVNGETFDTLKE HLDDWETKTQINKEETIR ELNKTQERLDIEYRFEPD KQELFVTELAPLTNAM QSFWDNRKTGIVYMTQA RNNGYMLSLRPNNGOFI DSSLVGGGSWYT (SEQ ID NO: 548)	208	Proteína hipotética phi2958PVL_gp50 [Staphylococcus fago phi2958PVL]	YP_0023332417.1	1e-115 (204/204)	No se han detectado dominios conservados putativos
					proteína estructural menor [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_0023332417.1	1e-114 (202/204)	
65b	41951	42169	VGGHGTHNGYRYDDEL WYSPILNGNENTLVRF KYTPNVEISYCKYGMQD VFTGHEPKPYITPVINEKR K (SEQ ID NO: 549)	72	Proteína hipotética phiSLTp55 [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075517.1	1e-34 (69/69)	No se han detectado dominios conservados putativos
					proteína estructural menor [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_0023332417.1	1e-34 (69/69)	
65c	42153	42575	MKKENKILYRIERPRSQW ELENSMNYEIRSLDQVD KNIDKVLHKSIPMLTNE TQPMQGVTFDEKLYWY TGDSPNNRNLYLAFDL ETGEEAYQVADYGGTL DSFPGFEAEAGLQIYYD KDSGKKSFDARCYCRW (SEQ ID NO: 550)	140	Proteína hipotética phiSLTp55 [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075517.1	9e-71 (128/131)	No se han detectado dominios conservados putativos
					proteína estructural menor [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_0023332417.1	1e-70 (128/131)	
65d	42520	43020	MTKIVVKKALMLGVTVGG DGNRTHRFIMIGQGILEI LHSGV/PEIMSDTGGRV KPLNRPDKLKNLGMILT EPGLVYLTYDHTVQIDDF PLPREWRDAGWFEVLEKVP PQTGGDVQILTRNSYAR NMMTFERVLSQRTGDIS DWNVY/PKNSGKWERVP	166	Proteína hipotética phiSLTp55 [Staphylococcus fago phiSLT]	NP_075517.1	3e-89 (156/156)	No se han detectado dominios conservados putativos
					proteína estructural menor [Staphylococcus fago phiSaus-IPLA35]	YP_0023332417.1	4e-89 (156/156)	

FIG. 11Z

65e	43007	43261	SFTKNVRY (SEQ ID NO: 551)	84	Proteína hipotética phi2958pV1_gp50 [Staphylococcus fago phi2958pV1]	YP_002268021.1	1e-42 (84/84)	No se han detectado dominios conservados putativos		
			MSDINIVGMSFYLTDDY KRTDFPTERKGVAGWN LYVEASNTGGFVHRLVR NSVTASAEILLKNYDSKT SSGPWTLHEGRIS (SEQ ID NO: 552)		proteína estructural menor [Staphylococcus fago phiSautS-JPLA35]	YP_0023332417.1				
66	43261	43461	MSNLEKSVAINLENTAHY ENISNLDITFTGESDSSV LLFNIKKNQPLLSEENIK ARIAIRGKGV (SEQ ID NO: 553)	66	ORF005 [Staphylococcus fago 42E]	YP_239878.1	2e-30 (67/67)	Domino de función descartada (DUF2479)	pfam1065 1	6e-16

FIG. 11A

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas STA (n=100)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F197/08	$1,9 \times 10^{11}$	14	61	8	14	3	97
	$1,9 \times 10^9$	8	22	18	17	35	65
	$1,9 \times 10^7$	2	1	8	12	77	23
	$1,9 \times 10^5$	1	1	1	4	93	7
	$1,9 \times 10^4$	0	0	0	1	99	1

FIG. 12

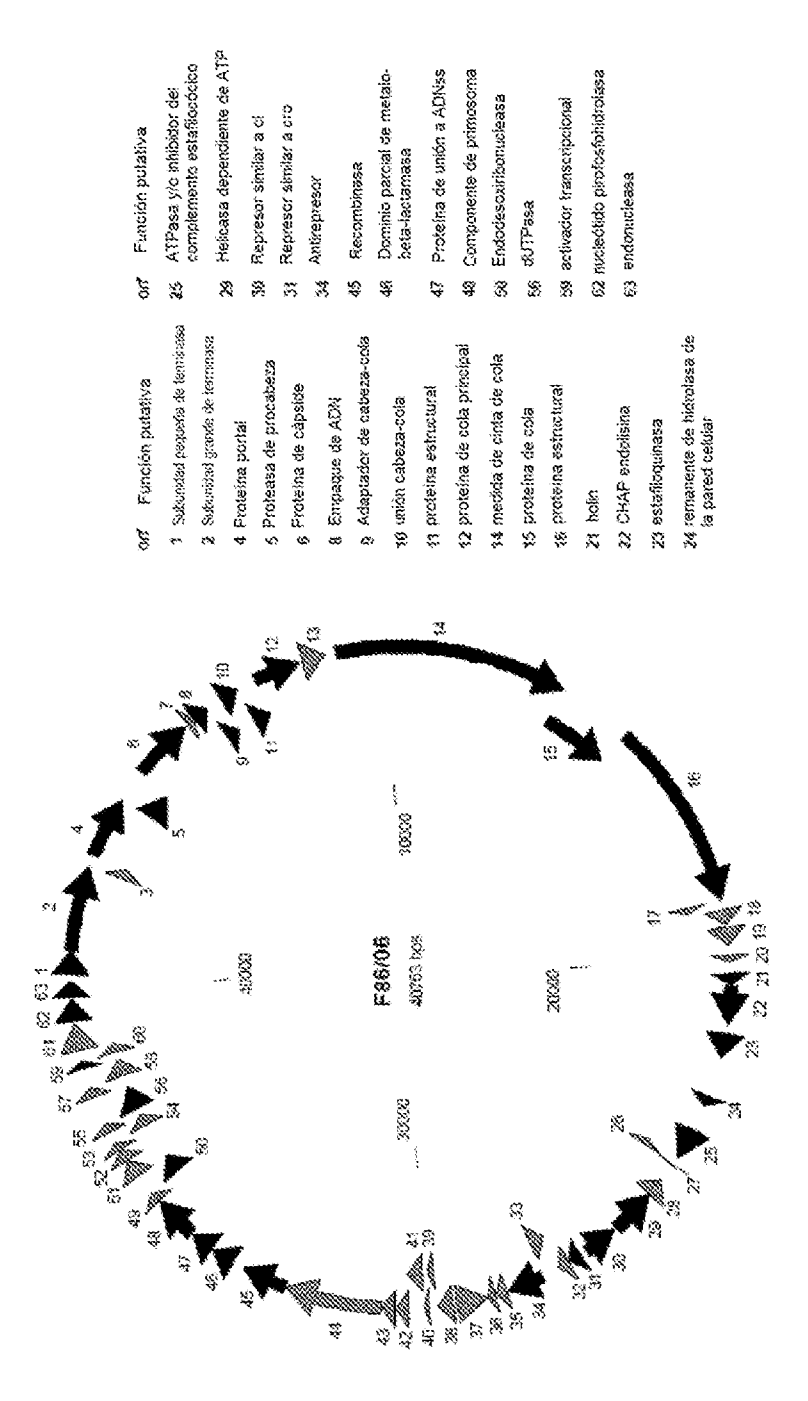


FIG. 13

orfs	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	58	525	MAGRPKLLSNKNTYKE EHEKERQEAQLNKFSDI EPHFLDEIAKQCYLRILPH MOELPISALDKAQLAQCYS FYSDFAKSLUREDLIED DKGNOKVAPAFMIKEKAGI RLQOTANTLGLTIDSLRIM VPDEKEDDDPYMEFVSD (SEQ ID NO: 554)	155	Proteína hipotética PVL_01 [Staphylococcus fage pVL]	NP_058440.1	3e-35 (155/155)	subunidad pequeña de terminasa	Terminasa_4, fago terminasa, subunidad pequeña	pfam05119	2e-18
			MTDYVTKYAKRVWGEILA SLKNOVCHRRRLSEFENPP NGCHWDNHLNKAIRFE MLPEPTNQPMPLEFQK FVGSILYGRRSQYRMFT KAVISARQQQKSLVSGM SYNELFGQYPKFNQIYV ASSTYKDAQTFNMSQQV NLMRSKSFIREKTDVRKT DIEDVSSSVFAPLSNKPDA VDGKDPTVAILDELASMPD DEMYSRFKTGMTLOKNPLT LLVSTAGDNLNSQMYQEYK YKRLNEEVQADNYPVYCA EMDSOEYVQDETHWIKAM PILSEKHKRKTILONKADI QDELEKGTSYHRLIKFNL WQAGREDLSLDSWECM TPMPNNGKVYIGVOL SRL DLTSVGFIPNEDKKVFLH SHSHGLRTNLECKSKRDK NYELAIERGEAETTSQDSG MDYKQVDFVAKFHTDLN VQAVCYDPWNAQSFTTE SMALDWPLIEVGOSFRALS QSIKFRNIVADERIQHND NMLLTTSVNNAVLRDGED NVKRRKKMNRQKIDPISITA	564	homólogo de ORF 2 phi PVL [Staphylococcus profago phiPv83]	NP_061628.1	0.0 (564/564)	subunidad grande de terminasa	Terminasa_1, fago terminasa	pfam03354	2e-169
2	528	ZZZZ									

FIG. 14A

3	2197	2436	FTEARMHIEFOENWTEKYE (SEQ ID NO: 555)	79	proteína similar a orf 3 phi PVL [Staphylococcus fago phi13]	NP_803385.1	1e-35 (78/79)		No se han detectado dominios conservados putativos		
4	2442	3892	MGVQTLPGFGQTKLRQY KDIEAIRHSDIFTAVAMIASD LARMPIRVTVNGQINYSRI VLLNTRPNPNYNGYIFKL VVFVSALLTSHGYIEITDK TGEPMNLTRKTSEIELKSD ARGRLYFFHQIDSNGNI ERNVAFEDMLDKFYSLDGI NGLSLDLTSLRTIESDNNGK DFLNNFLRNGTHAGGILKM KGVLDNKKARDRAREEFH KSFSGTKQAGKRVVVLDES MTFDOLEVOTEVLKURENK SSTREIAGVFGIPLHKFGIET ANMSITDANLDYLSLTKPYI TCVCAELNFKFNDEYVARE FKDITTEIRVDEKTOAED KINISQKMNDEIRQDGL APIPGGNGSHRVDLNHVM ELVDEYOMNKSRAIDKKLK GGEENE (SEQ ID NO: 557)	416	Proteína portal [Staphylococcus fago phi13]	NP_803386.1	0.0 (416/416)	Proteína portal	Proteína portal del fago	2e-78	
5	3685	4269	MSKETRVGNIEVRSNDNN EMVIEGYALKFTWSENIG GFKETISRRALENTDLSV RCLVDHIPSCIGRTKSGTL ELETDDVGLKYRCKLPNTT FARDLYENMRVGNINQCSF GFMLDDKGDVRFDEQENI YKRTLTAIRELTDSVVYTP AYKDTDVKPALRSIETVKKE QRKKELEIRLKKHISILNNW (SEQ ID NO: 556)	194	proteasa procabeza putativa [Staphylococcus aureus subsp. aureus MSSA476] proteasa procabeza [Staphylococcus fago phi13]	YP_044002.1 NP_803387	4e-110 (194/194) 6e-110 (194/194)	proteasa procabeza	Pepidasa_U 35. proteasa procabeza de caudovirus	1e-43	

FIG. 14B

6	4357	5604	MKTKEELOSEISDIKROJDL KVKYATRALNDELEKAEK LEOEITDLRSQERQEEELD KLKEKDGTSNNQSQSEV NEARTYRNOANINDLSIQ NTKVTSEVRDFTYLETIR NDIQGSLKTDGFGVWPEE NTDLKLKEVEFNLDKVVTV KRVTLNGSGKYPVVRQSEV AALEKVEELEENPELAVKP FFQLAYDINTHRGYFRISRE AIEDAKVNLQELKLMWAR TIAATRNKAIDVITKSTGS TSSGFENEKGLKLEVKKAS LDIKDANLVNRPNYEHN AIVSQTMFAKLDKMKDLG NYLQPDVKEKTOORLLGA KIELPDEVLGQKGNNTLIIG NLKDAVLFRSQQYQASWT DYMHEGECMLMAVRQDCR LDYKSAVIEYDDSERGEGD LGLA (SEQ ID NO: 559)	415	proteína de cápside putativa [Staphylococcus fago phPVL108]	YP_918931.1	0.0 (415/415)	proteína de cápside	familia de cápside del fago	pfam05065	6e-60
7	5640	5796	MANVEVKSITDLEKQY LKSGRRVEMTVKRAEYWNK KLKEHGVLRLVKEE (SEQ ID NO: 560)	52	Proteína hipotética PVL_07 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058446.1	2e-20 (52/52)	No se han detectado dominios conservados putativos			
8	5807	6139	MOLTAEEELKLLKHKCHDH NSEDDLEIYYSWAFHEIAS AVTDEPSKYIDWFKSHPLF ARAIYPLASYFENRIAYLD RDLSLAPHMMLSTVHKLRG SFEQFLESENDEI (SEQ ID NO: 561)	110	Proteína hipotética MW1902 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2] proteína de empaque de ADN [Staphylococcus fago phPVL109]	NP_646719.1 YP_918932.1	3e-58 (110/110) 1e-57 (109/110)	empaquetador de ADN	familia QLRG de fago, empaquetador de ADN putativo	pfam05135	4e-29
9	6126	6461	MMKFNKNKLNRIKDFCEDV SERVNGNPKPKTKILYSC FACIQESKESDTQNLNTG SNFIKTIIRIOTRGDYKPTNK HYVHEGQGRFNKRYKPDY QDKSYLRIGEWI (SEQ ID NO: 562)	111	empaquetador de cabeza-cola de fago putativo [Staphylococcus fago tp310-1]	YP_00142987 ... 7.1	2e-52 (111/111)	adaptador de cabeza-cola	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 14C

10	6461	6838	MGARIESNIEQGLKNAVIL KMINLSNVV/KAGAMSLVP LLKSNITPFAADTKHARDHIA VSNVKTDRDTSEKAVTIGYA KGVSHRIHATEFGTMVQKP QLFITKTEKQGNKVLKTMIL DTAKRLQK (SEQ ID NO: 563)	125	homólogo de ORF 11 phi PVL [Staphylococcus profago phiPV83] proteína de unión de cabeza-cola [Lactobacillus fago Lm1]	NP_061636.1	2e-65 (123/125)	proteína de unión de cabeza-cola	No se han detectado dominios conservados putativos
11	6635	7215	MINVTIIRNAIANITDEVN VENYTEDHFEHKTDPRI YLPFPNPOTYADDNEISRE VHYQDWWWSQDEPNEQA EKVELLKVINFCQYREPL YESDVMSFRHRAKGSILS MKLEEN (SEQ ID NO: 564)	126	proteína similar a orf 12 phi PVL [Staphylococcus fago phi13] proteína estructural [Bacillus fago Fph]	NP_803393.1	1e-67 (125/126)	proteína estructural	No se han detectado dominios conservados putativos
12	7216	8169	MEKLLQAPRFLLNLQHFA DTGVSGLAIGVSNFYYAPIL KDTENEWEITGAGTRIRFLK EIEVDROPDTEEDYGDONAV AATAVSNGLSVKTFVTV PADDKAFLNGARKGVGGY KYGAKDIPPDVAIVFERRNH DESSEWYGLFKGKFRSSI KGQTKDQKVEFQNDVVEG NFDRLFDESSHVITGYDKK GSTTGRDYVFMETFGKTY DEFMSRGEQNMPEVEKE MKKTEKVEYTSVNVITDEQV TVNVDAKQLSATTEPSGQ KVYVATEGQTVASVTSTG LVKGLAEGNATVATAGKQ TDTVOITVQSNLEM (SEQ ID NO: 565)	317	proteína similar a orf 13 phi PVL [Staphylococcus phage phi13] putative phagelike major tail protein [Bacillus pumilus ATCC 7061]	NP_803394.1	0.0 (317/317)	proteína de cola principal	Bacterial Ig- like domain (group 2) p1am02368 8e-08
12	7216	8169	MEKLLQAPRFLLNLQHFA DTGVSGLAIGVSNFYYAPIL KDTENEWEITGAGTRIRFLK EIEVDROPDTEEDYGDONAV AATAVSNGLSVKTFVTV PADDKAFLNGARKGVGGY KYGAKDIPPDVAIVFERRNH DESSEWYGLFKGKFRSSI KGQTKDQKVEFQNDVVEG NFDRLFDESSHVITGYDKK GSTTGRDYVFMETFGKTY DEFMSRGEQNMPEVEKE MKKTEKVEYTSVNVITDEQV TVNVDAKQLSATTEPSGQ KVYVATEGQTVASVTSTG LVKGLAEGNATVATAGKQ TDTVOITVQSNLEM (SEQ ID NO: 565)	317	putative phagelike major tail protein [Bacillus pumilus ATCC 7061]	ZP_03055908. 1	5e-08 (51/181)		

FIG. 14D

13	8234	8680	MERTSIELTGFTTKTKPOY QKYLAKPITLFTETQSKLG LKLNAFKQADFKDLTEEE FNNLSVTEQEEYNNKQEEY ENNMAVQMEVLEEVLDIV EAFDNQFTSIELOKGLPNG QEGENQQLIGRITGGEPS DTKKEVTENOK (SEQ ID NO: 868)	148	homólogo de ORF 14 phi PVL [Staphylococcus profago phiPv83]	NP_061639.1	5e-78 (148/148)					No se han detectado dominios conservados putativos			
14	8918	13567	MPNPIGNMVKVLDGSGF NRGVTGLNRQNMWVSREL SAILSQFSRYDNLSEKSKI KVEGLSKQKVOAQITKEL KDSYDKLSKETGENSAKTQ AAAAKYNEAYAKLNQYERE LNCATQELKDMQREQKAL NTAMGKLGITNPNFQPKL QEGNSMKVVGRRNMTMYV TAPVAGFAVAARKGIEFD DSMRKVKATSGATGEEFE ALKKKAREMGATTKFSASD SAEALNYMALAGWDSKOM MEGLSGVMDLAAASGEEL GAVSDIVTDGLTAFGLKAK DSGHFADVLACTSSKANTD VRGLGEAFKYVAPVAGALG YTIEDTSAIGLNSNAGIGE KAGTALRTMFTNLSSTPRA NGNEMERLGISITDSNGKM IPMRKLI.DOLREKFNHLSK QQCASSAATFOKEAMSGA LAINASDEDYQKLTSSDSS TGASKRMADTMESGLGOK LRTLRSQLEELALTYDRIEP ALKIWSAFSKVVTWYTKLP TSIQLAVWGFLFAAVLGPL VFMFGLFISVMGNAMTVLG PLINYNKACGIFAFILRTKIA SLVKLPILGVSSISLTLPTIL WQALVGIGIAFYQAYKRSE TFRNIVNQAISGVANAFKAA KLALQGFDFLFRQDSKQAV TLEKIFPETVAGIQNVNTI	1549	proteína de medida de cinta con longitud de cola [Staphylococcus fago ϕ 310-1]	YP_00142998.1	0.0 (1594/1550)	proteína de medida de cinta con longitud de cola	proteína relacionada con fagos {función desconocida}	COG5412	2a-124	dominio de hlictransgluco silasa (L.T.) y	cd00254	8e-07	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 14E

RTTFHKVYDAIVGFAKEGA QLASFWKENGSEITQALQN IAGFIKATFEFHFNFHKPMFA WQVAMQHWPAVKALIVST WENIKGVQAGALNIILGFIKF FSSSLFTGWWRGVWDCIWM LKGTVLIWNLIQLWFIYCKI LGVVRYFEGGLLKLISGIWS VIKIFTKSLSAWNATKSIF GFLYNSVKSIFTNMKNWLS STWNNIKSNTVGRKASHLFT GVRSKFTSLWNA TKOFTK LRNIWASNTWASIKONTVGI AGRLWDKVRNIFGNMRDG LKSIGKIKDHIGGMVDAIK GLNKLEGLNWGGKLGIM DEIPRLHTGTEHTHTITRLV KNGKITRDTFATVGDKGRG NGPNGFRNEMIEFPNGKR VITPNIDTITAYLPKSGKVYN GAQTYSMNLNGHLPRFSIGT MMWKDKSGASSAPNIWTRD QIQKGTKWLDKVGDMVD FIDNPGKLLNYLQAFGVD FSSSLTKGMGIAGDITKAAW SKIKKSAIKWLEDAFAESGD GGVLDMMKLRLYLGHATA EPVPSTINGRAQVMPFHNG GYGKWVKVKGALEVIYAH LSKYVKVTGQOVVRSQTV GISGNTGFSITGPHLYEMR WNGRHRDPLPWLRKNG GKKSTGGNGAANARRAI KAAQNLGGRYKASWITNE MMRVASRESNYTANAVNN WDSNARAGIPSRGMFOM DPSFRAYAKSGYNNPLNPT HQAISAMRYIVGKVVPRTG SWRAAFKRAGDYAYATGG KYNGLYHLGEEGYPEWR PTDPSRANEAHKLLALAA NDNAPSKKIKKGNILPNRPS	isoquina de cigra de lucero de ganso
---	---

FIG. 14F

15	13567	15057	NSDTNVIHTLENKLDVINC LVSLVESNOVIADKQYEPVI NKYVFEDEVNNSIDXRERH ESTRVRFRRGGTH (SEQ ID NO: 567)	496	Proteína hipotética MW1894 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2] proteína similar a orf 18-19 phi PVL [Staphylococcus fago phi13] proteína de fibra de cola de fago [Staphylococcus aureus subsp. aureus str. Newman]	NP_645711.1 NP_803397.1	0,0 (496/496) 0,0 (481/496)	proteína de cola	No se han detectado dominios conservados putativos	
			MODTICIDNKIEIWLVVQR GFEIPSFNFEVTEKESVKG TGSIAKARYLNDIEFELPLII RNEVLAPGGOKTHDIDLEE LVEFFDIDNLKPKKLFKFSQ NYYWFAYFDGLPLKPNP RGSVKFTKVMTPQYKYSV TGKNTAISDQSVVNSGT ADTPLIVEARAKPSSYFMIT KNDEDYFIWGDDEVTKEV KDYMPVYHSEFRDFKGW TKMITEDIPSNDLGGKVG DVIISNLGEGYKATNFPDA KGWVGAGTKRGLPKAMTD FQITYKCIVEQKQKAGRT ACHYDSDGKLLASIGYENK YHDKIGHIVATLYNOKGD PKKIYDQNKPMYNLDRIV VYMLRRVGNKFSIKTWKF DHKIDPDRRKPIADDEKEW IDGGKPYQRPASIAIYSKY NGYKWMEMNGLGSENTEI LPPKGRADVIGKGDLYKI DMQAKSVVINEEPMLEKS FGSNYFNVDSGYSELHCP NVFDTTVKWDRL (SEQ ID NO: 568)							

FIG. 14G

16	15073	18855	VHVLDNFNDKIIFLSTDDPS LVRAIHKRNVDNSEMIEL LISSERAERFRERHVRIRD SNKQWREFIINWQDTMD GYTEICIASYLADITAKPY APGFEKKITSEALKDVLSD TGWEYSEQTEYDGLRTTS WTSYQTRYEVILKQLCTTYK MVLDFYIELSNTVKGRVY VLKKNLSLKGKEIEYKOL VGLTRKIDMSEKTAIAVG PENDKGKRLVLVTDDEAQ SQFNLPTRYWGIYEPQSD DQNMNETRLSLARTELNK RKSAMSYEITSTDLVETYP HEISGDTVRVYKHRDFNPP LYVEAEVIAEEYNIENSTY TFGQPKFEKESLREEFNK RLNIHQKLDNISNINTVK DAVDSELEYFERKHKSDT PPENPVNDMLWYDTSNPD VAVLRRYVWNGRWIEETPN DVEKLGGITREKALFSELNN IFINLSIQHASLLSEATELIN SEYLVQNDLQADLQASLDA VIDVYNQIKNNLESMTPEA TIGRLVDTKTLFLEYRKILQ DVYTDVEDVKIAISDRFKLL QSQYTDKEYKEALEIATKF GLTVNEDLQLVGEPNVAKS AIEAARESTKEQLRDYVKT SDYKTDKDGIVERLDTAEA ERTTLXGEIKDKVTLNEYRN GLEEQKYTDQQLSDLSN NPEIKASIEQANQEAQELK SYIDAQDDLKEKESQAYAD GKISEEEQRAIQDAQAKLE EAKONAEIKARNAEKKANA YTDNKVKIESTDAQKTLIR YGSQIHONGKEIKLRTTREE FNASKRTLRSRLADITVNA MKGINLRYDENGATISHTID	Proteína hipotética SA1764 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835586.1 0.0 (1249/1260)	proteína estructural	proteína TolA y proteína de segregación de cromosoma	pfam06519 y PRK01156	3e-05 y 5e-04
			proteína estructural [Staphylococcus fago phiPvl 106]	YP_916942.1 0.0 (1215/1224)					

FIG. 14H

17	19048	19050		KDGVKISGDKVDITANREF NWANNINNKVGRNDIVNS LNLNNEGLEDINVRIGKGG NANRYVOVQNDHIELGGV QRTWKGRSTDDIFRLKD GHLRFRNNTAGGSLYMSH FGISTYIDGEGEDGGSSGTI QWWDKTYSDSGMNGITIN SYGGVVALTSDYNRHDSY ASANESREAPYILSPNTKN KPGILNRFATLSNADSAYE TDGYIMFGSDENVKYGACL RFSKRSNKGLVQVYNGDY ATGGDTTIESGGMGFNWK RRDGNVYVSIQSYDLAVG SDNAGDRVASNSYKRTYS APANLHITSAGTIGRATSAK KYKISINQYINEDDOFSHS KEIKLPIRTWFDKYESEIM HTGLIAEEVEELGFNEFVY DONGEIEGIAVDRLVWHLIP (SEQ ID NO: 569)	50	Proteína hipotética SAS3061 [Staphylococcus fago ph3315]	NP_835667.1	2e-20 (50/50)	No se han detectado dominios conservados putativos
18	19046	19333		MANEIKKTERFILVQIDKEG TERVLYQDFVGSFTTSDSA SYAQDFKSEENAKIAETL NLLYLTVNGONGVAVKEV VDRTDLSDDKSVDSDEIM (SEQ ID NO: 571)	95	Proteína hipotética SAS1874 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MSSA476] Proteína hipotética SABPV106_gp53 [Staphylococcus fago u11PVI_108]	YP_043988.1 YP_018943.1	1e-45 (93/95) 2e-45 (93/95)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 14

19	19989	19763	LCIDKKKLSLSELVERDQVET LANETADHVL EL REEHQHHN ELRESHKKLKKQKQVVDENL EQTHLNRSEERYGTQGVADCK NEKTLAQIKKQWLVGAWALVTI VMAVITASITALLP (SEQ ID NO: 572)	124	Proteína hipotética SA1762 [Staphylococcus fago phiK315]	NP_835569.1	2e-82 (123/124)		termina del canal de acces con compuerta de legados (presencia de la superficies P876)	pfam0060	0.002
20	19946	20082	MLALKSLERRCLMTISTM LQIFGLFLIALGLVRLLELSN KK (SEQ ID NO: 573)	44	ORF087 [Staphylococcus fago 42E]	YP_239882.1	2e-13 (43/44)		proteína que contiene dedo de ZHC	pfam0146	0.004
21	20294	20548	MINWIKRKKQKSFVYALS AFLFAQNIKAIGYDIQVYT ECLTDGLNAILGFLVLIGVI QDPTTKGGDSHQALEYEE PRKY (SEQ ID NO: 574)	84	holin [Staphylococcus fago phi13]	NP_803401.1	2e-42 (84/84)	holin	Fago_holin _1, bacteriophage holin	pfam04531	1e-32
22	20560	21327	MKTYSEARARLRWYQGRY IDFDSWYGYCCADLVDYI YWLLEIRKMGNAKADANNQ FNMATVYENTPSFVPOIG DVAFTKGIYKQYGHGLVF NGGNTNDFLLEQNVQGNQ NTPAKLRWDNYGCTHFR PKYSEGLMKNITVYKPP ACKAVGKSASKITVGSKAP YNLKWSKGAYFNKIDGLG ATSATRYGDMRTNYRFDV GOAVYAPGTLYVFEIDGW CRYYNNHNEWVHERLV KEVFSFLG (SEQ ID NO: 575)	255	amitasa [Staphylococcus fago phi13]	NP_803402.1	2e-146 (251/251)	endolisina CHAP	dominio CHAP	pfam05257	9e-18
23	21506	21997	MLKRSLLFLTVLLLFSSSI TNEVSASSSFDKGYKNGD DASYFEPTGPLYMNVYGV DGKGNELLSPPRYVEFPKP GTTLTKEIEYYVEWALDAT AYKEFRVVELDPSAKIEVY YDKNNKEETKSPFTEKGF VVPDLSEHKNPGFNLTIV VIEKK (SEQ ID NO: 576)	163	Staphylokinase [Staphylococcus phage tp310-3]	YP_00143001 _8_1	9e-88 (163/163)	Estafilocinasa	termina Estafilocinasa/ Estreptocinasa	pfam02821	1e-17

FIG. 14J

24	22777	22963	VRDGYSTNSRITGVLPINA TIKYDGAYCINGYRWITYIA NSGQPRRYATGEVDKAGN RISSFGNFSAV (SEQ ID NO: 577)	68	amidasa [Staphylococcus fago ph310-1]	YP_00142989 ... 3.1	1e-31 (67/68)	remanente de hidrolasa de pared celular	SH3_5, dominio SH3 bacteriano	pfam08480	4e-05
25	23495	24124	MKIKSILASTLAWLASPLV TINLDKNEAQASTSLPTSE YONEKLANELKSLIDELNV NELATGSLNTYYRTKISG LKANWFLIFVLTVLFENPLI VKEIWLNETKFMNLDQIS LLDKRDKLFNNKGPVRFVI KDFENRIIEEGELKTYNSAG SDFDLLEVERQDFKVSQLP SNDELYIKHTLVLDKQQIKL DLYLMNEY (SEQ ID NO: 578)	209	NalK ATPasa [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803308.1	3e-70 (131/133)	inhibidor de ATPasa y/o complemento estafilocócico	No se han detectado dominios conservados putativos		
26	24267	24121	LNQGENFMADKINKKOEAT RSNPINKSFENKPGASENLK STLSEKAKKKD (SEQ ID NO: 579)	48	Proteína hipotética SACUHS_01579 [Staphylococcus aureus subsp. aureus NCTC 8325] ORF136 [Staphylococcus fago 47]	YP_500095.1	4e-18 (47/48)		No se han detectado dominios conservados putativos		
27	24495	24303	MKITNCKIKRETYVEVITS GNQFTYELPKDLSHNAR KYLEFISQKIDGKLTKEDS L (SEQ ID NO: 580)	60	Proteína hipotética SaurJH9_2058 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] Proteína hipotética phi12p03 [Staphylococcus fago phi 12]	YP_00124741 ... 7.1 NP_803308.1	1e-37 (60/60) 4e-27 (59/60)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 14K

28	25030	24689	MIKKFTKKHVFVIEDENH NHSDAVFGKSIISLYGVN KKTNSKSGKFIYLDKSRIV ROSDITKIESANENDVDFYN LLKKEKIVYSKNIVDKYNL ANYIYVEVSTKE (SEQ ID NO: 581)	113	Proteína hipotética NM3_gp04 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908793.1	3e-56 (113/113)		No se han detectado dominios conservados putativos	
28	25968	25036	MKKYDAVLDFTWNEHVN SPCEVAVSLKDLISVKKYS SYNPPNRYNLKNAKHNI PEDVLKAPKYPDYQEILYL LKESHLIAHNALEFISVLKN TNYYDLPYPRFMYDSINI FRSFHAISFKLENLCSLYD IDKEKLHSAKFDVLALSKML ISLAKNNQHYSVLKIHYMP KOYIRFSKYSNSPTKLFDS GFOKIHMKISENKEVESVI PILDKNVVFTGNFDEKQ DLMLTRKKGAYIRSOVTAK TDILVEGVQDDKYKDVGNG VSKQRKAREYVGNAGKIQF LNEEDLNLIK (SEQ ID NO: 582)	310	helicasa dependiente de ATP similar a Poi III [Staphylococcus fago phi12]	NP_803310.1	4e-177 (310/310)	helicasa dependiente de ATP	epsilon de subunidad de ADN polimerasa III	PRK00195 1e-35
30	26697	25964	MNKERNIIAKNIRKFLNDSN MSCKLAELINKPSTLSDY LNLRNPSHGVDRIADYFE VGKSDIDTTTKDNDITSY NKLTPROENVLAYANEQL EEQNSKGQNVVDINSYKQE KTPVNVNGCVSAGVGERL HDETLEFTEWYKGPFTHDL ALKVNGDSMEPMFKDGEII FVEKTHNKNQGIQIFIEEE AYKKVFEVDRLTLVSLN KQYDDLHFYRNESVRLIGK VIL (SEQ ID NO: 583)	237	Proteína hipotética SA1805 [Staphylococcus aureus subsp. aureus N315] repressor similar a cl [Staphylococcus fago phi 11]	NP_375106.1 NP_803258.1	3e-134 (237/237) 5e-36 (96/240)	repositor similar a cl repositor similar a cro	Proteínas similares a LexA de peptidasa S24 repositor LexA	cd06529, 9e-16 PRK00215 2e-09
31	26830	27093	MKTLKELRTDYGLTQKELG DLFKVSSRTQNMEDSTNI KDSLLSKYMSAFNVKYDDI FLGNEYENFVFTNDKKSHI LAFKEKQTS (SEQ ID NO: 584)	88	regulador transcripcional [Staphylococcus fago phi 12]	NP_803312.1	5e-42 (87/87)	repositor similar a cro	proteínas similares a la familia XRE Hélice-giro- hélice	cd00083 5e-07

FIG. 14L

32	27109	27324	MNIQVATKLAMEKIGISIRRE NODVYGLPTNLQRYQCLV VSRHYAKKROTAAGRQWP SADDLIADDDWILDY (SEQ ID NO: 586)	71	Proteína hipotética NM3_gp06 [Staphylococcus aureus fago phNM3]	YP_908797.1	8e-35 (71/71)		No se han detectado dominios conservados putativos	
33	27642	27313	MTDEAKFVLLQLYSIYLDRI DEGMSKRSASYFGSOESS FNAFFLGFNFEDYDAVLEL KHRDFVIA3AEDGGFLEMA LSREGIAYSESESKDYKTL MGLIRDLKLLI (SEQ ID NO: 586)	109	Proteína hipotética NM3_gp09 [Staphylococcus aureus fago phNM3]	YP_908798.1	2e-54 (109/109)		Proteína no caracterizada en conservada en bacterias (DUF2064)	0.005 pfam09837
34	27693	28445	MCALOTKSNIGEMFNIQEK ENGEIAISGRHELHQAELVKT PYKKWFERMSDYGFENID YVTDIFVHNPLGGRONQT DHALLDTAKEIAMIQRSEP GKRAROYFIQVEKAWNSP EMIMORALKIANNTRNQLET KIERDKPKVYFADAVATK1 SILVGEIAKIKQKQINGIGQR RLFELWLRONGELIKRKGVD YNMPTQYSMERELFEIKET SITHSDGHTSISKTPKVTGK GOQYFVNKFLGKQTS (SEQ ID NO: 587)	250	antirepresor [Staphylococcus fago phNM315]	NP_835526.1	2e-145 (250/250)	antirepresor	dominio KIAC de proteína antirepresora de fago	7e-38 pfam03374
35	28461	28658	MOAGNKKVYVYVYDEAGN RRPVNIQYNDGYDLMIDPR FIEMTLERPHLKNMFYGLI DGKEFKLD (SEQ ID NO: 588)	65	proteína similar a orf 35 ph PVL [Staphylococcus fago ph13]	NP_803363.1	1e-30 (65/65)		No se han detectado dominios conservados putativos	
36	28689	28829	MLQFRIAKKKNLKLKLLK HASYCLERSNNPELLRAVA ELLKKVN (SEQ ID NO: 589)	46	Proteína hipotética MW1930 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2]	NP_846747.1	1e-16 (46/46)		No se han detectado dominios conservados putativos	
					ORF124 [Staphylococcus fago 38]	YP_240709.1	1e-10 (36/46)			

FIG. 14M

37	20476	28844	VYIDPLKIVRFSSINNVISNV EISKSMKQSLAPKYOLDIH NRNNILFSDFKVDFMLNN LIEMNFIILNRSFSSLTQR NLFSEETIKSEKELYRFDDE NLQAQOTIRDFYINPTAST LAEAINSTYPINEGSTYKRRH DEFVKRIENDFPHFRKLJR WSNGIAAGADQIQFVINYIN ENDLHQNLSLVAVCLLSFL STYCSHSKK (SEQ ID NO: 590)	210	Proteína hipotética SAV1992 [Staphylococcus aureus subsp. aureus M150]	NP_372516.1	1e-117 (210/210)		No se han detectado dominios conservados putativos
					Proteína hipotética NM3_gp12 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908801.1	4e-117 (209/210)		
38	29535	29855	MPHLNVTVHPETHVLTKD EYDELGYSLDPVWNMSDL KKKLKASDETHKDRLLFHP RFEKELRAQGVHYPDENF NRWRFNARKMKNFVDEHF NEVYKERIK (SEQ ID NO: 591)	106	Proteína hipotética NM3_gp13 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908802.1	9e-58 (106/106)		Domino de función desconocida {DUF771} pfam05595 Se-33
39	29852	30013	MSNIYKSYLLAVLCFTVLAIV LMPRLYFTTAWSIAGFASIA TFYKYEVYEE (SEQ ID NO: 592)	53	ORF105 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_240424.1	2e-21 (53/53)		Proteína de función desconocida {DUF1270} pfam06800 4e-11
40	30010	30111	MKKLLAPTSNSDKRLTKLI HFOYKTKNGGSOL (SEQ ID NO: 593)	33	Proteína hipotética NM3_gp15 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908804.1	3e-10 (33/33)		No se han detectado dominios conservados putativos
41	30108	30434	MTKVKYKDMTOEELRDLAE KNGELFEVYNEINKETEFAY LLFSTVGVNSGDTTSSSHC ALGOIVGLANLLNNENDYH DIANVEMVYKLLKLLGLADN KEDENDVQLNG (SEQ ID NO: 594)	106	Proteína hipotética NM3_gp16 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908805.1	2e-54 (106/106)		
									Proteína hipotética de función desconocida {DUF2482} pfam10655 3e-40

FIG. 14N

42	30415	30875	MYKTGDVCKIINVDGFD FRLRVKKRAYSVENVLDHE GNSIDGILVSDENLYTALD ILKOSIYEWIENITDEQDKL MNLVNMKW (SEQ ID NO: 595)	86	Proteína hipotética NM3_gp17 (Staphylococcus aureus fago phiNM3)	YP_908806.1	1e-42 (86/86)		Proteína de función desconocida (DUF1108)	pfam06531	2e-35
43	30884	30947	MRDTERNLNIFKTLFDEYT LSNQALLLEIERNHRYLSI NFLHYDSYKTNKLVQIH EINPDSSHERIKNLIEVLRGH RKIKKA (SEQ ID NO: 596)	87	Proteína hipotética NM3_gp18 (Staphylococcus aureus fago phiNM3)	YP_908807.1	4e-43 (87/87)		No se han detectado dominios conservados putativos		
44	30856	32899	MKIKLTISNFAGIKVTFNF DGKDAIYGNNAATGKTTTA TALQWLLFDKGLDGTSTF NPVPLNEKNAENYELIPTVF AEFEIDGKITTFKKEHPKY TINOKTNRKEYSRSTKKQ YNDESIVKDYKARIDELJD EDVFKLITNPQAFNLLDWK KRRSLLEIAKPNDEVDVKT NDQFKELNNILGDHEIETKK KILTDKIKQINKQIKDIPIRIN QTQONKQDVPEFONDYVAI IKOEIEQLENERIDIQNGKE EINLRNQLADKQSELKRIED NNSASNEKIHALTNELHV ENGTVANIKTRLKONKQOI THEENRRNQLLENHKKLKS DLEKSNOKFEHLDDNVCS CGQOQLPTEQVNEAREKA LOKFNVKKSKLELTQTSIN HISEGGKKPIEKLEDNN NLQIKINEAEERSARIONKIN KLATTHVDVTQTDYKAVM LENEINOKRSWIKTIQDKV SGIDDKISELTQEKSEIEVS RSIEKSNKHLDVISELRNE EDRLLEKEKYSIDLILKK FTTTKVMKLTENINNEFDIA EFKLFNTLVNGELEETCSTT	647	Proteína hipotética NM3_gp19 (Staphylococcus aureus fago phiNM3)	YP_908808.1	0.0 (646/647)		SMC, N, Dominio N terminal RecF/RecN/ SMC	pfam02463	2e-06

FIG. 140

							VNGVEYDSGLNNAASRVVG LDRIITLSKHKVTAPIFDNA ESVTelikTESQQIQLVNE QDKKLRETI (SEQ ID NO: 597)									
45	32901	33821	MTENNKLOTIEQQLVQERN VSDNVLNKVRVLESQGNLE LPNDYSPSNAMKQAWLQIS QDNKLMSCNDTSKANALLD MVTQGLNPAKNOCYFIPYG NKMQLQRSYHGNVNMALKR DAGAQQVVAQVIYKGDTEK QEMGETGRKAIKHEODFF NIDKENIGAYCTVFNDR DNYIEVMTEIQIKQAWMQS SMKDEKALQNSKTHNEK EEMAKTVINRAAKRYNTS TDSNIFKYAQESQQRORKE VLDAEVEENANQEQIDFEQ	306	proteina RecT (Staphylococcus aureus fago phiNM3)	YP_808808.1	1e-179 (306/306)	recombinasa	familia RecT	pfam03837	Se-44					

FIG. 14P

							PVLEEAQYTELENKPIQVS DDEEKEPATEKESEEEPF (SEQ ID NO: 598)									
46	34034	34519					MTAGTQQAAMFESHRLCTI KAKQELRIGTWSILPFDIEH DANEPVAFLLQSTLGYKVL YVTDTRYLYKYPNGITHVM LEVNYIYEQMQENKNGSV HSTLANRIMESHFSLEHAG MLKANDLTRLEEIRHLHLS QNSNAKYKSEIQKVTGVPV YVEGL (SEQ ID NO: 599)	181	Proteína hipotética NM3_gp21 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_008810.1	1e-90 (160/161)	dominio parcial de metaló-beta- lactamasa	PhaP, hidrolasas dependientes de metales de la superfamilia beta- lactamasa	COG1235	3e-14	
47	34520	34990					MINRTILVGRLLTRDPELRTI QSGVNVASFLLAVNRFTFN AQGEREADFINVIVFKQAE NVNRYLSKGSITGYDGRLLQ TRNRYNKEGQRVYVTEVIA DSIQFLEPKNSNDTQQDLY QQQVQQTRGQSQVSNK PVKDNPFANANGPIEDDD DLPF (SEQ ID NO: 600)	156	proteína de unión a ADNss [Staphylococcus fago PVL]	NP_058464.1	3e-85 (156/156)	proteína de unión a ADNss	proteína de unión a ADN monocatenario	PRK06751	7e-41	

FIG. 14Q

48	35020	35913	MTGWISDRISQIHWLFNE NRFSKFEAWIYLLMEANH SKAKVPICNGVTVERGQR LTSILTLSDLFNWSRFKVT FLLLESQMGLEVKTSKY TLTIVNYDFYQSEQGRNQ HCKDQPTSKQHQSNINPT SKQHQTNNTNNQKNNE KNVNNENKVTAFDFQDN GFGFTPYNLDDLNYLDSF ENDSDQVITASLNAKDRNK VTWGYANSILNTWLNANK SEQVRAFEKQKQLESKQN YKPFYKQSKERTPKWLDS TRETKTPEVDENLENDREA FKRLNSKWE (SEQ ID NO: 601)	297	Proteína hipotética PVL_46 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058485.1	1e-171 (297/297)	componente de primosoma	DnaD, componente de primosoma putativo y proteínas relacionadas	CDG3935	2e-41
49	35920	36138	MDAFDKYLLFDHGNKMF SVTPHFKDGRIHLVGLKHT KFNRRRWYLLDDYELKTLID NEQMLGHGHTSLFEYI (SEQ ID NO: 602)	72	Proteína hipotética PVL_47 [Staphylococcus fago PVL]	NP_658486.1	3e-35 (72/72)	No se han detectado dominios conservados putativos			
50	36135	36551	MROYMEIEIKFNEVFNAPM GSPRPRFRNTGRYAHTYM PTKYTEHKYKYLONQMPKLN LENALKIELEFYFLKSKWS KKKKNMVGGYKVKPDID NLIKTVLDAONGHLWKDON QITEITSSKRYGIEPKIIRIE I (SEQ ID NO: 603)	138	Proteína hipotética PVL_48 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058487.1	5e-73 (132/134)	endodesoxi- ribonucleasa	Endodesoxi- ribonucleasa RusA	pfam05866	2e-23
51	36564	36932	MARKARIVTINDKPYRF-SKF EMELIESHGITAGVSKRV KDGWELHEAMDPEGTRL SEYREKKTHERLEQARLER KLERERKKEALELRKKPHL FNVPQKHPRGRYACYLLEN DIFVKVKK (SEQ ID NO: 604)	122	Proteína hipotética PVL_49 [Staphylococcus fago PVL]	YP_041447.1	5e-84 (120/122)		familia similar a CRF-S0 PVL	pfam07768	4e-30
					Proteína hipotética PVL_49 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058488.1	4e-62 (117/122)				

FIG. 14R

52	36936	37178	MTDNARKEYLNQFFQKRR YLYQDNERNVAHHVNVGT YFHGHVYPGWQSVKRTFDT AEELIYIKOHGLFEYEFCKQ LTLF (SEQ ID NO: 605)	80	Proteína hipotética NM3_gp27 [Staphylococcus aureus fago phinM3]	YP_908816.1 2e-40 (90/90)	marco de lectura abierto 51 conservado en fago	pfam06194	5e-32
53	37184	37357	MEMINAEKHMQMCMILQ NCYIDKYVSHDEVEELIAD KHGNRMFKYPTXEDDTN E (SEQ ID NO: 606)	57	similar a ORF51 de fago phi PVL [Staphylococcus fago phiETA]	NP_510923 1e-25 (50/56)	No se han detectado dominios conservados putativos		
54	37350	37601	MNNREQIEQSVISASAYNG NDTEGLLEEDVYNNKAQA VFLEIGMTNAIQHSVKEG VELDEAVGMAGQVYVYKE EEQENEH (SEQ ID NO: 607)	83	Proteína hipotética NM3_gp29 [Staphylococcus aureus fago phinM3]	YP_908818.1 1e-39 (83/93)	Proteína de función desconocida (DUF1024)	pfam06260	9e-26
55	37591	37773	MSISVGDKVFNPNETNSTLEI VOLVGDIRDTHYKLSGDSII SLIDFYVPHILREEQEND (SEQ ID NO: 608)	60	Proteína hipotética NM3_gp30 [Staphylococcus aureus fago phinM3]	YP_908819.1 3e-26 (60/60)	No se han detectado dominios conservados putativos		
56	37766	38308	MTNTLOVRLLSENARMRPER NPKTDAGYDFSAETVYLE PQEKAVIKTDVAUSPEGYV GLLTSRSVGSVSKTHLVIETG KIDAGYHGNLGINKNDEER DGIPFLYDDIDBAELEDGLSI LDIKGNYVDGDRGIRRIYQI NKGDKLALQVIVPWTPELK QVEEFESVBERGAKGFGS SGV (SEQ ID NO: 609)	180	dUTP protobactera putativa [Staphylococcus aureus fago phinM3]	YP_908820.1 2e-99 (180/180)	dUTPasa dUTPasa	pfam00892	1e-21

FIG. 14S

57	35345	38551	VTQVLVTFKDKSTGRKHTHI TKAKSNQRFVTVAEESKEE AKENYEKQKRDVAVIKVGG LFENIRECGK (SEQ ID NO: 610)	68	similar a ORF55 de fago phi PVL [Staphylococcus fago phiETA]	NP_510930.1	6e-31 (6768)		Proteína de función desconocida (DUF1381)	pfam07129	5e-08
58	38548	38934	MIKKLNMDGDFIVGILSL FGTALLLVALPIYTVASYQ NKEVHGGTITOKYNKRQEK EDRFYVLDKQJENSDF FKGFDSDAQARLVGDK VKKVTIGYRIRFLNLYPVLY EVKKVDKK (SEQ ID NO: 611)	128	Proteína hipotética phiETA_36 [Staphylococcus fago phiETA]	NP_510930.1	6e-88 (128128)		Proteína de función desconocida (DUF1523)	pfam07509	2e-05
59	38931	39050	MIKOILRLFLAMVELGKY VTEQVYRMTANDVEAPS DYVFAEYSE (SEQ ID NO: 612)	49	Proteína hipotética SAS062 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835548.1	4e-20 (4949)	Activador transcripcional	Activador transcripcional RinB	pfam06118	2e-15
60	39080	39280	MMWTMTFVAILLVCSINS DRAREIGALRYMNDYLLDE VVKTKGYNGLKEVRIELNR MNNDIKK (SEQ ID NO: 613)	66	Proteína hipotética NM3_gp35 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908824.1	3e-30 (6686)		Proteína de función desconocida (DUF1514)	pfam07438	4e-22
61	39303	39839	MYNPKREHREMDNYKWK NIDSKYVDNESTIAQYGY QSAMPKAKGTTSNKLKVKY INKKALKRYDYLNKIAFD EYEEYITNEKDYHLOMLKQ RESNRIMSILDIGRENFYS RVKDVNMLYNLQTRNPHV HIGQFOHIVQIVQVHGLIL MLHIVFYNYCYVAKHLYLF (SEQ ID NO: 614)	178	Proteína hipotética MW1912 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MW2] Proteína hipotética PVL_60 [Staphylococcus fago PVL]	NP_648729.1 NP_058498.1	5e-70 (131131) 2e-69 (130131)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 14T

62	39889	40341	MEISKYOEIATRTTHDELNL NESTCYGLGLTOSTGNVT DLKQMFQCNVFDKGMIN ELSEALWNANL TNVLGNL DEIAGHSVNTILMKPNQTI NLDNGHKQGDRLVFGQSKY LYDGSIGNLLISNDKDDRQ VTVDYVKVDKE (SEQ ID NO: 615)	150	Proteína hipotética SABPV108_gp35 [Staphylococcus fago phIPV1.108]	YP_918925.1	6e-81 (150/150)	nucleótido pirofosforilasa	No se han detectado dominios conservados putativos		
					MazG nucleótido pirofosforilasa [Chloroflexus aggregans DSM 9485]	YP_00246389 _0.1	5e-08 (29/95)				
63	40348	40701	LSMKRGGHPTCNVLNHN ESYCDKHQYANENYNDL RRNDPEYLFYKSKTWQ NMRRVLEHDFICYSCGN QATMVDHVPTRIDWARRL DKSNLOPLCDACHNOKTK EDLKKY (SEQ ID NO: 616)	117	fago endonucleasa [Staphylococcus fago phIPV1.108]	YP_918926.1	3e-64 (117/117)	endonucleasa	MarA, endonucleasa de restricción [mecanismo de defensa]	COG1403	3e-05

FIG. 14U

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas STA (n=100)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F26/06	$3,0 \times 10^2$	0	19	22	23	36	62
	$3,0 \times 10^3$	0	5	6	6	83	17
	$3,0 \times 10^4$	0	1	0	0	99	1
	$3,0 \times 10^5$	0	0	1	0	99	1

FIG. 15

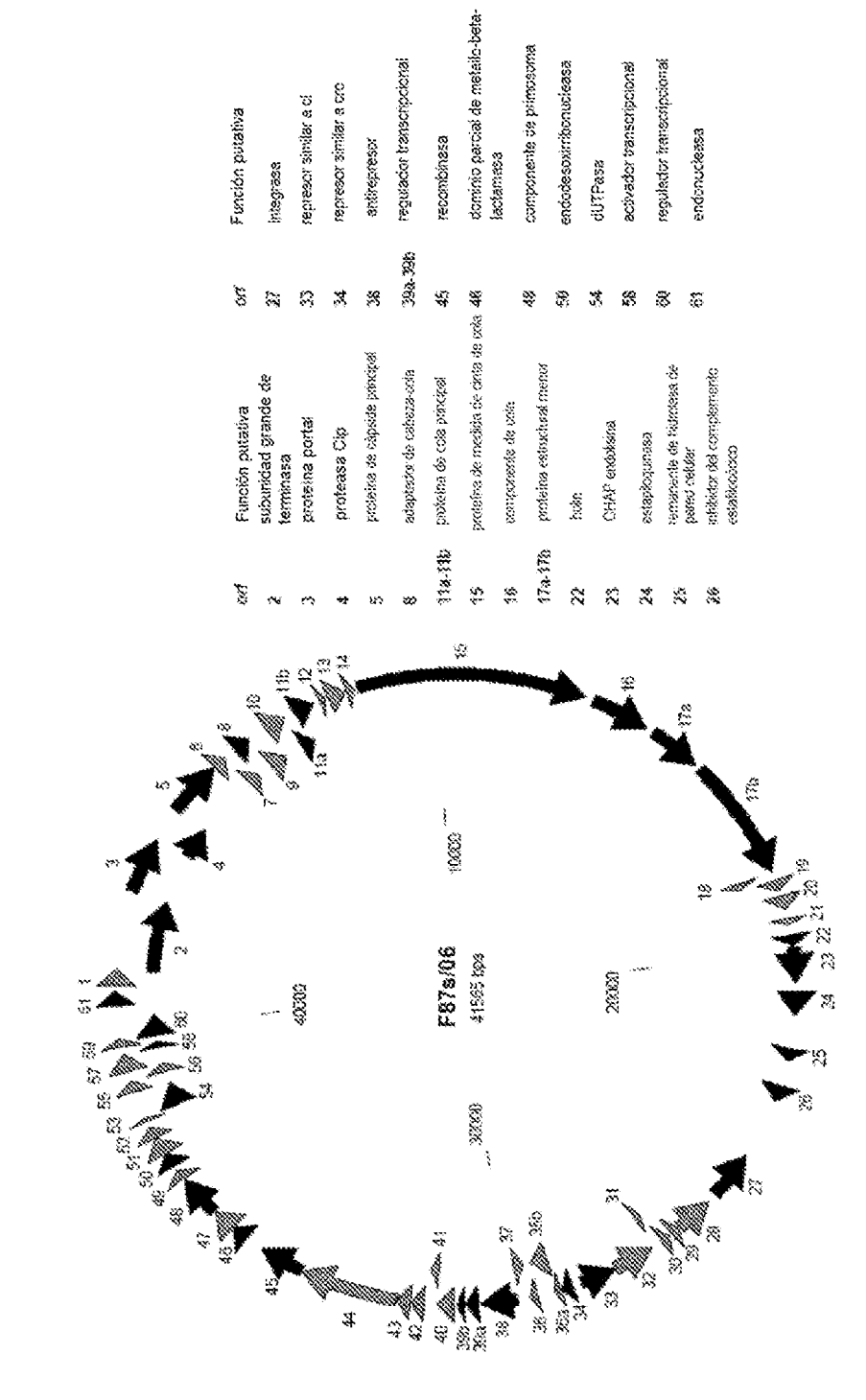


FIG. 16

orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	79	423	MEIVDENLVLKEKERL QVLYKQIPSNKLVVDG LIQAARLRVMDYVWE DIKEKGDYDLFTQSEKA PPYERERPVAKLFNAR DAAYQKIIKQLSDLLPE EKEDTETPSDDYL (SEQ ID NO: 617)	114	Proteína hipotética SA1778 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835552.1	3e-58 (114/114)		No se han detectado dominios conservados putativos		
2	420	2081	MISNKYVDEYNLWKQ GKILNKERDLFNLYLQ HIYSRDDVYFDEQKIED CIKFEKWYFPTLPFQR FIANIFLDKNTDEAFFT EFAIFMGRGGGKNGSLIS AISDFLSTPLHGVKEYHI SIVANSEDAQKTSFDEI RTVLMONKRNKTKGTP KAPYEVSKAKINRAIK SVIRYNTSNTKTKDGG REGCVFEDEIHYFFGPE MVNVKRGGLGKKKNR RTFYISTDGFVREGYID AMKHKIASVLSGRVNN SRLFAFYCKLDPKREV DDRQWKEKANPMLHK PLSEYAKTLISTHEEY NDLPFNRSNKPENMTK RMNLPVDELEKVIAPW KEILATNREIPNLDNQW GIGGLDFANIRDFASVG LLFRKNDYVWLGHSFV RQGFDDVVKLEPPIKE WEKNGLLTVDDVDEI EYVDWFLKAREKYGLE KVIADNYRTDIVRRAFE DAGIKLEVLNPKAIFG LLAPRIDTMFAKHNVY	553	77ORF003 [Staphylococcus fago 77]	NP_968603.1	0.0 (553/553)	subunidad grande de terminasa	Terminasa_1_fago terminasa	pfam03354	2e-37

FIG. 17A

3	2097	3260	GDNPLMRWFTNRVAV KIKPDGNGKEIKKDEV RKTDGFMFAFVHALYRA DDIVDKMSKALDALM SIDF (SEQ ID NO: 616)	387	Proteína hipotética SA1776 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835534.1	0.0 (381/395)	proteína portal	Proteína portal de fago	pfam048 60	2e-45
4	3244	3981	MSLEKIFKTRKDSYML DLDMEDLSQAYVKR LAIDSCIEFVARAVQS HFVLEGNRIQNDVY YKLNKPNITDLSDSFW QQVYKLIYDNEVLIVS DSKELLADSFVREEYA LYDDKDVTVKDYTYQ RTFTMQEVIVLYNNIK VTHFVESLFEDYKIFG RMGAGLKNYQIRGILK SASSAYDEKNIEKLCAP TNKLFNTFNKNQLAIAP LIEGFDYELSNLGGKNS NMPFSELSELMRDAIK NVALMIGIPPGLIYGETA DLEKNTLVFEKFLTPL LKKIONELNAKLITQSM YKDTRIEIVGVNKKDP LOYAEADKLVSSGSFT RNEVRIMLGEEPSDNP ELDEYLVTKNYEKANE NOSTLKGDEDESGD (SEQ ID NO: 619)	245	peptidasa S14, ClpP [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] 77ORF015 [Staphylococcus fago 77]	YP_00124738 1 NP_958605.1	1e-139 (245/245) 1e-138 (243/245)	Cip proteasa	subunidad Cip proteasa proteolítica dependiente de ATP	CHL000 28	3e-07

FIG. 17B

[illegible]

FIG. 17C

7	5443	5727	MTIDLLVKFKSLKIDH NSEDEYLKOLLKMSYE RIKNCQGVFELENIGQ ELIURARYAYQDLLEHF NDNYRPEIDFSLSLME VSEDEESV (SEQ ID NO: 623)	94	Proteína hipotética SA1772 [Staphylococcus fago phN315]	NP_835556.1	2e-46 (94/94)		No se han detectado dominios conservados putativos
8	5711	6073	MKVFRKPRITTKRLNT RVHFYKYTEINGPEAG EKEEKLLYSWASIDG VWLRELEQAISNGTON DNLYIRDPOQGYLPSE EHYLEIESRYFNRLNI KOVSPDLNDKDFMIRG GYSS (SEQ ID NO: 624)	120	Proteína hipotética SA1771 [Staphylococcus fago phN315]	NP_835559.1	2e-65 (120/120)	adaptador de cabeza-cola	No se han detectado dominios conservados putativos
					adaptador de cabeza-cola de fago, putativo [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_00124737 7.1	2e-65 (120/120)		
9	6070	6477	MSVKVTCGDKALERELE KHFGIKEMVKVQDKALI AGAKVIVEIKKQIKPS EDSGALUSEIGRTEPEW IKGRITVTIRWRGPFR FRVHLNENGHVEKKSQ KFKPKAMGGINRAIRQ GONKYFETLKRELKNC D (SEQ ID NO: 626)	135	77ORF029 [Staphylococcus fago 77]	NP_958610.1	4e-63 (132/134)		No se han detectado dominios conservados putativos
10	6470	6886	VIDLYKVHEVISQDRIR EHVNINNIKFNKYPNVK DTDVPFVIDDDIPT TYTDGDECAYSYVQID VFVKYNDENYNAIRNKI SNRICKLLWSELKMG VSNKGPEYEEFKTYRS SRVYEGIFYKEEKWQ (SEQ ID NO: 626)	138	Proteína hipotética SA1769 [Staphylococcus fago phN315]	NP_835561.1	2e-70 (133/134)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 17D

11a	6877	7206	MAIKHASAPKAYFNITG LGFAKLTKEGAEKLYSD ITKTRGLQKIVLNWWR1 KNKLMAMVQVSNQGT QTEKVKERYKCMLSLK RFANLFLMKIMKMAF TKRNKVNKTIT (SEQ ID NO: 627)	109	proteína de cola principal de fago de familia phi13 [Staphylococcus aureus phN315]	YP_00124737 4.1	6e-16 (44/44)	proteína de cola principal	No se han detectado dominios conservados putativos
11b	7104	7520	MHAFPEIRKIVFNEDY DEGVYEEKQKQKQIN YVAVWFRQERRDGT RTVLLPKQMFNPKDG ETAEKQWDFSSVEEG EALFLVDNRKSVRYI FDSANMTNHDGDEK GEEAFKRLGEEYTG VTEGNEETL (SEQ ID NO: 628)	138	Proteína hipotética SA1768 [Staphylococcus fago phN315]	NP_835562.1	7e-78 (138/138)		No se han detectado dominios conservados putativos
12	7616	7786	LKYTTDQTNV/SINSDG QVTAEAQGIATVKATV GNMSDITINVEA (SEQ ID NO: 629)	46	Proteína hipotética NM3_gp49 [Staphylococcus aureus fago phN315]	YP_908828.1	1e-16 (45/46)		No se han detectado dominios conservados putativos
13	7836	8186	MAKLKRNILQVEDPKA NEIKLOTYLTPIHSEFI VYEAMLDIDIEDENST MKPREADRLMDWVVKI YDNQFTVNDLNERMHA PUGMNAIREQVIFITQG QQTEETRNHQNIMK (SEQ ID NO: 630)	116	Proteína hipotética SA1767 [Staphylococcus fago phN315]	NP_835563.1	2e-81 (116/116)		No se han detectado dominios conservados putativos
14	8213	8374	MLKNMDTLMDLIENG KDANEVLKMPFHYVLSI YQAKNDYSEKAEALI DAF (SEQ ID NO: 631)	53	77DRF100 [Staphylococcus fago 77]	NP_958614.1	3e-22 (53/53)		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 17E

[illegible]

FIG. 17F

GIVMILKGTVOLJWNLIQ	LWFVKGILGWRYFGG	LLKGLISGWGVKIGIFT	KSLSAIWNA7KSIFGL	YNSVKSIFTNMKNWLS	STWNKISNTVQKAHS	LFTGVRSKFTSLWNAT	KDIFTKLBNWMSNIWN	SIKONTVGIAGRLWDRV	RNIFGSMRDGLKSHISK	KDHIGGWDVAVKRGLN	KUEGJNWVGKLGMD	KIPKLIHTGTEHTHTTR	LVKNGKIARDTFAIVGD	KGRNGPNCFRNEMIE	FPNGKRVTPTNTDTTAY	LPKGSKYVNGAQTYSM	LNGTLPRPHFGTTMVK	DIKSSASSAFNWTQDQI	GKGTIVMLGDKVGDVM	DFIDNPGKLLNYLKAFF	GVDFSLLTKGMGIVGDI	TKASWNKKSAINWIK	EGLESOAGDGSVEDSF	RILOPYSAAPPKPNPNY	PFNGGVHIGVDYDPTPT	GTPIRTPMGGRVRSWY	DNYGGGHAITVQKORT	FLWFMHLSQLRRTGE	QIKAGQLIGKSGNTGS	MTNYPRLHFQVNOGG	ESNRYSTDPIPWLRKN	DKTGGKNSPFGGSOSE	NARRAIRTAQNLGGQY	KASWITHEMMRVARRE	SNYTANAVUNWDSNA	RAGTSPSRGMFQMDPS	FRAYAKSGYNNPLNPT	HQASAMRYIVGKWVP	RTGSWRAAFKRAGDY	AYATGCKVYNGLYHLG	EEGYPEWVPTDPARK	NEAMK34HYAAA4EVRG
--------------------	-----------------	-------------------	------------------	------------------	-----------------	------------------	------------------	-------------------	-------------------	------------------	----------------	-------------------	-------------------	-----------------	-------------------	------------------	------------------	-------------------	------------------	-------------------	-------------------	-----------------	------------------	-------------------	-------------------	------------------	------------------	-----------------	------------------	-----------------	------------------	------------------	------------------	------------------	-----------------	------------------	------------------	-----------------	-----------------	------------------	-----------------	-------------------

FIG. 17C

16	13144	14328	RKASKNKRPSQLSISVN GFDDPSLLKMKIEQQQ QQIALLKIAQSNQVIAD KQYQPIDEYAFDKKYN ASIEKRERQESTKVKFR KGGIAQ (SEQ ID NO: 632) VVRNDYLSHNGFKTHD DVLNELVKFPNYEEQV KLOPKSKDWYWNAYF EGPIKLHKEFAIPVKFTI KVLITDPYKYSVTGYK NTAISDCVSVVNSGTA DTPLIVEARAIKPSYF MITKNDYFMVGDDE VTKEVKDYMPVYHSE FRDFKGWTKMITEDIPS NDLGGKVGGDFVSNL GEGYKATNFPDAKGW VGAGTKRGLPKAMTDF QITYKQIVEQKGGKAGR TAQHIYDSQKLLASIG YENKYHDKRGHIVTL YNGKGDPKKYDYONK PIMYNLDRIVVYMLRR VGNKFSIKTWKEDHIKD PDRKPDMDKEKWD GGKFYQRPASHIAYSAK YNGYKVMEMNGLOSF NTELPKPKGARDVIQK GDLVKIDMQAKSSCHQ (SEQ ID NO: 633)	394	proteína similar a ORF004 phi77, componente de cola de fago putativo [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300] YP_494580.1 0.0 (389/390)	Proteína hipotética SA1755 (Staphylococcus fago phiN315) NP_835565.1 0.0 (388/390)	componente de cola	No se han detectado dominios conservados putativos			
----	-------	-------	--	-----	---	--	-----------------------	---	--	--	--

FIG. 17H

17a	14474	15565	VFVLDNFNDKIDFLSTD DPSLVRAIRKRWNDN SEMELLEISSRAEKFR ERHVRIRDSNKKQWRE FIHWVODTMDGYTEIE QIASYLADITTAAPYAP GKFEKTTSEALADYLS DTGWEVSEOTRYEVLK RTTSWTSYOTRYEVLK QLCTYAMVLDYIELS SNTYKGRYVYVLRKNS LFKQKEIEYKGLVGLT RKIDMSEIKTALVAGPE NDKGRLELVVTDDEA OSOFNLPTRYWGIYEP OSDDQNMNTRLRLSLA KTELNRKRSVAMSYEIT STDLEVTYPHERSIGDT VRVKHRDFNPFLYVEA EVIAGEEYNISENSTYTF GQPKERKESELREEFN KRLNIHTKVKR (SEQ ID NO: 634)	363	proteína similar a ORF 20 y 21 phi Pfl (Staphylococcus aureus subsp. aureus Mc50)	NP_372477.1	0.0 (357/361)	proteína estructural menor	No se han detectado dominios conservados putativos	proteína TolA y proteína de segregación de cromosoma	p1am065 19 y PRK011 56	9e-05 y 6e-04
17b	15675	19280	MLWYDTSNPDVAVLRR YWGGRWIEATPNDVEK LGGITREKALFSELNIF INLSQHASLSEATELL NSEYLVNDLKDQLQA SLDAVIDVYNOIKNLE SMTPETATIGRLVDTQA LFLEYRKQLQDVYTDVE DVKMAISDRFKLLQSQ YTDEKYKEALEHATKFG LTVNEDIQLVGEPNVV KSAIEAARESTKEQLRD YVKTSDYKTDKDGIVER LDTAEARTTLKGEIKD KVTILNEYRNGLEEQKQ YTDQLSDLNNPEIKA SIEQANQEAQALKSYI	861	77ORF002 (Staphylococcus fago 77)	NP_958617.1	0.0 (859/861)	proteína estructural menor	No se han detectado dominios conservados putativos	proteína TolA y proteína de segregación de cromosoma	p1am065 19 y PRK011 56	9e-05 y 6e-04

FIG. 17I

18	18250	18402	DAQIDLKEKESQAYAD GKISEEQRAIQDAQAK LEEAKQNAELKARNAE KKANAYTDNKKRESTD AOKIKLTRYGSOIQONG KEIKLRTKEEFNA7NR TILNMLNEIQNVTDGT TRYDONGVAQALNVG PRGRLNACKIDINGNR EINLLQNMIRKVDKTDI VNSLNLSREGLDINVR IGIKGGNNRYVQIQND SIELGGIVORTWRGKR STDDIFRLKDGHLRFR NNTAGGSLYNSHFGIS TYIDGEGEDGGSGTI QWWDKTYSDSGMNGI TINSYGGWALTSDNN RVVLESYASSNIKSQA PVLYPNTQKVPGLNR FAFTLSNADNAYSSDG YIMFGSDENYDYGAGI RFSKERNKGLQIVNG RYATGGDTTIEAGYK FNMLKRRDGNRYHIQS TDLLSVGSDDAGDRIAS NSIYRRTYSAAANLHIT SAGTIGRSTSAKYKLS IENQYNDRDEQLEHSEI AILNLPRTWFDKAESEI LARELREDRKLSEDTY KLDRYVGLJAEVEENLG LKEFTYDDKGEIEGIA YORLWIHLUPVIREQQL RIKKLEESKNAG (SEQ ID NO: 635)	50	Proteína hipotética phIPV83p56 [Staphylococcus profago phIPV83]	NP_061644.1	2e-20 (50/50)	No se han detectado dominios conservados putativos
			MQDNKQGLQANPEYTH HYLSCQIMPLTQENAM LKAYIQENKENCQCAE EE (SEQ ID NO: 636)					

FIG. 17J

19	18449	18670	MAKEIINTEIFILVQID KEGTERVYQDFGSGF TTSEMVNHAQDFKSEE NAKKIAETLNLYQLTN KKQRYK (SEQ ID NO: 637)	73	Proteína hipotética pVL_21 [Staphylococcus fago pVL]	NP_058480.1	4e-35 (73/73)		No se han detectado dominios conservados putativos
20	18793	19089	LGWFKKHEHEWRIRRL EENDKTMSTLNEIKLG OKTQEQVNIKDKTLDA KOKEREDEKKNKENDK NIRDMMWVVLGLVGTI FGSLIALLERMLMGI (SEQ ID NO: 638)	98	homólogo de ORF 17 phi PVL [Staphylococcus profago phiPV83]	NP_051646.1	9e-46 (97/98)		No se han detectado dominios conservados putativos
21	19281	19415	MVALLKSLERRRLMTI STMLOGLFLIALGLVI KLIELSNKK (SEQ ID NO: 639)	44	Proteína hipotética SAP2042 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MRSA252]	YP_041413.1	8e-15 (44/44)		No se han detectado dominios conservados putativos
22	19627	19881	MINWKIRMKQKSFWA ILSAIFLFAQNIKAIGYD IQVYTEQLTDGLNAILG FLVLTVGIQDPTTKGIG DSHOALEYEPRRY (SEQ ID NO: 640)	84	ORF087 [Staphylococcus fago 42E] proteína similar a holin [Staphylococcus aureus subsp. aureus Mu50]	YP_239662.1 NP_372470.1	4e-14 (43/44) 2e-42 (84/84)	Fago holin _1 beckerifago holin	1e-32 pfam045 31
23	19893	20648	MKTYSEARARLRWYQ GRYDFDGYGYQCA CLAVDYIYWLEIRMW GNAKDAINDFKNMAT VYENTPSPVPGSDVAV FTKGIYKQYGHGLVEN GGTNQFJILEQNYDG NANTPAKLWQNYG CTHFRPKYKSEGLMN KITNKVPPPAOKAVGKS ASKITVGSKAPYKLKW	251	holin [Staphylococcus profago phiPV83] amidasa [Staphylococcus fago phi13]	NP_061647.1 NP_803402.1	8e-42 (83/84) 2e-146 (251/251)	CHAP endolisina	dominio CHAP 1e-17 pfam052 57

FIG. 17K

24	20839	21330	SKGAYFNAKIDGLGATSGATRYGDNRTNYRFDVVGQAYVAPGTLNVFEIDGWCRYYNNHNEWIWHERLVKEVF (SEQ ID NO: 641)	163	Precursor de estafiloquinasa [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908850.1	9e-68 (162/163)	Estafiloquinasa	Familia Estafiloquinasa/Estreptoquinasa	pfam02821	3e-18
25	22020	22316	VPAGYTLDKANNVPYKKEGYYTVANVKGNNVRDGYSTNSRITGVLPNNATIKYDGAICNGYRWITIAWNGRCYATGEVDKAGNRISSEFGNFSA (SEQ ID NO: 643)	98	amidasa truncada [Staphylococcus aureus subsp. aureus Mu3] peptidoglucano hidrolasa [Staphylococcus fago phi 12]	YP_001442511 B.1 NP_803355.1	5e-49 (97/96) 4e-47 (93/98)	Remanente de hidrolasa de pared celular	Dominio SH3 bacteriano	pfam08460	7e-05
26	22826	23176	MKIKSILAGTLAVLASPLVTNLDKNEAQAQSTSLPTSNEYQNEKLANELKSLIDELNVNELATGSLNTYYKRTIKISGQKAAVYALSKSDPKKMKSEAKYQLOKIYNEIDEALKSKY (SEQ ID NO: 644)	116	Proteína hipotética SAV1942 [Staphylococcus aureus subsp. aureus Mu50] inhibidor del complemento estafilocócico [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	NP_372466.1 YP_908853.1	1e-58 (116/116) 1e-58 (116/116)	Inhibidor del complemento estafilocócico	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 17L

27	25470	24430	MKTRCYDGGKKVQYEF KYECKRYRKKGFRTRK EANSAGLDKLNELRSG FNIDNVITLEEFENWIK TYKQPVAKENTYRHYR NALQHQKHGKGMELS KINQVYQKFINDSKE HAKETIRKTNGAIRSAL DDALYDGLFKNPAYKV NYKAGKPTKSEQEKFS VTEYEILKDHVRKRTIR SSLALFIMCTGCRVSG ARNIKIEHNOVKNTIFD ERKTDTSPIYSIAKSD MKHMDVISTFAISYDG YIFKEAGSINKLHAINNAL KSACRVNIPITSHALR HTHC SYLLAKGVSIHYI SKRLGHKNIAITTSVYS HLEENFNEEDKKOLKF RKYVI (SEQ ID NO: 645)	346	proteína de la familia fago integrasa [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300_ICh15:6]	YP_02761075. 1	0.0 (338/341)	integrasa	fago phiC3 e integrasas relacionadas con fagos	cd01189	1e-34
					integrasa [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908790.1	0.0 (335/341)				
28	26416	25661	LNGGESVSEKNGEMM THNIEKRNKLTSGNP KFKKLDSDIHYLLKRF GERNHKGFPYKFKQGE WFYDFGKVNKEFSNS HFAVMNKNDSNTEDIV NVIRLSSKENKKYLKVN FDLKWEYLLRFLNLIS AQNNKSAIKKEVDFKKYQ KNNTFETKDYFSEFISD SLEIKLNKIDRNINNI VSAIDKVKKLGNSYAC INSFQPSKFRIRKVLPO KIKNPVIDSSDIMLINRI NNILQIPDIR (SEQ ID NO: 646)	251	Proteína hipotética SauJH9_2059 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_00124741 8.1	1e-134 (244/245)				No se han detectado dominios conservados putativos
					77ORF017 [Staphylococcus fago 77]	NP_958624.1	1e-123 (236/237)				

FIG. 17M

29	26634	26452	MKITNCKKKKTIVYEVL TSGNQPTTYELPKDLS SHNARKYLEFISQKIDG DKLTKEDSL (SEQ ID NO: 647)	60	Proteína hipotética phi12p03 [Staphylococcus fago phi12]	NP_803309.1	3e-27 (60/60)	No se han detectado dominios conservados putativos		
30	26890	26705	MSTYKEIEHLHINTGGK ELTQEDIEEAKAFIDSQ EFKDMIREAKESHQHV MESKITDRTKL (SEQ ID NO: 648)	61	Proteína hipotética SauriH9_2057 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] Proteína hipotética phiPV63p04 [Staphylococcus profago phiPV63]	YP_00124741 6.1 NP_061594.1	4e-27 (61/61) 1e-25 (58/61)	No se han detectado dominios conservados putativos		
31	27033	26887	MDRKEVDNIEEWEMV EIPFYTEELTYRLNG LPTKSELEEQESKK (SEQ ID NO: 649)	48	Proteína hipotética SauriH9_2056 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] Proteína hipotética phiETA_05 [Staphylococcus fago phiETA]	YP_00124741 5.1 NP_510699.1	9e-19 (48/48) 1e-17 (46/48)	No se han detectado dominios conservados putativos		
32	27961	27107	MKPRKQDERILSDQYS YFPIISDSQIRFDENK RRMGSFISHEEICFRK EEDYIFKISLSEVIDYNT VVTWKNQAFLLNDN RKLTIVYFVTSNPLTGI SLKTYMQLSKNKETIIS NDCLPNDDEQTKVEIF DVWGLNVEGRRIKELKK LKKMKNDQFFLYSD LKGNELKEELLYEDKVY EISDYEIPGVFLOKEP DNPYDENAKVMISNEY SEFHVGVPREYASRL VNHMDNVSCNAYNG GKYKTIIDYLEEKIVTKE	284	HIRAN [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] proteína de fago [Streptococcus phage 10750.3] helicasa de la familia SNF2, putativa [Aspergillus fumigatus A1163]	YP_00124741 4.1 YP_602821.1 EDP51408.1	3e-162 (284/284) 0.005 (45/151) 0.0004 (22/46)	Proteína de unión a ADN, helicasa putativa	Dominio HIRAN pfam087 97	6e-11

FIG. 17N

33	28589	27973	238	repressor de fago putativo [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_00124741 3.1	8e-135 (238/238)	repressor similar a cl	proteínas similares a la familia XRE Hélice-giro- hélice	cd00093	9e-10
34	28583	29095	80	Proteína hipotética SauJH9_2053 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] repressor similar a cro putativo [Staphylococcus fago phiPVL103]	YP_00124741 52.1	1e-40 (80/80)	repressor similar a cro	proteínas similares a la familia XRE Hélice-giro- hélice	cd00093	0.006
35a	29108	29236	42	77ORF023 [Staphylococcus fago 77]	NP_959630.1	2e-10 (34/38)	No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos		
35b	29178	29555	125	77ORF023 [Staphylococcus fago 77]	NP_959630.1	1e-28 (64/115)	No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 170

[illegible]

FIG. 17P

39b	31011	31148	MFKILNDIKTSLKNHPW GWKEHLFVLLMLTSL VALIFGVLSAL (SEQ ID NO: 659)	45	regulador transcripcional [Staphylococcus fago phiPVL108]	YP_318399.1	2e-17 (44/45)		No se han detectado dominios conservados putativos
40	31215	31544	MIEMPHVNLVTPPET HYLTQDEYEELJAYSID PVWNMSDLKKLKIAS DETIKDRLLFHPREFEKE LRAQGVHYYPDENFNR WRFNARKMKFVDEH FNEIYKERIK (SEQ ID NO: 660)	108	ORF045 [Staphylococcus fago 69]	YP_239809.1	7e-55 (104/106)	Domnio de función desconocida (DUF771)	1e-32 pfam055 95
41	31541	31702	MSKTKSYLLAVLCFTV LAVLMPFLYFTAVNSIA GFASIAITFYREYFEE (SEQ ID NO: 661)	53	similar a ORF38 de fago phi PVL [Staphylococcus fago phiETA]	NP_510908.1	2e-21 (53/53)	Proteína de función desconocida (DUF1270)	2e-10 pfam089 00
42	31797	32057	MYKIGDVCCQKVRVD GFDFKLVAKQDYSILV WVLDLEDRFDSINITDE NDLYTALDILNQSIEWII EENTDERDRLLNLVMR W (SEQ ID NO: 662)	86	proteína similar a orf 39 phi PVL [Staphylococcus fago phi13]	NP_803365.1	8e-41 (85/86)	Proteína de función desconocida (DUF1106)	1e-33 pfam065 31
43	32066	32329	MVGSIMRDTERNILNIF KTLFDEYTLNCRALLE IERNHGYLSINFLHYH DSYKTNKKLVQIHEINP DSHERIKNLIEVLRGHR KIKKGA (SEQ ID NO: 663)	92	Proteína hipotética NM5_gel8 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908807.1	3e-46 (92/92)	No se han detectado dominios conservados putativos	

FIG. 17Q

44	32332	34281	MEIKNKLITISFAGIKE ESFNFGKDAKIYGN ATGKTTTATALLF DKGLDSTKSENPVPL NEKNEENYELPTVFAE FEIDGKITTFKKESHPIK YTINQKTRKEYSRRT KKQYINDESIIKVKDYKA RIDELIDEDVFKLTNPQ AFNLLDWKKRRSLFEL AKPINDEDVKTNDQFK ELNLLGDHEIETKKIL TDKIKQINKDKIPRIN QTOONKODVPEFOND RYAIKQIEQLENERDI QNGKEEINLRNQLADK QSELKRIEDNNSASNE NKIHALTNELHVENGT ANLKTRLKONKQOITHE ENRRNQLENHKGKLS OLEKAKNQKFEYLDON VSCCGGQQLPAEQVSE VREKALQKFNANKSKE LETIOTSINHISEGKIK PIEKLEDNNLQIKIN EAEERSARIQNKINKLK TTHVDVTQTDEYKAVM LEINEINQKRSNIRKTIQ DKVSGIDDKISELTQEK SEIEYSISIEKSNKRLDD VISELRNEEDRLDEKE KYSHDLYLKEFTTKV KMLTENINNEFDIAEFK LFNTLVNGELEETCSTT VNGVEYDSGLNNASRI NVGLDIINTLSKHKVTA PIFIDNAESVTELKTES QQQLVNEQDKLRME TI (SEQ ID NO: 664)	649	Proteína hipotética SA1795 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_635534.1	0,0 (639/647)	SMC_N, Dominio N terminal Ref: RecN SMC	pfam024 63	5e-06
----	-------	-------	--	-----	--	-------------	---------------	---	---------------	-------

FIG. 17R

45	34283	35203	MTENKIKLOTIEQQLVQ EKWSDNVLNKRVRLE SQNLELPNDYSPSNA MKOAWLOSDQNKLS ONDTSKANALLDMVTQ GLNPAKNCQYFPYGN KMOLQRSYHGNVMMIL KRDAGAQDVVAQVIYK GDTFKQEMGETGRIKAI KHEQDFENIDKENICA YCTVFNDRDNYIEVM TIEQIKQAWMQSSMKND EKALONSKTHNRFKEE MAKTVINRAAKRYINT STOSNLFYAGESEQR QRKEVLDAAVEENANQ EQLDIEQPVLEEAQYT ELENDKPIDVSDFEIK EPATEKESEEEPF (SEQ ID NO: 665)	306	Proteína hipotética PVL_43 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058482.1	1e-179 (306/306)	recombinasa	Familia RepT	pfam038 37	9e-45
46	35548	35901	VAFELQSTLGYKVALYVT DTKLYKYFNGTHMMIL EYNYIYEQMQENIKNG SVHSTLANRIMESHFSL EHAIGMLKANDLTRLEE IHLHLSSQNSNAKYKS EQKVTGAPVYFGL (SEQ ID NO: 666)	117	proteína similar a ORF044 phPVL [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300] Proteína hipotética NM3_gp21 [Staphylococcus aureus fago phNM3]	YP_494610.1 YP_908810.1	4e-62 (117/117) 3e-61 (116/117)	Domnio parcial de metaló- beta- lactamasa	PhnP, hidrolasas dependientes de metales de la superfamilia beta- lactamasa	COG123 5	1e-05
47	35902	36372	MLNRTILVGRILTRDPEL RTTQSGVNVASFILAV NRTFTNAQGEREADFI NIYFKKQAEANAKVLS KGSAGVDGRLQIRNY ENKRGQRVYVTEVIAD SIOFLEPKNSNDTQOIL YQQVQQTTRGQSQYS NNKPVKCNPFANANGP IELNDIDLPE (SEQ ID NO: 667)	156	proteína de unión a ADN monocatenario [Staphylococcus aureus subsp. aureus M350] proteína de unión a ADN monocatenario [Staphylococcus fago phNM31b]	NP_372507.1 NP_835537.1	3e-85 (156/156) 8e-84 (153/156)	proteína de unión a ADNs	proteína de unión a ADN monocatenario	PRK087 51	5e-41

FIG. 17S

48	36402	37295	MTGWSIDRSIQNHWF KEKRTFSKFEAWYLLM EANHSEAKVPIGNQVT VERGORLTSILTLSDLF NWSRFKRTFLDLLES DGMLEVKTTSKYLTITV NYDFYQSEQGRNQHQ NDIKPTSKQHQSINPT SKQHTNTNNENKD NNEKNVNEKNKVTA DFFQDNGFGHTPYNLD DLNYLDSFENDSDIV TASLKIADKRNKVTVG YAKSILNTWLNANLKS EOMRAFEKQQLSKKQ NYKPFKQSKERTPKW LTDSTRETKTPEVDNL EKDREAFIKRNSKWE (SEQ ID NO: 666)	287	Proteína hipotética pvl_46 [Staphylococcus fago pvl]	NP_058485.1	8e-171 (295/297)	componente de primosoma	DnaD, componente de primosoma putativa y proteínas relacionadas	COG5393 5	te-41
49	37302	37520	MOAFDKYLLFDHGNK MFSVTPHFKDGRHLV GLKHRTFNORRWYLD YELKTLIDMEQWELGH QTSLEFYI (SEQ ID NO: 669)	72	Proteína hipotética pvl_47 [Staphylococcus fago pvl]	NP_058486.1	3e-35 (72/72)		No se han detectado dominios conservados putativos		
50	37623	37931	MPTKYTEHKKYLNQM PKLNLNALKIELEFYFT PKSWSKKRKTQAIGQ LKVTKPDIDALMKTVD ACNNYLWKDDQDAET SSKRYGIEPKIRIEE (SEQ ID NO: 670)	102	endodesoxirribonucleasa putativa RusA [Staphylococcus aureus fago phNM3]	YP_908814.1	5e-53 (102/102)	endodesoxi- ribonucleasa	Endodesoxi- ribonucleasa RusA	pfam058 66	2e-15
51	37944	38312	MARKARIVTINDKPYRF TKSEMELIESHCITAGM VSKRVKDGWELHEAM DAPECTRLSEYREKTI ERLEQARLERKLERK	122	proteína similar a ORF-955 pvl [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300]	YP_494805.1	4e-65 (122/122)		Familia similar a ORF-50 pvl	pfam077 68	9e-30

FIG. 17T

52	38316	38658	KKAEELRRKKPHLFNV PQKHPRGRYACYLME NDFFVKVK (SEQ ID NO: 671)	MTDNARKEYLNCFFGS KRYLYODNERVAHIIV ANGNYFFHGHVPGWQ GVAKTFDTAAEILEIYK QHGLEVEKOKLTFLF (SEQ ID NO: 672)	80	ORF062 [Staphylococcus fago 69]	YP_239623.1	1e-38 (75/80)	Phage conserved open reading frame 5'	pfam061 94	2e-32
53	38701	38802	MCDLKEDIGLDEAVGI MTGQVVYKYEEAQQENE (SEQ ID NO: 673)	33	Proteína hipotética phl2958pVL_gp24 [Staphylococcus fago phl2958pVL]	YP_00226799 4.1	2e-09 (32/33)	Protein of unknown function (DUF1024)	pfam062 60	2e-04	
54	38795	39331	MNNTLTIDQLQELLQIQ KEFDRIPTLNLRDSKI AYVVEFFEWFTLETF KNWKKKPGKPLDVQGLD ELADMLAFGLSJANDVG VSSEIEKAIESFSKDTE FKRMFNKDFEFAQDA VWSTROHEFEFYPDQG AIIVVIDAYNLYSIDQID AYKKMKRNI-FERQDG TADAGKGYV (SEQ ID NO: 674)	178	Proteína hipotética SAPPv1_gp31 [Staphylococcus fago phlNM]	YP_873980.1	9e-99 (177/178)	dUTPas	pfam087 61	1e-12	
55	39668	39613	VSDMLEIFLGFGVYLFY RAIFLKSRTHTINYE MLMLATIRMSITFAYK1 QKTHILIAFLVMRFMSKL KQVQGSYEE (SEQ ID NO: 675)	81	ORF063 [Staphylococcus fago 52A]	YP_240665.1	1e-37 (80/81)	No se han detectado dominios conservados putativos			
56	39810	39816	MTQYLVTTFKOSTGRK HTHTIKAKSNQRFTWVE AESKEEAERYEKQVK RDVAVKV/GOLFENREC GK (SEQ ID NO: 676)	68	similar a ORF55 de fago phl PVL [Staphylococcus fago phlETA]	NP_910923.1	1e-31 (68/68)	Proteína de función desconocida (DUF1381)	pfam071 29	4e-08	

FIG. 17D

57	38613	40199	MIKKLKNMDGDFIVGI LSLFGITALLVWALPYI VASYONKEVHOGIITD VYNKROCKEDKFVILD DKQVENSOLFRRKFD SADIQARLKVGDKVKV RTIGYRIHFLNLYNLYE VKNVDKK (SEQ ID NO: 677)	128	Proteína hipotética phiETA_36 [Staphylococcus fago phiETA]	NP_510930.1	6e-88 (128/128)		Proteína de función desconocida (DUF1523)	pfam075 03	2e-86
58	40196	40345	MIKQILRLFLAMVELG RYVTEQVYIMTANDID VEAPSDYVFAEYSE (SEQ ID NO: 678)	49	Proteína hipotética SAS062 [Staphylococcus fago phiK3'5]	NP_835548.1	4e-20 (49/49)	activador transcripcional	Activador transcripcional RintB	pfam061 16	2e-15
59	40345	40545	MMITMTVFAILLVCISL NSDRAREGALRYMND VLLDEVWIKGYNGLK EYRIELKRMNDIRK (SEQ ID NO: 679)	66	homólogo de ORF 60 phi PVL [Staphylococcus profago phiPVB3]	NP_06623.1	3e-30 (66/66)		Proteína de función desconocida (DUF1514)	pfam074 03	4e-22
60	40573	40989	MIKKEHCKLEETDHI DNYRELKIMREYELLE SHEPDVAGAGKSNLPG NPIERCARKE SDNRYN TLRNIVNGVRLIDESD EDTLELLFRFYWDQPIG CYEWEDNAHYFGTSKT SLRRNALIDRLKYIG YV (SEQ ID NO: 680)	138	Proteína hipotética SA1780 [Staphylococcus fago phiK3'5] regulador putativo RintA [Staphylococcus fago CNP482]	NP_835550.1 YP_950663.1	2e-75 (138/138) 5e-58 (138/138)	activador transcripcional	No se han detectado dominios conservados putativos		
81	41221	41520	MMTKDERIFFYKSKW QTRKRVLERDNYECQ QOKRDGKLTYYDKSR KSLVDHILSLEHPPEF AHDNLNLETLCKCHNK KEKRFINKENKWKDEK W (SEQ ID NO: 681)	99	Proteína hipotética NM3_gp37 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908826.1	1e-50 (99/99)	endonucleasa	McrA, endonucleasa de restricción [mecanismo de defensa]	COG140 5	7e-05

FIG. 17V

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas STA (n=100)					Total de cepas infectadas (%)
		+++++	+++	++	+	-	
F87s/06	$7,4 \times 10^{10}$	0	47	33	15	5	95
	$7,4 \times 10^9$	0	17	20	16	45	56
	$7,4 \times 10^7$	0	4	3	2	91	9
	$7,4 \times 10^5$	0	1	1	2	96	4
	$7,4 \times 10^3$	0	0	0	1	99	1

FIG. 18

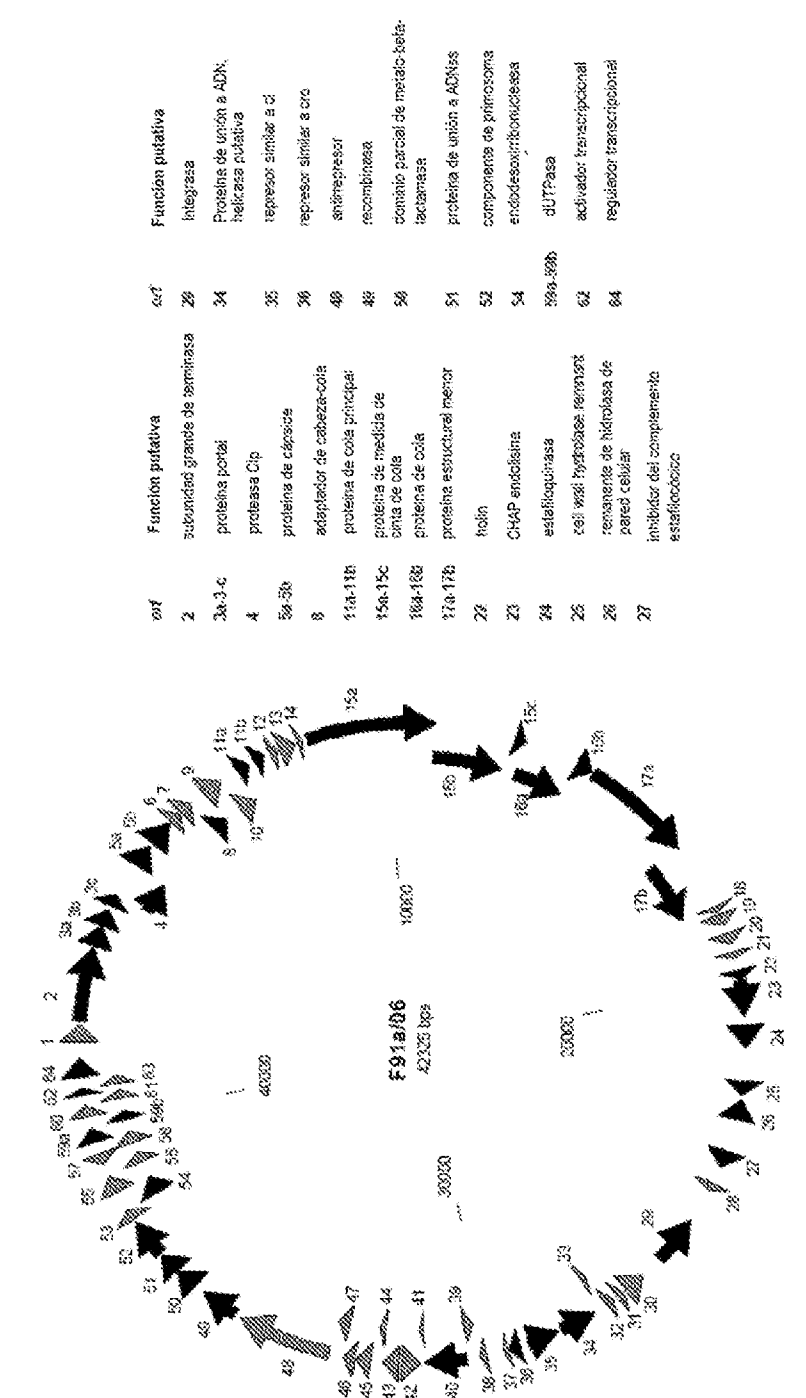


FIG. 19

orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos del producto	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados			
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E o identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E	
1	3	383	PPSYNHFKAGDEMEIVDENL VLKEKERLQVLYKQPSNKLK VVDGLIQAAARLRVMDLYMW EDKEKGQYDLFTQSEKAPPY ERERPVAKLFNARDAAAYQKI KQLSDLLPEEKEDTETPSDD YL (SEQ ID NO: 682)	126	Proteína hipotética SauJH9_2024 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247384.1	2e-86 (126/126)		No se han detectado dominios conservados putativos			
					Proteína hipotética SA1778 [Staphylococcus fago phin315]	NP_835552.1	4e-58 (114/114)					
2	456	2042	LISLIYKQHYSRDDVYFDEQ NEDCKPIEKWYFPTLPQRF IIANIFLDKNTDEAFFTEFAIF MGRGGCKNGLSASDFLSTP LHGKVEYHSIVANSEDOAKT SFDEIRTVLMDNKRKTKTKT PKAPYEVSKTEINRATRSVIR YNTSNTKDGREGGVIFD EIHVFFGPEMVNVKRGGLGK KKRRRTFYISIDGFVREGYID AMKHKIASVLSGKVKNSRLFA FYCKLDPKVEVDROQTWEK ANPMLHKPLSEYAKTLLSTIE EEYNDLPNRSNKPFRMTKR MNLPEVBLEKVIAPVKEILAT NREPNLDNQWIGGLDFANI RDFASVGLLFRKNDIYIMLG HSFVRQGLDDVYKLEPPIKE WEKMGLLTIVDDDVIEIYWD WRLKAREKYGLEKVIADNYR TDVRRRAFEDAGIKLEVLRNP KAHGLLAPRIDTMEFAKHVY GONPLMRWFTNNVAVKIKPO GNKEYKKDEVRRKTDGEMA FVHALYRADDIVDKDMISKAL	528	fago terminasa [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247383.1	0.0 (523/528)	subunidad grande de terminasa	Proteína similar a fago terminasa, subunidad grande	COG4626	3e-152	
					77ORF003 [Staphylococcus fago 77]	NP_958603.1	0.0 (517/521)					

FIG. 20A

3a	2038	2516	DALMSIDF (SEQ ID NO: 663)	152	proteína portal de fago de la familia HK37 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247382.1	3e-79 (146/148)	proteína portal	proteína portal de fago	pfam04860	1e-13
3b	2518	2904	VTHFVESLFEDYGYKIFGRMIG AQLKYNQIRGILKSASSAYDE KNIKLOAFITNKLFTFNKQK LAIAPLEGDFYEELSNQGN SNMPPFSELSMRDAIKHVAL MIGPPGLIYGETADLEKHHA C18 (SEQ ID NO: 685)	126	Proteína hipotética SA1776 [Staphylococcus phage phiN315]	NP_835554.1	7e-79 (145/148)				1e-09
3c	2975	3223	MYLKDITREIVGVNKKDPLQY AEAIDKLVSQSGSFRNEVRIM LGEPSDNPELDEVLYTKNY EKANENGSTLKGDEDESG D (SEQ ID NO: 686)	82	proteína portal de fago de la familia HK37 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247382.1	1e-40 (82/82)				4e-05
4	3207	3944	MKVEKGVVSMEDKVVYEM LGMDSTCPKQVLTGLEFSDF DVOIINSNGNLVAGSEIYTH LRAHKGKVNVRITAAASAA5 L1AMAGDHMSFVARMMHIN PSSIAQGEAKDLNHAETLEH VGGIMAEAYAVRAGNKQEL IEMMAKETWLNADAEIQGF ADSKMFENDNMQIVASDTQV LSKDVLNRVTALVSKTPEVNI DIDAIANKVIEKIMKEKESEI DVADSKLSANGFSRFLF (SEQ ID NO: 687)	245	peptidase S14, ClpP [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247381.1	1e-139 (245/245)	protease Clp	protease Clp	pfam00574	2e-34

FIG. 20B

5a	3967	4473	MTINLSETFANAKNEFINAVN NGEPQERONELYGDMINOLF EETKLOAKAEAEVSSLPKS AGTLSANQRNFFMDINKSVG YKEEKLLPEETIDRIFEDLTIN HPLLADLGKHNAGRLKFLKS ETSGVAVWYGYGEIKGQLD AAFSEETAQNKLTAFFVLTJK RFK (SEQ ID NO: 688)	168	proteína similar a Osp008 pta77, proteína de cápsula putativa [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH1]	YP_001317173.1	5e-90 (164/165)	proteína de cápsula	No se han detectado dominios conservados putativos
5b	4532	5113	VALETAFLKGTGKQDQICLNR QVQKGVSVTEGAYPEKEEQ GTLTFANPRATYNELTOVEK YHSTNEKGSVAVGNVMTV VNPSDAFEVQADYTHLNANG VYVTLPELNMIESTVQEAG KULTYKGLYDGYLAGGINV QKFKETLALQDMQLYTAKOF AYGNKNDNKVAVAVWKLKLG HKPALEGTEETL (SEQ ID NO: 689)	193	proteína similar a Osp008 pta77, proteína de cápsula putativa [Staphylococcus aureus subsp. aureus USA300]	YP_494589.1	5e-109 (193/193)		
6	5133	5360	MYKFKVYRAFKDIEHQHKY KVGELYPAEGYNNPRVELLT NQKKNYDKVYVPLDKLTKQ ELLELCESLQKRDV (SEQ ID NO: 690)	75	Proteína hipotética SA1773 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835557.1	5e-35 (73/73)		No se han detectado dominios conservados putativos
7	5396	5692	MYKMTIDILLVAFKSLEKID HNSEDEYLKQLKMSYERIK NOQGVFELENLIGQELILIR VAYQDILLEHNDNYRPEIDE SLSLMEVSEDEESV (SEQ ID NO: 691)	98	Proteína hipotética NWMN_1894 [Staphylococcus aureus subsp. aureus str. Newman]	YP_001332928.1	3e-49 (98/98)		No se han detectado dominios conservados putativos
						NP_835558.1	1e-46 (94/94)		

FIG. 20C

B	5676	6038	120	Proteína hipotética SA1771 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835559.1	2e-65 (120/120)	adaptador de cabeza-cola	No se han detectado dominios conservados putativos
				adaptador de cabeza- cola, putativo [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247377.1	2e-65 (120/120)		
9	6035	6439	134	Proteína hipotética SA1770 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835560.1	7e-71 (134/134)		No se han detectado dominios conservados putativos
10	6438	6843	135	Proteína hipotética SA1769 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835561.1	8e-71 (134/135)		No se han detectado dominios conservados putativos
11a	6844	7113	89	proteína de cola principal de fago de la familia phi13 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247374.1	2e-44 (89/89)	proteína de cola principal	No se han detectado dominios conservados putativos
				77ORF020 [Staphylococcus fago 77]	NP_858612.1	1e-43 (87/89)		
				Proteína hipotética NM3_gp48 [Staphylococcus aureus fago phiNMO]	YP_909837.1	4e-43 (86/89)		

FIG. 20D

11b	7237	7468	MFTNPKIDGETAEKDWDFSS EEVEGEALFPLVDNKKSVRK YFDSANMTNHDGDKGEGEE AFLKKILGEEYTGKAVTEGNEE TL (SEQ ID NO: 696)	83	Proteína hipotética NM3_gp48 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_908837.1	7e-41 (53/93)	No se han detectado dominios conservados putativos
12	7614	7754	LKYTTDOTNIVSINDGQVTA EAQGIATVKATVGNMSDTITI NVEA (SEQ ID NO: 697)	46	Proteína hipotética SAR2053 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MRS4252] Proteína hipotética NM3_gp49 [Staphylococcus aureus fago phiNM3]	YP_041424.1 YP_908838.1	3e-17 (46/46) 1e-16 (45/46)	No se han detectado dominios conservados putativos
13	7804	8154	MAKLRNIQLVEDPKANEIKL QTYLTPHFISFEINVEAMDLD DIEDENSTMKPREIADRLMD NVVKYDNDQFTVKDLKERMH APDGMNALREQVIFTGQQQ TEETRNFQNMK (SEQ ID NO: 698)	116	Proteína hipotética SA1767 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835563.1	2e-61 (116/116)	No se han detectado dominios conservados putativos
14	8193	8309	MLKMDTLMMDLIENGKDAN EVLKMPFHYVLSYONKNNDI S (SEQ ID NO: 699)	42	77DRF160 [Staphylococcus fago 77] proteína de medida de cinta de cola de fago de la familia TP901 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH6]	NP_958814.1 YP_001247370.1	5e-16 (42/42) 0.0 (871/872)	No se han detectado dominios conservados putativos
15a	8400	11051	MGERIKGLSIGLDLDAANLNR SFAEIKRNFKTLNSDLKLTGN NFKYTEKSTHSYKORIKELDG TITGYKKNVDDAKQYGVKS QEDGENSAEQKLRGEYK QANELNLEKELEKTTTFEE FKKAQVEAQRMAESQWGKT SKVFEISMGPKLTKMGDGLKS IGKGLMIGYTAPVLGIAAASG KAFAEVDKGLDVTYTOATGAT GGELKMLONSKVDYGNFPE DAETVGGVLGEVNTRLQFTG KELESATESFLKFSHITGSDG	883	Proteína hipotética SA1766 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_935564.1	0.0 (854/870)	Proteína de cola menor relacionada con fagos COG5280 3e-120

FIG. 20E

15b	11036	12613	VOAVQLITRAMGDAGIEADE YQSLDMVAKAAQAQSGISVD TLADSIITYGAPMRAMGFEM KESIALFSQWEKSQVNTIEAF SGLKAISNWGKAGKDPREE FKKTLAEIERTPDIASATSLAI EAFGAKAGDPLADAIKGRF SYQDEFKLTIEDSQGTYNQTFK DSESGSERFKVANIKLKLVG ADWVASIESAFAPVMEELIKK LSVAVDWFSLSDGSKRSIV FGGAAAGPVPVFGLAGFSTV GNAVTVLAPLLASIAKADGLIS FLSTKVPILGTFTALTGPQIG VLGVLAGLAVAFIAYKKSET FRNFVNGAINSVKQTFSNFIQ FIQPFIDSVKNVFKQAVSAIVD FAKDWSQINGFFNENGISIV QALQNICNFKAIFEILNFVIK PIMFAIQVMQFIWPAVKALI VSTWENIKGVQGALKNIILGFI KFFSSLFTGNWRGVWDGIV MILKGTVQLWNLQLWFVSKRI LGVRYFGGLLKGLISGIWGV IKGIPTKLSIAWNATKSIFGF LYNSVKSIFTNMKNWLSSTW NNIKSNTVGNKAHSLFTGVRS KFTSLWNATKDIFTKLNNWM SNWNSIKONTVGIAGRLMIK YVISSETCVTV (SEQ ID NO: 700) MROGLKSHIGKIKDHGGMVD AIKGLNKLIEGLNWVGGKLG MDEPRLHTGTGHTHTTIRLV KNGKIARDTEATVGDKGRGN ALNGERNEMIEFPNGRUIPT NTDTIAYLPKSGKRVYNGAQIT	526	proteína de medida de cinta de coila de fago de la familia TP301 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247370.1 0.0 (521/524)	Proteína relacionada con fagos	COG5412	7e-62
-----	-------	-------	---	-----	---	------------------------------------	--------------------------------------	---------	-------

FIG. 20F

			YSMLNGTLPRFHFQTTMWK DKSSASSAFNWTQDQCKG TKWLGDKVGDVDFMENPG KLLNYILEAFGIDFNSLTGM GACDITKAWSKIRKSATDW IKENLEAMGGGDLVGGILD DKINYHYGRTAAATAGRP FHGVDFPFVYQEVRTPMG GRLTRMPFMSGGYGNYVKIT SGVIDMLFAHLNFKSPSS GTMVKPGDVGLTGNSTGFT GPHLFEMRRNGRHFDPEP YLPNAKKKGRLSIGGGGATS GSGATYASRVIROAQSLGG RYKGVHDDQMMRVAKRES NYQSNVNNWIDINAQIGOP SRGLFQIGSTFRNAKRGYT NINPVHQGISAMQIVRRY GWGGFRAGDIAYATGGKV FDGWYNLGEDGHPHWPTD PARKK (SEQ ID NO: 701)		proteína de medida de cinta de cola de fago [Staphylococcus aureus fago phNM3]	ABF73212.1	O.C (510/524)		LT_GEWL, dominio de litotransgluco sílase (LT) y lisozima de clara de huevo de ganso (GEWL)	cd00254	1e-06
15c	12666	12930	LSNVNGFDDPSLLKMEQQ QQQALLKIAQSDNDYADKD YQPIDEYAFDKVKASIEKRE RQESTKVFRKGGGIAQ (SEQ ID NO: 702)	80	proteína de medida de cinta de cola de fago de la familia Tps01 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247370.1	5e-39 (80/80)		No se han detectado dominios conservados putativos		
					Proteína hipotética SA1766 [Staphylococcus phage phiN315]	NP_835564.1	2e-38 (79/80)				
16a	12927	14075	MIDTKVANKTIPWLYVERGF EIPSFNYVLKTENVIDGRSGS YKGRRLSYSFDIPLVVRNDY LSHNGIKTHDDVNLNLYKFFN YEEQVKLOFKSKDWYWNAY FEGPIKLHKEFAIPYKFTIKV LTDPYKYSVTGNKNTAISDQV SVNSGTADTIPLVEARAKP SSYFMITKNDEDFMVGDDDE	362	Proteína hipotética SA1765 [Staphylococcus fago phiN315] proteína de fibra de cola de fago [Staphylococcus aureus subsp.	NP_835565.1 YP_001332921.1	O.C (357/359) O.C (355/359)	proteína de fibra de cola	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 20G

16b	14054	14410	VTKEVKDYMPVPVYHSEFRDF KGWTKMITEDIPNDLGGKV GGDFVISNLGEGYKATNFPD AGGWVGAGTKRGLPKAMTD FQTYKGVCEQKGGAGRTA QHIYDSGKLLASIGYENKYH DRKIGHIVATLYNOKGDPKLI YDYQNKPMYNLDRIVVMRL RRVGNKPLILGNLITLTKQID VNLIIWMRKSG (SEQ ID NO: 703)	aureus str. Newman]	Proteína hipotética PVL_18 [Staphylococcus phage PVL]	NP_058457.1	9e-137 (239/242)		No se han detectado dominios conservados putativos		
	14054	14410	MDEKEWIDGGKFYQRPASIIA IYSARYNGYKWMEMINGLGS FNTELPKPKGARDVICKGDL VKIDMQAKSVINEEPMLSEK SFGSNYFNVDGSGYSELIOPE NVFDTTKWQDRYL (SEQ ID NO: 704)	proteína de fibra de cola de fago [Staphylococcus aureus subsp. aureus str. Newman]	Proteína hipotética PVL_18 [Staphylococcus phage PVL]	NP_058457.1	2e-63 (118/118)				
	14054	14410				YP_001332921.1	2e-63 (118/118)				
17a	14426	16798	VHVLDFNKKIDFLSTDDPSL VRAIKRNVNONSEMELLEUS SERAEKFEREHRVIRDSNKQ WREFINWQDTMDGYTEIE CIASYLADITAKPYAPGKFE KKTTSALKDVLSDTGWEVS EQTEYDGLRTTSWTSYQTRY EVLKQLCTTYKMLDFYIELS KEIEYGGDLVGLTRKIDMSEIK SNTVKGRYVVLKKNLSLFG TALIAVGPNENDKGRLELVYT DDEAQSQFNLPMRYWGVYE POSDDQNMETRLSSLAKTE LNKRKSAVMSEYETSTDEVT	proteína estructural menor de fago [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	77ORF002 [Staphylococcus phage 77]	YP_001247368.1	0.0 (787/788)	proteína estructural menor	proteína TolA	pfam06513	4e-04
	14426	16798				NP_958617.1	0.0 (784/788)				
	14426	16798				NP_803386.1	0.0 (747/752)				

FIG. 20H

YPHEISIGDTVRVKHRDNP	PLVYAEVIAEEYNIENSTY	TFCGPKEFKESELREEFNKR	LNJHOKLNDMISNINTVKDV	VDGELEYFERKHKHSOTPPEN	PVNDMLWYDTSNPDVAVLR	RYWNGRWIEATPNDVEKLG	GITREKALFSELNIFNLISQH	ASLLSEATELLNSEYLVNDL	KADLQASLDIVIDVYNDQKNN	LESMTPETATIGRLVDTQALF	LEYRKKLDVYTDVEDVKIAI	SDRFKLQSQYTDKAYKEAL	EIIATKFGLTVMEDLQLYGEF	NVYKSAIEAARESTKEQLRDY	VKTSDYKTDKDGIVERLDTAE	AERTTLGEINKDKVTLNEYRN	GLEQJKQYTDQQLSLSNRP	EIKASIEQANDCEAQEALKSYI	DAQDNLKEKESQAYADGKIS	EEEQRAIQDAQAKLEEAKON	AEIKARNAEKKANAYTDNKV	KESTDAQRRTLTRYQSQIQON	GKEIKLRTTKEEFNATNRTLSI	Y (SEQ ID NO: 705)
---------------------	---------------------	----------------------	----------------------	-----------------------	---------------------	---------------------	-----------------------	----------------------	-----------------------	-----------------------	----------------------	---------------------	-----------------------	-----------------------	-----------------------	-----------------------	---------------------	------------------------	----------------------	----------------------	----------------------	-----------------------	------------------------	--------------------

FIG. 20

17b	16767	18209	480	proteína estructural [Staphylococcus fago phi13]	NP_803398.1	0.0 (455/467)	No se han detectado dominios conservados putativos
18	18199	18351	50	Proteína hipotética phiPV83p55 [Staphylococcus profago phiPV83]	NP_061844.1	2e-20 (50/50)	No se han detectado dominios conservados putativos
19	18398	18619	73	Proteína hipotética PVL_21 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058460.1	4e-35 (73/73)	No se han detectado dominios conservados putativos
20	18608	19038	76	proteína similar a orf 17 phi PVL [Staphylococcus fago phi13]	NP_803400.1	3e-34 (76/76)	No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 20J

21	19230	19364	MVALKSLERRRLMITSTNL QFGLFLALGLVKLIELSNNK (SEQ ID NO: 710)	44	Proteína hipotética SAR2042 [Staphylococcus aureus subsp. aureus MRSA352]	YP_041413.1	8e-15 (43/44)	No se han detectado dominios conservados putativos		
22	19629	19832	LSAIFLAQNIARAIGYDIOVY TEQLTDGLNALGFLVLIGVIQ DPTTKGIGDSHQALEYEPR RKY (SEQ ID NO: 711)	67	holin [Staphylococcus aureus subsp. aureus str. JKE006]	ZP_03564466.1	9e-32 (67/67)	holin	Fago_holin_1	pfam04531
23	19844	20599	MKTYSEARARLRWYQGRYID FDGWYGYQCADLAVDYIYWL LERMWGNADAINNDFKMM ATVYENTPSFVPQIGDVAFT KGIYKQYGHGLVFNCGNTN QFLILEQNDGNANTPAKLR WDNYTGCTHFRPKYKSEGL MKITNKVKPPACKAVGKSA SKITVGSKAPYNLKWKGAY FNAKIDGLGATSATRYGDMR TNYREDVGOAVYAPGLIYVF EIIDGWCRIVWNNHNEWIWH ERLIVKEVF (SEQ ID NO: 712)	251	amidasa [Staphylococcus fago phi13]	NP_809402.1	2e-146 (251/251)	CHAP endolína	dominio CHAP	pfam05257

FIG. 20K

24	20790	21281	MLKRGLLFLVLLLLFSFSIT NEVSASSFDKGYKKGDDA SYFPTGPYLMVNTGVGDK GNELSPHYVEFKPGTTLT KEKIEYVWALDATALYKEFR VVELDPSAKIEVYYDKNKK EETKSFTEKGFVVPOLSEH KNPGFNLTIVIEKK (SEQ ID NO: 713)	163	precursor de estafiloquinasa {Staphylococcus aureus fago phNM3}	YP_905850.1	5e-66 (163/163)	precursor de estafiloquinasa	Familia de la Estafiloquinasa/ Estreptoquinasa	pfam02821	8e-18
25	21970	22266	VPAGYTLDKNNVPYKGTGY YTVANVKGNNVRDGYSTNS RITGVLPNNATIKYDGYCIN GYRWITYANSQRRYATGE VDKAGNRISSEFGKFSAV (SEQ ID NO: 714)	96	peptidoglicano hidrolasa {Staphylococcus fago phi 12}	NP_903355.1	3e-49 (96/96)	remanente de hidrolasa de pared celular	Domino SH3 bacteriano	pfam08460	1e-05
26	22810	22361	MKKLATTVLALSFLTAGIST HHSAKAFTEPEPTNEIES NKKMLEKEKAYKESFKNSSL PTTLGNLDERLRYLYKKGTV NSAQFEKAVITENKGYTV YLNTPLAEDRRKNVELLQKMY KTYFFKKGESKSYVINGPG KTNEYAY (SEQ ID NO: 715)	149	Proteína inhibidora de la quimiataxis CHIPS {Staphylococcus aureus fago phNM3}	YP_905852.1	8e-80 (149/149)	Proteína inhibidora de la quimiataxis	Proteína inhibidora de la quimiataxis CHIPS	PRK13032	1e-54
27	23495	23845	MKRSILAGTLAINLASPLVT NLKNEAQASTSLPTSNEYQ NEKLANELKSLDELNNWELA TGSILNTYYKRTIKISGQKAWY ALKSKDFKMKSEAKYQLQKYY NEIDEALKSKY (SEQ ID NO: 716)	116	inhibidor del complemento estafilocócico {Staphylococcus aureus fago phNM3}	ABF73224.1	1e-58 (116/116)	inhibidor del complemento estafilocócico	No se han detectado dominios conservados putativos		
28	24234	24389	LVNKKKFNQYVAFIFPIATK IPKKNIAPMKQKSDAELLKN EVFRVRK (SEQ ID NO: 717)	51	Proteína hipotética NM3_3p65 {Staphylococcus aureus fago phNM3}	YP_905854.1	5e-26 (50/51)		No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 20L

29	26143	25106	MKTRCYDGGKKWQVEFKYEG KRYRKKGPTKREANSAGLD KLNELRSGFNIDNYTLEETFE NWIKTYKQPVWKNENTYRHYR NALQHCKKHGKGMELSKWR QVYOKFINDYSKEHAKETIRK TNGAIRSALDADLYDGLIFKN PAYKVNYKAGKPTKSEJEKFI SVTEYELKDHVRKRTRSSL ALFMICTGCRVSGARNIKEH INQVKNTFIDERKTDITSPRYI SIKSDMKHMDVISTFAISYD GYIFKEAGSINLOAINNAKS ACRVNWPITSHALRPTHCSY LLAKGVSHIYSKRLGHKNIAI TTSVYSHLLEEFNEEDKTTT KILESM (SEQ ID NO: 718)	345	proteína de la familia fago integrasa [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247419.1	0.0 (345/345)	integrasa	fago phi.C3 e integrasas relacionadas con fagos	cd01189	1e-34
30	27088	26615	LNGGESVSENKGMTHNIE KRINKLITSGNPKFKKLDSDI HYLLKRFEGEKHKGFYKPF KQGEIVFVDFGINVKNKFSNS HFAVNMKNDSNTEDVWIP LSSKENKKYLKMNFDLKWY YLRLFLNLISAQNNISAILNEVS IKNTKKQHRHH (SEQ ID NO: 719)	157	Proteína hipotética SaurJH9_2059 [Staphylococcus aureus subsp.aureus JH9] 770RFQ17 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] fago 771	YP_001247419.1	2e-73 (137/138)		Proteína no caracterizada conservada en bacterias (DUF2234)	pfam09993	0.005
31	27309	27151	MKITNCKIKRETIVYEVLTSGN QPFTYELPKDLSSHNRKYL EFISOKIRWR (SEQ ID NO: 720)	52	Proteína hipotética SaurJH9_2058 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] Proteína hipotética phi12p03 [Staphylococcus fago phi 12]	YP_001247417.1	3e-21 (49/49)		No se han detectado dominios conservados putativos		
	27309	27151				NP_958624.1	3e-69 (130/130)				
						NP_803399.1	8e-21 (48/49)				

FIG. 20M

32	27565	27380	MSTYKEIEHLHINTGGKELTQ EQIEEAKAFIDSQEFKQIRE AKESHORVMESKITDRKL (SEQ ID NO: 721)	61	Proteína hipotética SaurJH9_2057 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247416.1	4e-27 (61/61)	No se han detectado dominios conservados putativos		
					Proteína hipotética pHIPV63p04 [Staphylococcus profago pHIPV63]	NP_061594.1	1e-25 (58/61)			
33	27708	27562	MDFKEVONIEEWVEIPFY TEEELTYRLNGLPTKSELE EDESCK (SEQ ID NO: 722)	48	Proteína hipotética SaurJH9_2056 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247415.1	9e-19 (48/48)	No se han detectado dominios conservados putativos		
					Proteína hipotética pHIETA_05 [Staphylococcus fago pHIETA]	NP_510899.1	1e-17 (46/48)			
34	28635	27856	MKPRKQDEKILSDQYSYFEPI ISDSCDKFDENKRRMGSIPI HEEICIRKEEDYFKISLSEVI DYNITVTVWKNQAPLTINDN RKLTVYFVTNSPLTGRISLKT YMOLSKNETRISNDCLPND DEQTKVEFDVGLNYEGRR KELKKLIKMKNNDDFFLYS DLKGNELKEELLYEDKYEIS DYEVIPIGVFLQKEPDNPYDE NAIKVMISNEYSEFHVGYVPR EYASRLVNHMDNIVSCNAYIN GGKYKT (SEQ ID NO: 723)	259	HIRAN [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247414.1	7e-148 (259/259)	proteína de unión a ADN, helicasa putativa	Dominio HIRAN pfam09797	7e-11
35	29361	28687	MNSFKDRLKQIMSERKISOS ELSRRTGIGRNSISDYLNKY EAKQDKYFELAKALNVAEAW LMGFQSKNRKIENNDITSYS KLTPPQSNVLKYATNQLEE	224	putative phage repressor [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9]	YP_001247413.1	4e-125 (221/221)	repressor similar a cl	Proteínas similares a peptidasa S24 LexA	cd06529 1e-15

FIG. 20N

36	29526	29768	MIYNFDYSLYERMAEYRYS QSSLANAIPSRISPHKLOGK NLFTOWEIKRICELLEIPPTKV GRVFEONVQKPVQMS (SEQ ID NO: 725)	80	Proteína hipotética SaurJH9_2053 [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH9] repressor similar a cro putativo [Staphylococcus fago phiPV1.106]	NP_510900.1	1e-99 (174/221)	cro-like repressor	proteínas similares a la familia XRE -hélice-giro- hélice	cd00093	0,006
37	29761	29894	MEQITLKEELKEIAKEVRNA IKGEKPISSGASVK (SEQ ID NO: 726)	37	Proteína hipotética phiPV3p37 [Staphylococcus profago phiPV3]	NP_561597.1	2e-10 (35/37)		No se han detectado dominios conservados putativos		
38	30241	30381	MLQFRIAKENKILKLLKH ASYCLERKNNPELLRAVAELL KKVS (SEQ ID NO: 727)	46	Proteína hipotética phiPV3p38 [Staphylococcus profago phiPV3]	NP_561598.1	1e-16 (46/48)		No se han detectado dominios conservados putativos		
39	30563	30374	MKLLVTLKDGSKKHVSLLKKI VFPYVEGIEYVTKREIEFFLD PTKTYVFGSOTLSVEAGAIL TVEFS (SEQ ID NO: 728)	69	77ORF066 [Staphylococcus fago 77]	NP_955632.1	9e-31 (69/69)		No se han detectado dominios conservados putativos		
40	30640	31500	MQALKTKSNIGEMFNQKE NGEIAISARELYNALEVKRF SAWAENLKHFKENRDTSVL TSTVYNGAVRQLEDYALTL DVAKHYAMMSGTEKGFDFR EYFIQVEKAVNSPEMMORA LKANNITNQLKTRIERDKPKI VFADAVATTKTSILVELAKII KONGINIGORRLFEWLKONG FLIKRKGVDYNNMPTQYSMER	286	antirepresor de fagos [Staphylococcus aureus subsp. aureus MWZ] antirepresor [Staphylococcus fago phiSautS-]	NP_646749.1	4e-142 (245/245)	antirepresor	ANT. dominio antirepresor de fagos o proteína KilAC	pfam03374	4e-36

FIG. 200

					jPLA86]					No se han detectado dominios conservados putativos		
41	31500	31601	MIDQRIEMITLERHPLKNNF YGLIDGKEFKLD (SEQ ID NO: 730)	33	Proteína hipotética pVL_35 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058474.1	2e-11 (33/33)					
42	31968	31588	MKLDDCVRHLLEIEFNKKI GEPLTEYRKDNVVFGRKYDF ETVARALLKEEAKYYSVKF CWEDGHIGYTINDITWSCH EFLLNRDNIHTWKEWKVAN KTTSMSVTLLSKLAFNVLTK FNLT (SEQ ID NO: 731)	126	Proteína hipotética pVL_36 [Staphylococcus fago PVL]	NP_058475.1	8e-68 (126/126)			Proteína hipotética (DUF2513)	pfam10711	2e-26
43	32023	32346	MPHILNVTPIPETHVLTKDE YEELIAYSLDPVYNMSSDKIK KLIASDETIRDRLLFHPRLEK ELRAGGVHYPOENFRWRP NARRMHKFVOEHFEINYYGG HNK (SEQ ID NO: 732)	107	Proteína hipotética SA1798 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835529.1	8e-57 (107/107)			Proteína no caracterizada conservada en bacterias {función desconocida}	COG4707	3e-37
44	32343	32504	MSKTYKSYLAVLCFTVLAV LMPFLYFTAWISAGASAIAT FIIFYKEYFYEE (SEQ ID NO: 733)	53	Proteína hipotética SAS063 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835530.1	2e-21 (53/53)			Proteína de función desconocida (DUF1270)	pfam08900	1e-10
45	32599	32901	MTKNYKDMTCEEIKDLLSEK TAELYELAKEIGESKFDLLF SSIGVIDGDYLAGSSSWIGHT FDLAYLIDSTKSYKDWMVLO MECKSQNLGIIDDKED (SEQ ID NO: 734)	100	Proteína hipotética SA1798 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835531.1	7e-49 (100/100)			Proteína hipotética de función desconocida (DUF2482)	pfam10655	3e-39

FIG. 20P

46	32906	33168	MYKTGVCRKIFNVLDGDF QLRVKKRAYSVIEVLDHEG NSIDGLLVSDENDLYTALDILK OSIYEWIENITDEQDRILNV MKW (SEQ ID NO: 735)	88	Proteína hipotética SA1797 (Staphylococcus fago phiN315)	NP_835532.1	9e-43 (86/86)		Proteína de función desconocida (DUF1108)	pfam08631	7e-35
47	33160	33438	MVGSMRDTERNILNIFKTLF DEYLSNQRALEIERNHGG YLSINFLHYHDSYKTNKLVQ IHEINPDSEHERIKNLIEVLGH RKIKKA (SEQ ID NO: 736)	92	Proteína hipotética NM3 gp18 (Staphylococcus aureus fago phiNM3)	YP_903807.1	3e-46 (92/92)		No se han detectado dominios conservados putativos		
48	33447	35390	MKIKLITISNFAKIEKEKFNQ GKDAKYGNNMATGKTTTATL OWLLFDKGLDGSSTKSNVP LNEKNEEYELIPTVFAEFED GKITTPEKESHPKYTNOKTN RKEYSRSRRTKKOYNDESIV KQYKARIDELDEDVFKLTNP QAFNLLDWKKRRSLFEAKP INDEDVKTNDQFKELNLLGD HEIETKKILTOKKQKQKQKQ IPRINQIQKQKQDVPEFQND RHTIKQKIEQLENERIDQNG AEEINRLNOLADKQSELKRIE ANNSASNEKIKHALTNELHVE NGTVANLKTRLKONKQKQITH EENRRNQLLENHKGKLSOLE KAKNQKFEYLDQNVCSOCG QQLPAEQVSEVREKALQKFN ANKSKELETQTSINRISEK KIKPIEKLEDONNLIKQKNEA EERSARQKQKINKLITHVDVT QTDEYKAVMLEINEINQKRSN IRKTIQDKVSGIDDKISLTOE KSEIEVSISIEKSNKHLDDVIS ELRNEEDKLLDEKEYSHDL YILKEFTTTKVKMLTENINNEF DIAEFKLENTLVNGELFETCS TTVNGVEYDSGLNNASRINW GLDINTLSKIFKVTAPIFIDNA ESVTELIKTESQIQQLVNEQD	647	Proteína hipotética SA1795 (Staphylococcus fago phiN315)	NP_835534.1	0.0 (647/647)		SMC_N, Dominio N terminal RecF/RecN /SMC N	pfam02463	7e-06

FIG. 20Q

49	35513	36313	KKLRMEIT (SEQ. ID NO: 737)	266	Proteína hipotética SA1794 {Staphylococcus fago phiN315}	NP_835535.1	2e-154 (266/266)	recombinasa	RacT, proteína de reparación de ADN recombinasa (zona RecE)	COG3723	6e-65
50	36526	37011	MTAGTORAMDFESHRLTIK AKQELRIGTWISILPFDIEHDA NEPVAFLLQSTILGYKLYVYTD TKYLYKFNFGITHNMLEVNYI YECMDENKNGSVHSALANR IMESHFSLEHAIGMLKANDLT RLEEIHLLHSSONSNAKYIKS EIQKVTGAPVYVGGEL (SEQ. ID NO: 739)	161	Proteína hipotética SA1793 {Staphylococcus fago phiN315}	NP_83553.1	2e-91 (161/161)	partial metallo- beta- lactamase domain	PhnP, hidrolasas dependientes de metales de la superclase : de beta- lactamasa	COG1235	1e-14
51	37012	37482	MLNRTILVGRLLTRDPELRITQ SGVNVASFLLAVNRITFTNAQ GEREADFINIVFKQAEVNV KYLKGGSLAGVDGRLOTRNY ENKEGQRVYVTEVADSIQFL EPKNSNDTQOOLYQOQYQQ TRGQSYSNRRPVKDNFFA NANGPIEDNDLPP (SEQ. ID NO: 740)	156	proteína de unión a ADN monocatenario {Staphylococcus fago phiN315}	NP_835537.1	5e-65 (156/156)	proteína de unión a ADNs	proteína de unión a ADN monocatenario	PRK06751	1e-40

FIG. 20R

52	37512	38348	MTGISIDRSIQNHWFKEK RTFSKEAFWVLLMEANHSK AAVPIGNQRTVERGQRLTSL TLDLFWWSREKVKTFDLLE SDGMLEUKTTSKYLTIVAV DFYQSEGGRNCHQNDKPTS KQHSNNINPTSKQHQTNTN NDKNDNNKNNVNEKKTTA FDFQQNGFGFTSYNLDLN YYLDSFENDSDEVTASLKA DRNKVTWGYAKSILNTWNA NLKSEQVRAFERQQLSKK QNYKPFYKQSKERTTQMAH RQHERNENAGSR (SEQ ID NO: 741)	276	Proteína hipotética SA1791 {Staphylococcus fago phiN315}	NP_835533.1	5e-150 (261/263)	componente de primosoma	DnaQ, componente de primosoma putativo y proteínas relacionadas	COG3835	6e-37
53	38413	38631	MDAFKYYLYEDHGNKMF VTPHFKDGRHLVVGKETFN GRRWYLDYELNTLIDNEQM ELGHOTSLFEYI (SEQ ID NO: 742)	72	Proteína hipotética SA1790 {Staphylococcus fago phiN315}	NP_835539.1	3e-35 (72/72)		No se han detectado dominios conservados putativos		
54	38628	39044	MRDYMEIEIKFNEVFNAPMG SPRPRFRNTGRFVQTYMPTS YTKHKAYIQGMPKLNLEA LKIELDFYPLKWSKKKKS EMVQGYKVTKPDNLKTVL DAGNGHVWKKDQXQITETSS KRYGIEPNIIRIEI (SEQ ID NO: 743)	138	Proteína hipotética SA1789 {Staphylococcus fago phiN315}	NP_835540.1	5e-74 (134/134)	endoxoxi- ribonucleasa	Endoxoxi- ribonucleasas e RusA	pfam05866	4e-22
55	39057	39428	MARARIVTINDKPYRFSKFE MELIESHGITAGMYSKRVKD GWELHEAMDAPETRLSEY REKKTIERLEQARLERKLERK RKREAELEKPKPHLNFVPOK HSRDPYWFNDTYNQMPKWW SEA (SEQ ID NO: 744)	123	Proteína hipotética SA1788 {Staphylococcus fago phiN315}	NP_835541.1	3e-66 (123/123)		familia similar a ORF-50 PVL	pfam07768	3e-34

FIG. 20S

56	39428	39685	MSVISNRKVDNNEIQNVKQ PAHYTYGDIIEIDIEQVTAQY PPQAFAGNAIKYLSRAPLK NGHDLAKAFYVQRAFGLW EQ (SEQ ID NO: 745)	85	Proteína hipotética SA1787 [Staphylococcus fago phIN315]	NP_635542.1	1e-43 (8585)		No se han detectado dominios conservados putativos
57	39935	39685	VPGWQSVKKTPTDAAELEIM KQHGLEYEEQKQLTLF (SEQ ID NO: 746)	38	Proteína hipotética SA1786 [Staphylococcus fago phIN315]	NP_635543.1	2e-13 (3737)		Marco de lectura abierto 51 conservado en pagas 2e-10 pfam06194
58	39935	40189	MEMNRRQIEQSVISASAY NGNDTEGLLKEEDVYKKAR AFDEILDGMTNAIQHSVKEGI ELDEAVGMAGQVYKYVEEQ GK (SEQ ID NO: 747)	84	Proteína hipotética SA1785 [Staphylococcus fago phIN315]	NP_635544.1	2e-39 (8282)		Proteína de función desconocida (DUF1024) 6e-26 pfam06260
59a	40186	40491	MTNTLTDQLQELQIQKPD DRIPTRNLNDTVASMIIEFAE WYNTLEFFKNKKQPGKPL DTQLDEIADYLAFLSLTLTV DEEDLEETTEVMVDLRK (SEQ ID NO: 748)	101	Proteína hipotética phIPV83p30 [Staphylococcus profago phIPV83]	NP_661819.1	5e-50 (9999)	dUTPasa	dUTPasa... 2 4e-06 pfam08761
59b	40488	40724	MKLLYNYQIEFVHMHLLT EQFYKGINDSIVQVLMPILYA NTYTTIDQLIDAYNKKMKRHH ERQDGTADAGKGYV (SEQ ID NO: 749)	78	Proteína hipotética phIPV83p30 [Staphylococcus profago phIPV83]	NP_661819.1	2e-32 (6666)		No se han detectado dominios conservados putativos
60	40761	41066	VSDMLEIFLIGFGVYLYRIAI FLKSKKTHITNIYEMLMILATIF MISTIAKKKQKTHILAFVLMF FMSKLKQVQGSYEE (SEQ ID NO: 750)	81	Proteína hipotética SauraJK_03538 [Staphylococcus aureus subsp. aureus str. JKD6008] ORF063 [Staphylococcus fago 52A]	ZP_03562520.1	1e-37 (8081)		No se han detectado dominios conservados putativos
						YP_240865.1	5e-37 (7981)		

FIG. 20T

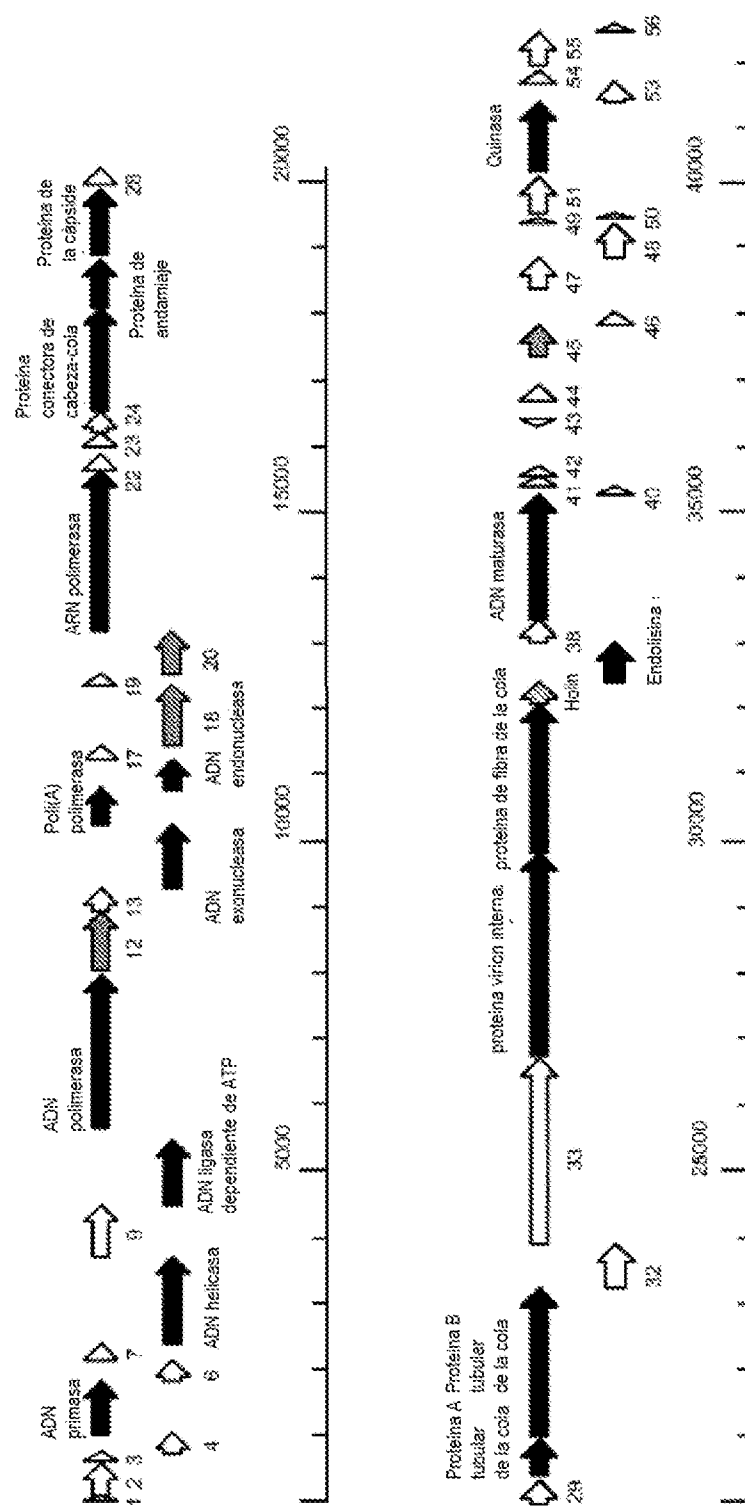
61	41003	41209	MTQYLVTTFKDSTGQPHENF TTARDNQITFTVVEAKSEEA ERKYEAQVKGAVIKLGQLF ENRECCG (SEQ ID NO: 751)	68	Proteína hipotética SA1782 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835547.1	1e-32 (60/68)	Proteína de función desconocida (DUF1381)	pfam07129	1e-11
62	41206	41355	MIKQILRLFLAMYELOKYYT EQVIMMTANDVEAPSDYV FRAEVSE (SEQ ID NO: 752)	49	Proteína hipotética SAS962 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835548.1	5e-20 (49/49)	Transcrip- cional activador RnB	pfam06116	2e-15
63	41355	41555	MMVTMTVFAILLVCISNSDH AREIQALRYMNDYLLDEVKT KGYNGLEEVRIELKRNNDIK K (SEQ ID NO: 753)	66	Proteína hipotética SA1781 [Staphylococcus fago phiN315]	NP_835549.1	2e-30 (66/66)	Proteína de función desconocida (DUF1514)	pfam07438	8e-22
64	41583	41999	MIKIEKHDIKKLEEYICHDNY RRELKMYEYELLESHEPDNA GAGKSNLPGNPERCAIKKES DNRYNTLRNVNGVDRUIDES DIEDTLERFRYWDCPIGCV EWEDIAHYFGTSKTSILRRN ALIDKLAKYIGYV (SEQ ID NO: 754)	138	Proteína hipotética SA1780 [Staphylococcus fago phiN315] regulador transcripcional de fagos de la familia RnA [Staphylococcus aureus subsp. aureus JH8]	NP_835550.1 YP_001247386.1	2e-75 (138/138) 2e-75 (138/138)	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 20U

Fago	Título (pfu/ml)	Sensibilidad de fago (%) de cepas STA (n=100)					Total de cepas infectadas (%)
		++++	+++	++	+	-	
F91a/06	5×10^6	0	42	29	14	15	85
	5×10^7	0	12	17	16	55	45
	5×10^8	0	2	0	0	98	2
	5×10^9	0	0	1	1	98	2

FIG. 21

FIG. 22



orf	Posición de partida	Posición de parada	Secuencia de aminoácidos	Tamaño (aa)	Proteínas homólogas/similares				Dominios conservados		
					Nombre[organismo]	Acc No	Valor E e identidad	Función predicha	Nombre	Acc No	Valor E
1	<1	85	GFDVTIEPIADCKYFLVDSKQ IREYRG (SEQ ID NO: 761)	27	No se encontraron similitudes significativas						
2	87	584	MLKLFIAITEQHNAANKNE LERLYGKCTSDFHSAIDQPV THITYPNGTYRIWTLDDMC RRLARANTTYRVNLRQLRG VHRLRTSFSQDNHSLKLEIV PVRSVNIFFELKLSPLETEA MOAAIKWSSPKYPTPNVFFK LWYNTAISWTKAIVNRLVRH FK (SEQ ID NO: 762)	185	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos		
3	594	767	VSKIKMNEYRGKPPYSMDOL AEDPQLERRYQRRERRHVK ERDLDRNRKROAKRNGY (SEQ ID NO: 763)	57	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos		
4	724	1035	LIDVTNAKPSETGIRIPVRIK SVKHCKVWQCLKDYGVQV PAELADELNLRNKEYCKRA WWIGINDVAVWVFGSYKIV KFAKVMTRKEYVTWROSTA LNG (SEQ ID NO: 764)	103	No se encontraron similitudes significativas						
5	1005	1823	VATHSSEWLDQAKVPVGGQ KRRVYHGAEMTPAMDVWN NEDSWSCYCHRCAGGKV YKQFLQRVNPEQPVYRYKL NTKDLITIDELYSIDKLKYKRL MKLLHDKGMSMTIAALKPM YNKVDORLVFRFKGVDIRD CTGLHGAKWLVIHSDNPSSG VYVLQGNPFYCTREPVLCE DLFSACKVRYTIGWSSILFL MGTFNKDETAHFLMSRLPVI ATDGDGAAGWAARKVIRTRQ	272	ADN primasa putativa [Pseudomonas fago LKA1]	YP_001522961 _1	4e-21 (80/264)	ADN primasa	TOPRIM_pimasas	cd0102 9	6e-04

FIG. 23A

[illegible]

FIG. 23B

9	3687	4469	260	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos
10	4466	5458	330	proteína similar a ADN ligasa dependiente de ATP {Erwinia amylovora fago Era103}	ADN ligasa dependiente de ATP Dominio de ADN ligasa dependiente de ATP
11	5632	7956	774	ADN polimerasa putativa {Pseudomonas fago LKA1}	ADN polimerasa familia A de ADN polimerasa

FIG. 23C

FIG. 23D

14	9252	10223	MMPLSHFGLDAQTLSGDS TFKPSKGDGNILYDGGGCG YQSAAGAAGQETAMRRFER DLENMFLAGCTKARVHLTP SGCFKNGRHLGAKKYQD NRSNNKPKQHLEYLRSPASV EYFKDHEIEILNRYVEADD ALMMDRYHYHNGILVSPDKD LNISPKSYKAELEGHLVLE GORYGWIDREFVLTSPQKP SSKMCKGTKEFLAQLMGD TADNVKGLKNGKLCGESA AFDALNPTDEHEAVNF (SEQ ID NO: 774)	323	ADN exonuclease putativa [Pseudomonas fago LKA1]	YP_001522873 .1	8e-58 (136/319)	ADN exonuclease	5'-3' exonuclease	cd0000 8	4e-04
15	10213	10782	MNYNELKRAEFVQILNAA GYDAHVGGAALRVQALGGTT NDIDIAVITTEKEGELLNKNV ILLDRGFNFKLGHONSQYT DSDLEFIADWQSGDINLIAYN RSVTPTVRLVNTEDLSNM FYKENGVLKNDVWLGVCVA VVLNPNRLGHNPKNLERIAR FKQEDYDHLWSPVYDKLAIE EHRINAIL (SEQ ID NO: 775)	189	pol(A) polimerasa [Pseudomonas aeruginosa PAO1]	NP_263415.1	0.001 (28/81)	Pol(A) polimerasa	ARNI nucleotidiltransferasa pol(A) polimerasa	COG06 17	8e-05
16	10789	11218	MPSSRPLORISRQILKGIMIA LYQROGKCAICGKPIDEFIT GHKANYAVDHNHETGEIRGT LHKSCNSAEGKVITNAAAGRW GCKSTDYNDVWPVWLESUNYL KTAHRNGTGMNYPQHKTPPE QQKDAANLKRKKQYAAKKA AERMNASRK (SEQ ID NO: 776)	149	ADN endonuclease putativa [Pseudomonas fago LKA1]	YP_001522874 .1	2e-32 (64/110)	ADN endonuclease	Endonuclease_7	pfam02 945	2e-10
17	11202	11420	MQVSKVVCVYAGDSTLIET HGTVEVLGFSSYDGPNSHIV EIGLDGRLLGSYSPPKRFMTV EEVTKOTOENLND (SEQ ID NO: 777)	72	No significant similarity found						

FIG. 23E

18	11413	12342	MTKRHHALKGKIDMKLWV DGKSYQQAEEVCKPYOTVY GIVQYRDQPPVQHTKRP TIFVIGDTQCKQGDILYHY VGNVILEKRPDIWVHGDIYD MASLSTYZKQQLSAEGRV AEDIKAGDKGIEIENYIARAK DYNPRKAVTLGNHEERDRF VNHPEFEGUGTDKLAFAF VGWEVYPFLTPANICGINFV HFVQNGMTGKPLGGTVMTF LKNVGSFYMGHQOQVLDHC LRYLPLSGKAQIGVI (SEQ ID NO: 778)	309	Proteína hipotética PPLUZZ4_gp44 {Pseudomonas fago LUZZ4}	YP_001671917 .1	6e-43 (96/245)	No se han detectado dominios conservados putativos
19	12339	12515	MIDGTLKLRINDKQQRVKE GSLYTAWVRDGGIDGRIFK EHRFALLITRFVEVE (SEQ ID NO: 779)	56	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos
20	12512	13165	MKIGLGLAGAGKDTSAVILQ RVLAEEQGLNFEIDRYAAPLK NAAKEVFGANFDERNVKEV DVFVDDDTMIEASFRLQRL GFTDDEKASELFFEHGFL EYLSPLRYOQLLGTVEVRAV RPSAWVDIRRRNRNIHPDA RFENEVSDCNLLITRFQNDK PKPSEHLAWDLQFTGKVL VDININNEQGTTLLEERIR SVSLINFNEVV (SEQ ID NO: 780)	217	Proteína hipotética Bps638_32660 {Burkholderia thailandensis MSM843}	ZP_02488156 .1	2e-06 (64/203)	No se han detectado dominios conservados putativos
21	13170	15599	MSLYQRQLELEEKYSTMSLV AGQQQLDAFKQGRASDVQ SGRILLAKAFASLEFVYKALL DKKITGGGKYKKLLTLASPD VLVMAVLRVAVNGCASPEPV TMOQFLRSVGRIESESMIA CMDKVSFEYTSRTVQYLOS AGTKSICHRYRTFLKGAENIN LHWQDWSSEERTGTAKILG VIYESTGLFKWKTNPHSASD SMYTLVPSEEEKHFGEVDA	809	ARN polimerasa putativa {Pseudomonas fago LKA1}	YP_001522878 .1	1e-102 (271/535)	ARN polimerasa similar a T3T7 PHAO04 52 Se- 142

FIG. 23F

22	15609	15972	AARAVVKYPPMLPPMDWQ GYNEGYYTDNFRMH (SEQ ID NO: 781)	87	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos			
23	15979	16173	MLLITLTVVLAIVYKSEKE TURECEGILVEGYTLAKAS DLKVAKWFYTLKL7GELIL VPFLTIALILFIAGATYRAIK (SEQ ID NO: 782)	64	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos			
24	16175	16463	MSVDKIPNFTEQIYWLDSIF PENTQLTTPNEYYVKLCGR QVQRIKQDTARKRNAYNRA NGG (SEQ ID NO: 783)	102	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos			
25	16494	16559	MGLGSFLKKSINSEFRGSSL YKLSDKGDMLRDYFGLNA FKDLAAGQDAQIRAMAEQN KLNTANEIQNVQFEDDVNT GGSSDQRRRNKSAGAYARA LNLNV (SEQ ID NO: 784)	521	proteína conectora de cabeza-cola putativa [Pseudomonas (ago LKA1)]	proteína conectora de cabeza- cola	4e-81 (179450)		
			MAGVPELHYSLSLFRHOYRD DSLLDRITYALWTPSVFPR DEHTFYNAKKRIEYDQSI GALLVNRILASKRLSLFPAN TSFFRDSDDPRLQIFKARK LDSVIEYENACARLPYNAS YAQLVQALRLITGECILYR VNDSMRVYSLKDYVVKRN VGEVLDRICEHKMEELDPA MKVKVGWVPADTTVKLYTRV QRLNGITSWKVTOEINGR DVGTRMYRDKLCPYIPV WNEVNGDSYGRG (SEQ ID NO: 785)						

FIG. 23G

26	18072	18815	MSVENLPEGHHPAREAAQPT PSVTPAVTPARTIQEPQV YQNIPTDTSITDITAVNFA TSAGIEASRFDAALVNALNY GDEKLIDYALTQGLKPOQA AQAKALAAASVPKDRVAREQA HIQASTQKVAVAGSAEAWK EASDAFNVSAPOHLKAIVRQ MIDMGDVENAAKFVIETARG TGMVNINGTPPIQGGTGAVQ OGLTQEQYAEALERSAG NRSFESGOVGAEFQRLRNA RILGRKQGL (SEQ ID NO: 786)	247	proteína de andamiaje putativa [Pseudomonas fago LKD16]	YP_001522823 .1	4e-05 (51/178)	proteína de andamiaje	proteína de andamiaje	PHA019 29	3e-08
27	18857	19679	MAQGTYPQNTTRDHWGGA NSDVQOHLLEDYTGNDSRFQ YTOIFGALSAGRSVADRSNT VRVDRFNTSKVGRKAGEAN ESQRTSDKLNVVECMNYI RNPIDWMDOWTAPDRLVEM SRNNGTEFAIAYDEAHRLQ KARSWVAPDHLKPAFSDGM FVPATLKLITAGVADLEANA SALVVAHGVKVEALIKRPVPL TDNATLVPTVFTETLVNHPK LINKDVVESNGDFADRRVVR VNGRNVECTTEPTAP (SEQ ID NO: 787)	340	proteína de cápside [Pseudomonas fago LKA1]	YP_001522864 .1	4e-53 (123/324)	proteína de cápside	proteína de cápside	PHA020 04	2e-62
28	19930	20178	MPOLCEAHSPALTGOALEVG DRAFEQGNTPAANDRVATL EGQVQALLALQGGQORAGA PVAPVEVVAEEVKAPAKKAT AEK (SEQ ID NO: 788)	82	No se encontraron similitudes significativas						
29	20180	20545	MQLDPIYKDFYRNAGLT EETITDLINTLDLKVHSTEAV HDTTVNTDCNVLVNGRHVV YTDGIGNAPPTAGLYLLEQT YITEVDQGEAQTATRYSTIG LPYTRRRSGVWTSWNVKG (SEQ ID NO: 789)	121	No se encontraron similitudes significativas						No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 23H

30	20646	21203	MKLLDAVNAALSYMGEHKIT RVECSNHTPTVDSVSAINRQ RAALLSTGWWFNLHLTPV ETDGRQTPARSLAYGKSTR VSMEEHLFNLDTCSVYFTE PVDVRRVDRIDFEDPEYAAQ YSLVYATAEVYSAELGVQNV VSULDGLAKDAIANLRQENL RNRYPNPRNAVRQSRVYTW FRNR (SEQ ID NO: 790)	185	proteína A: tubular de cola [Pseudomonas fago LUZ19]	YP_001671978 .1	1e-13 (50/145)	proteína A: tubular de cola	proteína A: tubular de cola	PHA004 28	1e-19
31	21212	23506	MAVREGTYKSLIQGVSOQIP QERSDQOLGSGWNLSDP VTGLRRRAGVKLHARLTNLS SSSVIRAVDILGVYFMCIDT STGTMYTYDGVLLKTYTS EYLKAVSKASIRSTVSRSSC YVNTDKVPQKVGAISSTF NPAHGGYFSIRAGAFSKQYT ITVKGWTVTKFSIMSDDGS ADQVTPAALAOQLWALVGT DPQVTVAFQVAVNDGFTVALK AKAGQNPQALSIEQDSSTYI MVSNASRVASRNDLLG (SEQ ID NO: 791)	764	proteína B: tubular de cola putativa [Pseudomonas fago LKA1]	YP_001522886 .1	7e-87 (238/792)	proteína B: tubular de cola	No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos	
32	23506	24186	MAGNFTAGVNTGMQGAQL GANFGQGVAVIGGAGFALG FQTPDYEKAREKYNSEVLK NFAKSLFDTRKYQNIENMRT AOALAAVQDNLRYOGSSYN AQYGAADMIGSSTALKQAM DFQTEAKRGSVLINWETQV DNMTSIDAMANDSMAGLR RTKGDTRQMDYAGLYKTGL DLYGQYRNTFNPNFTSTOL GINKIPDNMSDFGSYGKSGS MGFGGSGSLFG (SEQ ID NO: 792)	226	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos	No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 23I

33	24201	27068	MPTMVQSPDLTPTISREQAI DRPVEQDGLSTFLQDVLPKV KEGYDQYQKENDHYALG MNDELNOITRDVSWLDSRN YEQGEFQKVSSTQEACKK AFTDTVTRMAREGKNADEIF DAGREYLTAYTNSVNSQLS POLKNALYEAGIKENTYQKLI TKTMSAVAEEREQEDAQTR VAGLYVOTVSTGLDQDINDA LEAHVRKAYAAKAVGVDPK EAMNAQNEISATEKFWNG CIQPPSPNASEQVNNLR (SEQ ID NO: 793)	955	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos
34	27084	30212	MASKYGVGKDIRTLEAVQPD IPENIGTGKGRKLIOTLAADS YKPLGRANTADILLVPEQILQ DAKAREEASLLETVTAAVAP TARDWGNAYESYKFTPOVF YRPDADAQEFFNEYOITNOD EVAYINAAANSYEDMEFRKRR ILDRRDDQKQIADNPITGIVA SMFDIDAAAMLVPAVGEVAG AAKFGRIAQRTANASIGAGG AYAINSALEDKSTRTOTERD LDSLTFGLVGFMSPIKYPKE LDAATKEMADV (SEQ ID NO: 794)	1042	proteína virión interna putativa [Pseudomonas fago LKA1]	proteína virión interna
35	30214	32505	MANQKQSYSEYDVSTPQG DFAIGFEDYNEGEKDRINVT VGGDDAASKGYTVLRKNALY IAMTPFVPSGVRLTRETNIID TTFYKFTAGAFDAANVDANF IQVILHSQQEVRDQOSVVEG RVLPVLTGLEDAKADAEAS KAQCEAAEAAEAAQOTRS ADKVIDASGLTQQDINNPLAI TYPTAVGLVGKPNLKADAVY YVQSYSNIFDGGDGYRVSA DTTIVADGAYVIRINPLIAT MLNTTGSVDVARFG (SEQ	763	proteína de fibra de cola putativa [Pseudomonas fago PT5]	proteína de fibra de cola

FIG. 23J

36	32515	32880	MINVDQYFGLVYVWSSLDK LIMGAATAFVYVALLRTRKR DGKASWEATLGGIFATIALV GFSFIAPRLVGLAGMGITINLP VDPASAGIAGIVAGFIQWYGT ERTIEFVEDNLGGDKNG (SEQ ID NO: 796)	121	No se encontraron similitudes significativas	hdiir*	No se han detectado dominios conservados putativos
37	32873	33460	MGKFTILDITSKAEYGIET AALRAVMDVECKGHGFNSD GAPVILFERHKFYGLQAIN WITKSKENYKLYPIDICNPSW GGYGRSQQHERLRRASAL NRDVALESASWGLQVLMGE NWKDLGYKSLQDFINAMYK DEVSQLDAMCRFIKHNGLIK HICSKSWAKFARAYNGPKYA DNKYDTKLAAAYKKFGGI (SEQ ID NO: 797)	193	Proteína hipotética RPRSA1_gp14 [Ralstonia fago phRSA1] Proteína relacionada con fagos putativos (halofasa) [Ralstonia solanacearum GMI 1000]	YP_001165263 .1 NP_520052.1 2a-37 (85/189)	No se han detectado dominios conservados putativos No se han detectado dominios conservados putativos
38	33460	33816	MAKRNSASVSLMNLHAAIA SYMLARLKASIPDPNAPVEY DEETGEEIPAFPIPLAASELO VMVTFNNKKTATPOVEHM AALANEFKGDLEAARKERAE SITKVNENDAFMASLLS (SEQ ID NO: 798)	118	No se encontraron similitudes significativas		No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 23K

39	33825	35777	MGRVSRTEQTKRRLAMLE RCNRYKDNIPVAIPAEIEEL SMFAATFKGFPAEAEELGM KYLGFDLSEIQDDIAEYMQY GPAKMWQACQCAQAKSTLA ALYCWRLKQNPARTARILVSGG ERQASDVALLIIRIMQWGLC WMRPOTSKGDRTSASAFDI HYSLKIGDKSASVSCYGTAN LQGMRADEILADJIEIOTRNS MTQTEREKLLLTKEFAICIT GEIMVLTQPTKDSVYRSLP ARGYDVRVWCG (SEQ ID NO: 799)	650	ADN maturasa B putativa [Pseudomonas phage LKA1]	YP_001522892 .1	7e-140 (270/623)	ADN maturasa B	No se han detectado dominios conservados putativos
40	35774	35872	MSPFEIRRRRLDITIERANAV MIVNLKEKSK (SEQ ID NO: 800)	32	No se encontraron similitudes significativas				
41	35869	36027	MSTKREVVVQAVDNVAV KAVNANAEYKHKDKVTKGLE LAGNVQLLLKLFK (SEQ ID NO: 801)	52	No se encontraron similitudes significativas				
42	36038	36193	MDGFESTYKVG/KHTQYEE LRDLKORGETFDVIRRLD AHKSLKSLGLD (SEQ ID NO: 802)	51	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos
43	36916	36788	LYSSLSSSYSHLIVISIVIVS YCSLFMFFILYSYTCSTQ (SEQ ID NO: 803)		No se encontraron similitudes significativas				
44	37209	37427	MKTLTHIAVQCTOGATGQT GDFELVDIEHFKLTGELIADG MVFRSLYALYANTYGLPT KRLNTPIVYQS (SEQ ID NO: 804)	72	No se encontraron similitudes significativas				No se han detectado dominios conservados putativos

FIG. 23L

45	37866	38386	MKLLNVQENKKAIESIANRG KKLDHIDHIVAGSVLKHVAE HGDTTLLDKLVNAMPKGARK GAPCEWALAFGNVRMLDRS NEADKLAIEQGRILFAKDKTK EYNEVEAMAKAWYDFKREP DLTTTFDAQAQVKSLLKKYKT ALDNGAEIKGGDVAMQQLK SFMQTLNTMDEQV (SEQ ID NO: 805)	172	Proteína hipotética PPLKD16_gp03 (Pseudomonas fago LKD16)	YP_001522792 .1	Be-17 (55/144)	PHA01782 Proteína hipotética	PHAO 1782	Se-25
46	38383	38586	MKVVRNKFKAATSINYKGH YVVRNGNCTLTGAETHTEE QAAVLNLQEFKREWLGP SYSVEIV (SEQ ID NO: 806)	67	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos				
47	38912	39406	MVTDMTDTKDGQYDLGQEN LLSVAKLAMPGEYLLSAWD QFAAMDVDGLNRIPSADGLI VYLKHGLCTNIRFEISPMANH RLRGSQALDSLELLAYPQW DGYSGNSTYPVDGYEYEG YTEDGEHDAGMYHEPNLFR NPKRKELLTWLVTSLPEYIK HWSAE (SEQ ID NO: 807)	164	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos				
48	39408	39915	MLVYPKVPNPVTVTLNIGLOE SIWVGKYKKEAEHGPVQSL VDILDTPHRVARILERIQGMA YNPNQHGHGPHVAHNSYGI DYGHHVLPNVWWRVTQVGN EMITLVYKFEAVARDIGQVY LAELKQDCIAVWIHNDTNG GIGLIGRYNYVWWSGGYFNP EYFVHLEV (SEQ ID NO: 808)	169	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos				
49	39917	40021	MFKEYNYCGQCRVYINCH CPHYPERNKDDHHL (SEQ ID NO: 809)	34	No se encontraron similitudes significativas					
50	40018	40101	MKKLGLVYVYTAAYAAILVQ WLDDOK (SEQ ID NO: 810)	27	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos				

FIG. 23M

51	40101	40670	MFVLKSTHQKALDEIKSLRA QLDAAAKTKRELQERDSVR KVRDTVIKYNACLALCOOYLP EGVYRIDYGAERPSCSLRLK TSVSVYSTSVTVIRHKAAMIT NRNVTIQHEPLARTCKOAEI TARLVALEVOYNINRWVLD QIKLAQALYDVPTVCHSVT KRSVLSKQRIKRIKHELDLVK VELNNL (SEQ ID NO: 811)	189	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos		
52	40720	41838	MKYVDKSHPELQGYKQFPE NPQWFDLMSANRAVFIRE DKRYDADWDMVQHILTV SYNPHRYGEGKRHYTEFQL QGHRLGEGYCSRYTHPT NPERYKFFERYTHEDVCCY EYLRMCVQGGKLPVFDWLP VHSLACIKVLIREDKVRITY GVAVPRYDPRESDEYKQNR FVQDGINAEFRKYVHPYLP ARIDLHWGNKMWDRRLNQV VATDPVINSAPVETHVQITD WFKPEISARYSGATACSRP (SEQ ID NO: 812)	372	proteína quinasa [Enterobacteria fago T7]	YP_041959.1	0.16 (47/174)	kinase	proteína quinasa PHA0 0451	0.002
53	41822	42127	MVAVGNVIFERDLAQTMVKR MSSRLADGVRRCCMWDEHT LYFESEVSDRLSRNKNFNIIT GQRIAPYSEIKYPKVGHEHL MSDOAIAEAKILSSETRIRS (SEQ ID NO: 813)	101	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos		
54	42105	42308	VKHVHVVEVMIMLSIVVG SYRGVSATTQEFTSKERCM VAAOMALDKMGGGDSN RLTAQVPK (SEQ ID NO: 814)	87	No se encontraron similitudes significativas			No se han detectado dominios conservados putativos		

FIG. 23N

55	42382	42912	MSLAKQFNAAGIRGSKPKSD KGWTFKADKAYVRNRFENY ERVIAPIVYNNKVEQVARAIV ETPLASLNVAAGGSSLIHYDY SPOTLVRIGKLTTRKGATFSA DSNSALAILGLNGAAYLYWL GGLRINDEQQYEVTNDGEY IYATVGIILCLARDCVFNEDA VLANFQGAQRVRRAK (SEQ ID NO: 815)	176	No se encontraron similitudes significativas	No se han detectado dominios conservados putativos
56	42886	43015	VSAPNNIFHKGMRVIVTKAD RDDVRLGLHGDTIATVGVH (SEQ ID NO: 816)	39	No se encontraron similitudes significativas	

FIG. 230

Fago	Título (<i>ph</i> units)																				
Prueba de puntos F1245/5		$1,3 \times 10^6$	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++
		$1,4 \times 10^6$	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++
		$1,3 \times 10^7$	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++
		$1,4 \times 10^7$	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

FIG. 24A

[illegible]

FIG. 24B

Depas ACB (year100)																						
63305	187305	254125	7708	7826	12828	21128	23288	30948	31808	36208	41508	41608	45408	48208	49388	62028	63208	68308	68308	72508	72608	
-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	
-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	
-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	
-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	
-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	

FIG. 24C

776806	881606	833106	884406	855106	874306	875206	903806	913206	916006	950106	976006	1076606	134606	125606	121006	115006	119206	128606	151206	173106	208606	137106
+++	-	+++	+++	+++	+++	+++	-	+++	-	-	+++	+++	-	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	-	-
+++	-	+++	+++	+++	+++	+++	-	+++	-	-	+++	+++	-	+++	+++	+++	+++	+++	+++	+++	-	-
++	-	+++	+++	+++	+++	+++	-	+++	-	-	+++	+++	-	+++	+++	+	+	+++	+++	+++	-	-
-	-	++	++	+	+	+	-	+	-	-	+	++	-	+	+	-	-	++	+	+	-	-

FIG. 24D

													cepas infectadas (%)
1083/05	1127/05	692/06	538/05	1267/05	471/06	693/06	702/06	924/06	925/06	1006/06	1008/06	1215/06	
+++	+++	-	-	-	+++	+++	-	-	+++	+++	-	+++	77
+++	+++	-	-	-	++	+++	-	-	-	+++	-	+++	76
+++	+++	-	-	-	-	+++	-	-	-	+++	-	++	72
+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	69

FIG. 24E