(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 223 310**

(51) Int. Cl.:
C12Q 1/68 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Número de solicitud europea: **02740158 .7**
(96) Fecha de presentación : **04.06.2002**
(97) Número de publicación de la solicitud: **1397510**
(97) Fecha de publicación de la solicitud: **17.03.2004**

(54) Título: **Secuencias para la detección y la identificación de *Staphyloccocus aureus* resistente a la meticilina.**

(30) Prioridad: **04.06.2001 CA 2348042**

(45) Fecha de publicación de la mención BOPI:
24.03.2010

(45) Fecha de la publicación del folleto de la patente:
24.03.2010

(73) Titular/es: **GENEOHM SCIENCES CANADA Inc.**
2050, boulevard René Levesque
Ouest, 4ème étage
Sainte-Foy, QC G1V 2K8, CA

(72) Inventor/es: **Huletsky, Ann y**
Rossbach, Valery

(74) Agente: **Curell Suñol, Marcelino**

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).

Venta de fascículos: Oficina Española de Patentes y Marcas. Pº de la Castellana, 75 – 28071 Madrid

DESCRIPCIÓN

Secuencias para la detección y la identificación de *Staphyloccocus aureus* resistente a la meticilina.

Antecedentes de la invención

Significado clínico de Staphylococcus aureus

La especie *Staphylococcus aureus* positiva a la coagulasa está muy documentada como patógeno oportunista humano. Las infecciones intrahospitalarias ocasionadas por *S. aureus* son una causa principal de morbomortalidad. Algunas de las infecciones más frecuentes ocasionadas por *S. aureus* afectan a la piel, e incluyen forúnculos o diviesos, celulitis, impétigo e infecciones de heridas posoperatorias. Algunas de las infecciones más graves producidas por *S. aureus* son la bacteremia, neumonía, osteomielitis, endocarditis aguda, miocarditis, pericarditis, cerebritis, meningitis, necrólisis epidérmica tóxica y varios abscesos. El envenenamiento por alimentos mediado por enterotoxinas estafilocócicas es otro síndrome importante asociado a *S. aureus*. El síndrome del choque tóxico, una enfermedad adquirida en la comunidad, se ha atribuido también a la infección o colonización con *S. aureus* toxígeno (Murray *et al*. Eds, 1999, Manual of Clinical Microbiology, 7ª Ed., ASM Press, Washington, D.C.).

S. aureus resistente a la meticilina (MRSA) apareció en la década de 1980 como un problema clínico y epidemiológico principal en los hospitales. Los MRSA son resistentes a todas las β-lactamas incluyendo las penicilinas, cefalosporinas, carbapenemos y monobactamos, que son los antibióticos usados más frecuentemente para curar las infecciones por *S. aureus*. Las infecciones por MRSA pueden tratarse solamente con los antibióticos más tóxicos y más costosos, que son utilizados normalmente como la última línea de defensa. Como el MRSA puede propagarse fácilmente de paciente a paciente a través del personal, los hospitales en todo el mundo están haciendo frente al problema para controlar el MRSA. Por consiguiente, existe una necesidad de desarrollar pruebas rápidas y sencillas de identificación o de diagnóstico para la detección y/o identificación del MRSA destinadas a reducir su diseminación y mejorar el diagnóstico y el tratamiento de los pacientes infectados.

La resistencia a la penicilina en el *S. aureus* es única porque se debe a la adquisición del ADN procedente de otros estafilococos negativos a la coagulasa (CNS), que codifican una proteína que se une a la penicilina (PBP) resistente a β-lactama suplementaria, que adquiere las funciones biosintéticas de las PBP normales cuando la célula se expone a antibióticos con β-lactama. *S. aureus* normalmente contiene cuatro PBP, de los cuales 1, 2 y 3 PBP son esenciales. La PBP de baja afinidad en MRSA, denominada PBP 2a (o PBP 2'), está codificada por el gen *mecA* cromosómico y funciona como una transpeptidasa resistente a β-lactama. El gen *mecA* está ausente en *S. aureus* sensible a la meticilina pero está ampliamente distribuido entre otras especie de estafilococos y está muy conservado (Ubukata *et al*., 1990, *Antimicrob. Agents Chemother*. 34:170-172).

Mediante la determinación de la secuencia nucleotídica de la zona del ADN que rodea al gen *mecA* de la cepa N315 de *S. aureus* (aislada en Japón en 1982), Hiramatsu *et al*. han descubierto que el gen *mecA* es transportado por un nuevo elemento genético, denominado cromosoma *mec* de la casete estafilocócica (SCC*mec*), insertado en el cromosoma. SCC*mec* es un elemento genético móvil caracterizado por la presencia del terminal invertido y de repeticiones directas, una serie de genes de recombinasa específica para el sitio (*ccrA* y *ccrB*), y el complejo génico *mecA* (Ito *et al*., 1999, *Antimicrob. Agents Chemother*. 43:1449-1458; Katayama *et al*., 2000, *Antimicrob. Agents Chemother*. 43:1549-1555). El elemento se escinde exactamente en el cromosoma de la cepa N315 de *S. aureus* y se integra en una secuencia cromosómica específica de *S. aureus* en la misma orientación a través de la función de una única serie de genes de recombinasa que comprende *ccrA* y *ccrB*. Se descubrieron dos elementos genéticos nuevos que compartían propiedades estructurales similares de SCC*mec* clonando y secuenciando la zona del ADN que rodea al gen *mecA* de las cepas NCTC 10442 del MRSA (la primera cepa de MRSA se aisló en Inglaterra en 1961) y 85/2082 (una cepa procedente de Nueva Zelanda aislada en 1985). Las tres SCC*mec* se han denominado tipo I (NCTC 10442), tipo II (N315) y tipo III (85/2082) haciendo referencia al año de aislamiento de las cepas (Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-1336) (Figura 1). Hiramatsu *et al*. han descubierto que los ADN del SCC*mec* están integrados a un sitio específico en el cromosoma de *S. aureus* sensible a la meticilina (MSSA). En el contexto de la presente invención se caracterizaron las secuencias nucleotídicas de las zonas alrededor de los límites izquierdo y derecho del ADN de SCC*mec* (es decir *att*L y *att*R, respectivamente) así como a los de las zonas alrededor de la secuencia de integración del ADN de SCC*mec* (es decir *attBscc* que es la secuencia de acoplamiento del cromosoma bacteriano para el ADN del SCC*mec*). La secuencia *attBscc* se situó en el extremo 3' de un nuevo marco de lectura abierto (ORF), *orf*X. El *orf*X codifica potencialmente una identidad que comparte polipéptidos de 159 aminoácidos con algunos polipéptidos identificados anteriormente, pero de función desconocida (Ito *et al*., 1999, *Antimicrob. Agents Chemother*. 43:1449-1458). Recientemente, un nuevo tipo de SCC*mec* (tipo IV) se ha sido descrito tanto por Hiramatsu *et al*. (Ma *et al*, 2002, *Antimicrob. Agents Chemother*. 46:1147-1152) como por Oliveira *et al*. (Oliveira *et al*, 2001, *Microb. Drug Resist*. 7:349-360). Las secuencias del extremo derecho del nuevo SCC*mec* de tipo IV procedente de las cepas CA05 y 8/6-3P de *S. aureus* publicada por Hiramatsu *et al*. (Ma *et al*, 2002, *Antimicrob. Agents Chemother*. 46:1147-1152) fueron casi idénticos en 2000 nucleótidos a las SCC*mec* de tipo II de la cepa N315 de *S. aureus* (Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-1336). Ninguna secuencia en el extremo derecho del SCC*mec* de tipo IV está disponible de las cepas HDE288 y PL72 de *S. aureus* descritas por Oliveira *et al*. (Oliveira *et al*, 2001, *Microb. Drug Resist*. 7:349-360).

Los métodos anteriores utilizados para detectar e identificar MRSA (Saito *et al*., 1995, *J. Clin. Microbiol*. 33:2498-2500; Ubukata *et al*., 1992, *J. Clin. Microbiol*. 30:1728-1733; Murakami *et al*., 1991, *J. Clin. Microbiol*. 29:2240-2244; Hiramatsu *et al*., 1992, *Microbiol. Inmunol*. 36:445-453), que se basan en la detección del gen *mecA* y las secuencias cromosómicas específicas de *S. aureus*, encontraron dificultad en discriminar el MRSA de los estafilococos negativos a coagulasa (CNS) resistentes a la meticilina porque el gen *mecA* está ampliamente distribuido tanto en las especies de *S. aureus* como de CNS (Suzuki *et al*., 1992, *Antimicrob. Agents Chemother*. 36:429-434). Hiramatsu *et al*. (patente US nº 6.156.507) han descrito un ensayo de PCR específico para MRSA utilizando cebadores que pueden hibridarse específicamente a los extremos derechos de los 3 tipos de ADN de SCC*mec* en combinación con un cebador específico para el cromosoma de *S. aureus*, que corresponde a la secuencia nucleotídica en el lado derecho de la secuencia de integración SCC*mec*. Como las secuencias nucleotídicas que rodean la secuencia de integración SCC*mec* en otras especies estafilocócicas (tales como *S. epidermidis* y *S. haemolyticus*) son diferentes de las encontradas en *S. aureus*, este ensayo de PCR era específico para la detección del MRSA. Este ensayo de PCR suministró también información para el tipado de MREP (posición para el "polimorfismo con el extremo derecho *mec*") del ADN con SCC*mec* (Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-1336; Hiramatsu *et al*., 1996, *J. Infect. Chemother*. 2:117-129). Este procedimiento de tipado se aprovecha del polimorfismo en el extremo derecho de los ADN con SCC*mec* adyacentes a la secuencia de integración entre los tres tipos de SCC*mec*. El tipo III tiene una sola secuencia nucleotídica mientras que el tipo II tiene una inserción de 102 nucleótidos en el terminal derecho del tipo L de SCC*mec*. El método de tipado de MREP descrito por Hiramatsu *et al*. (Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-1336; Hiramatsu *et al*., 1996, *J. Infect. Chemother*. 2:117-129) define el tipo I de SCC*mec* como tipo i de MREP, tipo II de SCC*mec* como tipo ii de MREP y tipo III de SCC*mec* como tipo iii de MREP. Debe observarse que el método de tipado de MREP no puede diferenciar el nuevo SCC*mec* de tipo IV descrito por Hiramatsu *et al*. (Ma *et al*, 2002, *Antimicrob. Agents Chemother*. 46:1147-1152) del tipo II de SCC*mec* porque estos dos tipos de SCC*mec* presentan la misma secuencia nucleotídica en el extremo derecho.

El conjunto de cebadores descrito por Hiramatsu *et al*. que es la combinación óptima de cebadores (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60, respectivamente, en la presente invención) se ha utilizado en la presente invención para analizar por PCR una variedad de cepas de MRSA y de MSSA (Figura 1 y Tabla 1). Veinte de las 39 cepas de MRSA analizadas no se ampliaron por el ensayo de PCR multiplex de Hiramatsu *et al*. (Tablas 2 y 3). El método de Hiramatsu de hecho tuvo éxito en detectar menos del 50% de las 39 cepas de MRSA analizadas. Este descubrimiento demuestra que algunas cepas de MRSA tienen secuencias en el extremo derecho de la unión del extremo derecho del SCC*mec* del cromosoma diferente de las identificadas por Hiramatsu *et al*. Por consiguiente, el sistema desarrollado por Hiramatsu *et al*. no permite la detección de todas los MRSA. La presente invención se refiere a la generación de los datos de la secuencia de unión del extremo derecho del SCC*mec* del cromosoma requeridos para detectar más cepas de MRSA con objeto de mejorar el ensayo de Hiramatsu *et al*. Hay necesidad de desarrollar más cebadores y sondas omnipresentes para la detección de la mayoría de las cepas de MRSA en todo el mundo.

Sumario de la invención

Un objetivo de la presente invención consiste en proporcionar un procedimiento específico, omnipresente y sensible que utiliza sondas y/o cebadores de ampliación para determinar la presencia y/o la cantidad de ácidos nucleicos de todas las cepas de MRSA.

La ubicuidad de por lo menos el 50% entre las cepas que representan las cepas de MRSA de los tipo IV a X es un objetivo de la presente invención.

Por consiguiente, según la presente invención se proporciona un procedimiento para detectar la presencia o ausencia de una cepa de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) en una muestra que comprende

a) poner en contacto una muestra en la que ha de analizarse la presencia o ausencia de dicha cepa MRSA, incluyendo dicha cepa de MRSA un elemento mec del cromosoma del casete estafilocócico (SCC*mec*) que contiene un gen *mec*A insertado en el ADN cromosómico, generando de este modo una secuencia de tipo iv en la unión en el extremo derecho polimórfico (MREJ) que comprende secuencias tanto del extremo derecho del elemento SCC*mec* como del ADN cromosómico adjuntando dicho extremo derecho con un primer cebador y un segundo cebador,

   en el que dichos primer y segundo cebadores son por lo menos de 10 nucleótidos de longitud, y

   i) en el que dicho primer cebador se hibrida con dicho extremo derecho del elemento SCC*mec* de una secuencia de tipo iv de MREJ seleccionada de entre el grupo constituido por: SEC. ID nº 42 a nº 46 y nº 51 y los complementos de las mismas, y

   ii) en la que dicho primer cebador se hibrida con una secuencia cromosómica de *S. aureus* para generar específicamente un amplicón si dicha cepa MRSA está presente en dicha muestra; y

b) detectar la presencia o ausencia de dicho amplicón.

El procedimiento puede comprender además en la etapa b) una puesta en contacto de dicha muestra con por lo menos un primer agente de hibridación con una secuencia MREJ de tipo iv y con por lo menos un cebador que se hibrida con una secuencia específica del ADN cromosómico de *S. aureus* para generar dicho amplicón.

El procedimiento puede comprender además detectar la presencia o ausencia de por lo menos una cepa más de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) en dicha muestra, dicha por lo menos una cepa más que comprende una secuencia de ácido nucleico de tipo i, ii, iii, v, vi, vii, viii, o ix de la unión del extremo derecho de mec (MREJ), y que es resistente debido a la presencia de un elemento SCC*mec* que contiene un gen *mec*A, habiendo sido insertado dicho SCC*mec* en el ADN cromosómico, generando de este modo una unión en el extremo derecho polimórfico (MREJ), en el que dicho procedimiento comprende además poner en contacto dicha muestra con por lo menos un cebador y/o sonda, en el que dicho cebador y/o sonda es capaz de hibridarse específicamente con dicho extremo derecho del elemento SCC*mec* de por lo menos una de dichas secuencias de ácido nucleico de los tipos i, ii, iii, v, vi, vii, viii y ix de MREJ.

En una forma de realización específica, los cebadores y/o sondas se seleccionan todos para hibridarse en condiciones de hibridación comunes, y aún más específicamente, se colocan en general en el mismo recinto físico.

Para el procedimiento anterior que comprende además detectar la presencia o ausencia de por lo menos una cepa más de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) en dicha muestra, se han desarrollado por lo menos una cepa más de MRSA que comprende una secuencia de ácido nucleico de tipo i, ii, iii, v, vi, vii, viii, o ix en la unión del extremo derecho mec (MREJ), cebadores y/o sondas que tienen por lo menos una longitud de 10 nucleótidos y son capaces de hibridarse con MREJ de los tipos i a iii, definidos en cualquiera de las SEC. ID. nº 1, nº 20, nº 21, nº 22, nº 23, nº 24, nº 25, nº 41, nº 199; nº 2, nº 17, nº 18, nº 19, nº 26, nº 40, nº 173, nº 174, nº 175, nº 176, nº 177, nº 178, nº 179, nº 180, nº 181, nº 182, nº 183, nº 185, nº 186, nº 197; nº 4, nº 5, nº 6, nº 7, nº 8, nº 9, nº 10, nº 11, nº 12, nº 13, nº 14, nº 15, nº 16, nº 104, nº 184, nº 198 y con uno o más MREJ de los tipos v a ix, con las SEC. ID. nº 47, nº 48, nº 49, nº 50; nº 171; nº 165, nº 166; nº 167; nº 168. Al ser perfectamente omnipresentes con todas las MREJ secuenciadas, los cebadores y/o sondas por lo general pueden hibridarse con dichas SEC. ID. nº de los tipos de MREJ.

Se han diseñado los siguientes cebadores y/o sondas específicos que tienen las secuencias siguientes:

66, 100, 101, 105, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201,60,61,63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo i de MREJ
66, 97, 99, 100, 101, 106, 117, 118, 124, 125, 52, 53, 54, 55, 56, 57 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61 ,63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo ii de MREJ
67, 98, 102, 107, 108 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 58, 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo iii de MREJ

79, 77, 145, 147 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 68 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo iv de MREJ
65, 80, 146, 154, 155 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo v de MREJ
202, 203, 204 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo vi de MREJ
112, 113, 114, 119, 120, 121, 122 123, 150, 151, 153 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo vii de MREJ
115, 116, 187, 188, 207, 208 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo viii de MREJ
109, 148, 149, 205, 206 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76 70, 103, 130, 132, 158, 159 59, 62 126, 127 128, 129, 131, 200, 201 60, 61, 63 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164 85, 86, 87, 88, 89	para la detección del tipo ix de MREJ

Entre éstos, se utilizan los pares de siguientes cebadores que tienen las siguientes secuencias:

64/66, 64/100, 64/101; 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54 62/55, 62/56, 62/57, 63/52, 63/53 63/54, 63/55, 63/56, 63/57	para la detección del tipo i de MREJ
64/66, 64/97, 64/99, 64/100, 64/101 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56, 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55, 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54, 62/55, 62/56, 62/57, 63/52 63/53, 63/54, 63/55, 63/56, 63/57	para la detección del tipo ii de MREJ
64/67, 64/98, 64/102 ; 59/58, 60/58, 61/58, 62/58, 63/58	para la detección del tipo iii de MREJ
64/79	para la detección del tipo iv de MREJ
64/80	para la detección del tipo v de MREJ
64/204	para la detección del tipo vi de MREJ
64/112, 64/113	para la detección del tipo vii de MREJ
64/115, 64/116	para la detección del tipo viii de MREJ
64/109	para la detección del tipo ix de MREJ

También, entre éstos, se utilizan las sondas siguientes que tienen las secuencias siguientes:

SEC. ID. nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163 y nº 164.

Pueden utilizarse conjuntamente los cebadores y/o sondas que tienen las secuencias nucleotídicas siguientes. Las combinaciones preferidas hacen uso de:

i) SEC ID nº: 64, 66, 84, 163, 164 para la detección del tipo i de MREJ.

ii) SEC ID nº: 64, 66, 84, 163, 164 para la detección del tipo ii de MREJ.

iii) SEC ID nº: 64, 67, 84, 163, 164 para la detección del tipo iii de MREJ.

iv) SEC ID nº: 64, 79, 84, 163, 164 para la detección del tipo iv de MREJ.

v) SEC ID nº: 64, 80, 84, 163, 164 para la detección del tipo v de MREJ.

vi) SEC ID nº: 64, 112, 84, 163, 164 para la detección del tipo vii de MREJ.

Todas estas sondas y cebadores pueden utilizarse incluso conjuntamente en el mismo recinto físico.

Otro objetivo de la presente invención consiste en proporcionar un procedimiento para determinar la presencia o ausencia de por lo menos cuatro tipos de MREJ de MRSA en una muestra que comprende:

a) reproducir el procedimiento de la invención con cebadores y/o sondas específicas para cada una dichos por lo menos cuatro tipos de MREJ, siendo uno de los cuales el tipo iv de MREJ; y

b) detectar cada amplicón de manera muy particular,

determinando de este modo la presencia o ausencia de los tipos MREJ de MRSA en una muestra.

Además, la invención proporciona un kit para detectar la presencia o ausencia de una cepa MRSA de tipo iv de MREJ en una muestra que comprende:

a) un primer oligonucleótido que se hibrida con un extremo derecho del elemento SCC*mec* de una secuencia del tipo iv de MREJ seleccionada de entre el grupo constituido por las SEC. ID. nº 42 a nº 46 y nº 51 y un complemento de las mismas; y

b) un segundo nucleótido que se hibrida con una secuencia cromosómica de *S. aureus* con el fin de permitir la generación de un amplicón cuando se utiliza junto con dicho primer oligonucleótido;

en el que dichos oligonucleótidos a) y b) constan de por lo menos 10 nucleótidos de longitud y permiten la detección selectiva de un amplicón que comprende secuencias tanto del extremo derecho del elemento SCC*mec* y del ADN cromosómico que adjunta dicho extremo derecho de dicha cepa MRSA del tipo iv de MREJ.

El kit puede comprender además por lo menos un oligonucleótido para la detección de por lo menos una cepa de MRSA adicional que comprende un tipo MREJ seleccionado de entre el grupo constituido por el tipo i de MREJ, tipo ii de MREJ, tipo iii de MREJ, tipo v de MREJ, tipo vi de MREJ, tipo vii de MREJ, tipo viii de MREJ y tipo ix de MREJ, por ejemplo, tal como los descritos anteriormente.

También se describen los ácidos nucleicos seleccionados de entre las SEC. ID. nº

i) SEC ID nº: 42, 43, 44, 45, 46, 51 para la secuencia de tipo iv de MREJ;

ii) SEC ID nº: 47, 48, 49, 50 para la secuencia de tipo v de MREJ;

iii) SEC ID nº: 171 para la secuencia de tipo vi de MREJ;

iv) SEC ID nº: 165, 166 para la secuencia de tipo vii de MREJ;

v) SEC ID nº: 167 para la secuencia de tipo viii de MREJ;

vi) SEC ID nº: 168 para la secuencia de tipo ix de MREJ.

Se describen también oligonucleótidos de por lo menos 10 nucleótidos de longitud que se hibridan con cualquiera de estos ácidos nucleicos y que se hibridan con uno o más MREJ de los tipos seleccionados de iv a ix. Entre estos, los pares de cebadores (o sondas) con las siguientes SEC. ID. nº

64/66, 64/100, 64/101; 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54 62/55, 62/56, 62/57, 63/52, 63/53 63/54, 63/55, 63/56, 63/57	para la detección del tipo i de MREJ
64/66, 64/97, 64/99, 64/100, 64/101 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56, 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55, 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54, 62/55, 62/56, 62/57, 63/52	para la detección del tipo ii de MREJ

64/67, 64/98, 64/102; 59/58, 60/58, 61/58, 62/58, 63/58	para la detección del tipo iii de MREJ
64/79	para la detección del tipo iv de MREJ
64/80	para la detección del tipo v de MREJ
64/204	para la detección del tipo vi de MREJ
64/112, 64/113	para la detección del tipo vii de MREJ
64/115, 64/116	para la detección del tipo viii de MREJ
64/109	para la detección del tipo ix de MREJ,

están también comprendidas dentro del alcance de la presente invención.

Además, se describen también las sondas internas con las secuencias nucleotídicas definidas en cualquiera de las SEC. ID. nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163 o nº 164. Las composiciones de materia que comprenden los cebadores y/o las sondas de que se hibridan con uno o más MREJ de los tipos seleccionados del iv a ix así como con los ácidos nucleicos anteriores, que comprende o no cebadores y/o sondas, que se hibridan con uno o más MREJ de los tipos seleccionados del i a iii, son además objetivos de la presente invención. Las composiciones preferidas comprenderían los cebadores que tienen las secuencias nucleotídicas definidas en las SEC. ID. nº

64/66, 64/100, 64/101; 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54 62/55, 62/56, 62/57, 63/52, 63/53 63/54, 63/55, 63/56, 63/57	para la detección del tipo i de MREJ
64/66, 64/97, 64/99, 64/100, 64/101 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56, 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55, 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54, 62/55, 62/56, 62/57, 63/52 63/53, 63/54, 63/55, 63/56, 63/57	para la detección del tipo ii de MREJ
64/67, 64/98, 64/102; 59/58, 60/58, 61/58, 62/58, 63/58	para la detección del tipo iii de MREJ
64/79	para la detección del tipo iv de MREJ
64/80	para la detección del tipo v de MREJ
64/204	para la detección del tipo vi de MREJ
64/112, 64/113	para la detección del tipo vii de MRE.
64/115, 64/116	para la detección del tipo viii de MRE
64/109	para la detección del tipo ix de MREJ

o las sondas, cuyas SEC. ID. son: nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163, nº 164 o ambas.

Descripción detallada de la invención

Se proporciona específicamente un procedimiento en el que cada uno de los ácidos nucleicos de MRSA o una variante o parte de los mismos comprende una zona diana seleccionada hibridable con dichos cebadores o sondas desarrollados para ser omnipresentes;

en el que cada uno de dichos ácidos nucleicos o una variante o parte de los mismos comprende una zona diana seleccionada hibridable con dichos cebadores o sondas;

comprendiendo dicho procedimiento las etapas de puesta en contacto de dichas muestra con dichas sondas o cebadores y de detección de la presencia y/o la cantidad de sondas hibridadas o productos ampliados como indicación de la presencia y/o la cantidad de MRSA.

En el procedimiento, las secuencias de los fragmentos del ADN de la unión del extremo derecho del cromosoma con SCC*mec*, denominadas a partir de aquí posición de MREJ para la "unión del extremo derecho de *mec*" incluyendo las secuencias del extremo derecho de SCC*mec* y del ADN cromosómico para el lado derecho del punto de integración de SCC*mec*, se utilizan como secuencias precursoras a partir de las cuales derivan los cebadores y/o las sondas. Las secuencias de MREJ incluyen las secuencias de patente de los inventores así como las secuencias obtenidas a partir de las bases de datos públicas y de la patente US nº 6.156.507 y se seleccionaron por su capacidad para detectar sensible, específica, omnipresente y rápidamente los ácidos nucleicos de MRSA objetivo.

Los fragmentos de ADN y los oligonucleótidos (cebadores y sondas) de la patente de los inventores se aplican en los procedimientos y kits de la invención.

Son asimismo objeto de la presente invención la composición de los materiales tales como kits para diagnóstico que comprenden cebadores o sondas de ampliación para la detección de MRSA.

En los procedimientos y kits anteriores, las sondas y cebadores no se limitan a los ácidos nucleicos, y pueden incluir, pero no se limitan a, análogos de nucleótidos. Los reactivos para diagnóstico constituidos por las sondas y las cebadores pueden estar presentes en cualquier forma adecuada (unidos a un soporte sólido, líquido, liofilizado, etc.).

En los procedimientos y kits anteriores, las reacciones de ampliación pueden incluir pero no se limitan a: a) la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), b) la reacción en cadena de la ligasa (RCL), c) la ampliación basada en la secuencia del ácido nucleico (NASBA), d) la replicación de la secuencia automantenida (3SR), e) la ampliación por desplazamiento de cadena (SDA), f) la ampliación de la señal del ADN ramificado (ADNb), g) la ampliación mediada por transcripción (TMA), h) la tecnología de la sonda de ciclación (CPT), i) PCR anidada, j) PCR multiplex, k) la ampliación en fase sólida (SPA), l) la ampliación de la señal dependiente de la nucleasa (NDSA), m) la tecnología de ampliación del círculo rodante (RCA), n) la ampliación por desplazamiento de la cadena anclada, o) la ampliación del círculo rodante en fase sólida (inmovilizada).

En los procedimientos y kits anteriores, la detección de los ácidos nucleicos de los genes diana puede incluir tecnologías en tiempo real o después de la ampliación. Estas tecnologías de detección pueden incluir, pero no se limitan a los métodos basados en la transferencia de energía de resonancia por fluorescencia (FRET) tal como la hibridación adyacente de las sondas (incluyendo los procedimientos sonda a sonda y sonda a cebador), la sonda *Taq*Man, la sonda molecular fluorescente, la sonda Scorpion, la sonda para nanopartículas y la sonda Amplifluor. Otros procedimientos de detección incluyen la detección de ácidos nucleicos del gen diana por procedimientos inmunológicos, los procedimientos de hibridación en fase sólida sobre filtros, chips o cualquier otro soporte sólido. En estos sistemas, la hibridación puede controlarse por fluorescencia, quimioluminiscencia, potenciometría, espectrometría de masas, resonancia en plasmón, polarimetría, colorimetría, citometría de flujo o escanometría. El secuenciado de nucleótidos, incluyendo el secuenciado por terminación en didesoxi o el secuenciado por hibridación (por ejemplo secuenciado utilizando un chip de ADN) representa otro procedimiento para detectar y caracterizar los ácidos nucleicos de genes diana.

En una forma de realización preferida, se utiliza un protocolo de PCR para la ampliación del ácido nucleico.

Un procedimiento para la detección de una multitud de cepas potenciales de MRSA que tiene diferentes tipos de MREJ puede realizarse en reacciones independientes y en recintos físicos, un tipo a la vez. Alternativamente, podría realizarse simultáneamente en diferentes tipos en recintos físicos independientes, o en el mismo recinto físico. En este último escenario podría realizarse una reacción PCR multiplex que requeriría que los oligonucleótidos fuesen capaces de hibridarse con una zona diana en condiciones comunes. Ya que muchas sondas o cebadores son específicos para un determinado tipo de MREJ, una forma de realización posible es el tipado de una cepa de MRSA. Cuando una mezcla de oligonucleótidos se hibrida conjuntamente con más de un tipo se utiliza en un solo recinto físico o recipiente, diferentes etiquetas deberían utilizarse para distinguir un tipo de otro.

En el contexto de la presente invención se propone desarrollar un ensayo basado en ADN o un kit para detectar e identificar MRSA. Aunque las secuencias de los genes *orf*X y de algunos fragmentos de ADN con SCC*mec* están disponibles en las bases de datos públicas y se han utilizado para desarrollar ensayos basados en ADN para la detección de MRSA, nuevos datos de secuencias que permiten mejorar la detección e identificación del MRSA que son

objeto de la presente invención nunca han sido caracterizados anteriormente ni se conocían pero no demostraron estar localizados en el extremo derecho de SCC*mec* adyacente a la secuencia de integración (Tabla 4). Estas nuevas secuencias no podrían haber sido previstas ni detectadas por el ensayo de la PCR específico para MRSA desarrollado por Hiramatsu *et al*. (patente US nº 6.156.507). Estas secuencias permitirán mejorar los ensayos basados en ADN actuales para el diagnóstico de MRSA porque permiten el diseño de cebadores y sondas omnipresentes para la detección e identificación de más cepas de MRSA incluyendo todos los clones epidémicos principales de todo el mundo.

Pueden utilizarse los kits para diagnóstico, los cebadores y las sondas mencionados anteriormente para detectar y/o identificar el MRSA, si dichos kits para diagnóstico, cebadores y sondas se utilizan para aplicaciones *in vitro* o *in situ*. Dichas muestras pueden incluir pero no se limitan a: cualquier muestra química, cualquier muestra medioambiental, cualquier cultivo microbiano, cualquier colonia microbiana, cualquier tejido y cualquier estirpe celular.

Es también un objetivo de la presente invención que dichos kits para diagnóstico, cebadores y sondas puedan utilizarse solos o en combinación con cualquier otro ensayo adecuado para detectar y/o identificar microorganismos, incluyendo pero sin limitarse a: cualquier ensayo basado en la detección de ácidos nucleicos, cualquier inmunoanálisis, cualquier análisis enzimático, cualquier análisis bioquímico, cualquier análisis lisotípico, cualquier análisis serológico, cualquier medio de cultivo diferenciado, cualquier medio de cultivo de enriquecimiento, cualquier medio de cultivo selectivo, cualquier medio de análisis específico, cualquier medio de cultivo de identificación, cualquier medio de cultivo de enumeración, cualquier cepa celular, cualquier cultivo o estirpes celulares específicas y cualquier ensayo de infección en animales.

En los procedimientos y kits descritos en la presente memoria a continuación, las sondas de oligonucleótidos y las sondas de ampliación proceden de secuencias mayores (es decir, fragmentos de ADN de por lo menos 100 pares de bases). Todas las secuencias de ADN se han obtenido de las secuencias de la patente de los inventores o de bases de datos públicas (Tablas 5, 6, 7, 8 y 9).

Es evidente para cada uno de los expertos en la materia que las secuencias oligonucleotídicas aparte de las descritas en la presente invención y que son apropiadas para la detección y/o identificación de MRSA pueden proceder también de las secuencias de fragmentos de la patente o de secuencias de las bases de datos públicas seleccionadas. Por ejemplo, los cebadores o sondas oligonucleotídicas pueden ser más cortas pero de una longitud de por lo menos 10 nucleótidos o más largas que las seleccionadas; pueden también seleccionarse de cualquier parte en los fragmentos de ADN de la patente o de las secuencias seleccionadas de bases de datos públicas; pueden ser también variantes del mismo oligonucleótido. Si el ADN diana o una variante del mismo se hibrida con un oligonucleótido dado, o si el ADN diana o una variante del mismo puede ampliarse mediante un par cebador de la PCR de oligonucleótidos, lo contrario también es verdad; un ADN diana dado puede hibridarse con una sonda de oligonucleótido variante o puede ampliarse mediante un cebador de PCR del oligonucleótido variante. Alternativamente, los oligonucleótidos pueden diseñarse a partir de dichas secuencias de fragmentos de ADN para su utilización en los procedimientos de ampliación aparte de la PCR. Por consiguiente, la parte central de la presente invención es la detección y/o identificación del MRSA mediante secuencias de ADN genómicas diana que se utilizan como fuente de sondas de oligonucleótidos específicas y omnipresentes y/o de cebadores de ampliación. Aunque la selección y evaluación de los oligonucleótidos adecuados para diagnóstico requiere mucho esfuerzo, es muy posible para los expertos en la materia derivar, a partir de los fragmentos de ADN seleccionados, otros oligonucleótidos aparte de los enumerados en las Tablas 5, 6, 7, 8 y 9 que son adecuados para diagnóstico. Cuando un fragmento de la patente o una secuencia de base de datos pública se selecciona para su especificidad y ubicuidad, aumenta la probabilidad de que los subconjuntos de las mismas sean también específicos y omnipresentes.

Los fragmentos de ADN de la patente se han obtenido como un repertorio de secuencias creadas por ampliación de ácidos nucleicos de MRSA con nuevos cebadores. Estos cebadores y el repertorio de ácidos nucleicos así como el repertorio de secuencias nucleotídicas se aplican en los procedimientos y kits de la presente invención (Tablas 4, 5, 6, 7, 8 y 9).

Las reivindicaciones por consiguiente están de acuerdo con la presente invención.

Secuencias para la detección e identificación de MRSA

En la descripción de la presente invención, las expresiones “ácidos nucleicos” y “secuencias” pueden utilizarse indistintamente. Sin embargo, los “ácidos nucleicos” son entidades químicas mientras que las “secuencias” son las piezas de información codificadas por estos “ácidos nucleicos”. Tanto los ácidos nucleicos como las secuencias son fuentes de información igualmente valiosas para la materia que concierne a la presente invención.

Diseño y síntesis de cebadores y sondas de oligonucleótidos

Como parte de las reglas de diseño, se evaluó la idoneidad de todos los oligonucleótidos (sondas para hibridación y cebadores para ampliación del ADN por PCR) para la hibridación o ampliación por PCR por análisis informático utilizando programas convencionales (es decir los programas del paquete GCG Wisconsin, el programa de análisis de cebador Oligo™ 6 y MFOLD 3.0). La idoneidad potencial de los pares de cebadores de la PCR se evaluaron también

antes de su síntesis verificando la ausencia de propiedades no necesarias tales como grandes tramos de un nucleótido y una gran proporción de restos G o C en el extremo 3' (Persing *et al*., 1993, Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.). Se sintetizaron cebadores para ampliación de oligonucleótidos utilizando un sintetizador de ADN automático (Applied Biosystems). Se evaluaron diseños moleculares fluorescentes utilizando los criterios establecidos por Kramer *et al*. (http://www.molecular-beacons.org).

La secuencia de oligonucleótidos de los cebadores o sondas puede proceder de una de las dos cadenas del ADN doble. Los cebadores o sondas pueden estar constituidos por las bases A, C, G o T o análogas y pueden degenerarse en una o más posiciones del nucleótido seleccionado (Nichols *et al*., 1994, *Nature* 369:492-493). Los cebadores y sondas pueden estar constituidos también por análogos de nucleótidos tales como los ácidos nucleicos bloqueados (LNA) (Koskin *et al*., 1998, *Tetrahedron* 54:3607-3630), y ácidos nucleicos peptídicos (ANP) (Egholm *et al*., 1993, *Nature* 365:566-568). Los cebadores o sondas pueden ser de cualquier longitud adecuada y pueden seleccionarse en cualquier parte dentro de las secuencias de ADN de los fragmentos de la patente, o de las secuencias de la base de datos seleccionada que son adecuadas para la detección del MRSA.

Las variantes de un gen microbiano diana dado son naturales y son atribuibles a la variación de la secuencia dentro del gen durante la evolución (Watson *et al*., 1987, Molecular Biology of the Gene, 4ª ed., The Benjamin/Cummings Publishing Company, Menlo Park, CA; Lewin, 1989, Genes IV, John Wiley & Sons, Nueva York, NY). Por ejemplo, diferentes cepas de la misma especie microbiana pueden tener una sola o más variaciones nucleotídicas en el punto de hibridación del oligonucleótido. Los expertos en la materia conocen bien la existencia de ácidos nucleicos variantes y/o secuencias para un gen específico y que la frecuencia de las variaciones de la secuencia depende de la presión selectiva durante la evolución en un producto génico dado. La detección de una secuencia de la variante para una zona entre dos cebadores de PCR puede demostrarse secuenciando el producto de la ampliación. Con objeto de demostrar la presencia de las variaciones de la secuencia en el punto de hibridación del cebador, se tiene que ampliar un ADN diana mayor con cebadores de PCR fuera de este punto de hibridación. El secuenciado de este fragmento mayor permitirá la detección de la variación de la secuencia en este punto de hibridación del cebador. Una estrategia similar puede aplicarse para demostrar las variaciones en el punto de hibridación de la sonda. En la medida en que la divergencia de los ácidos nucleicos y/o las secuencias diana o parte de las mismas no afecte de manera significativa la sensibilidad y/o especificidad y/o la ubicuidad de los cebadores o sondas de ampliación, los ADN microbianos variantes están dentro del alcance de la presente invención. Las variantes de los cebadores o sondas seleccionadas pueden también utilizarse para ampliar o hibridar un ADN diana variante.

Ampliación del ADN

Para la ampliación del ADN por el procedimiento la PCR ampliamente utilizado, los pares de cebador procedían de los fragmentos de ADN de la patente de los inventores o de las secuencias de la base de datos pública.

Durante la ampliación del ADN por PCR, se utilizan dos cebadores oligonucleotídicos que se unen respectivamente a cada cadena del ADN diana desnaturalizado térmicamente del genoma microbiano para ampliar exponencialmente *in vitro* el ADN diana mediante ciclos térmicos sucesivos que permiten la desnaturalización del ADN, la hibridación de los cebadores y la síntesis de nuevas dianas en cada ciclo (Persing *et al*., 1993, Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.).

En resumen, los protocolos de la PCR en un termociclador convencional (PTC-200 de MJ Research Inc., Watertown, MA) fueron los siguientes: Suspensiones bacterianas estandarizadas tratadas o ADN genómico preparado a partir de cultivos bacterianos o muestras clínicas se ampliaron en 20 μl de mezcla de reacción PCR. Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, tris-HCl 10 Mm (pH 9,0), $MgCl_2$ 2,5 mM, 0,4 μM de cada cebador, 200 μM de cada uno de los cuatro dNTP (Pharmacia Biotech), 3,3 μg/μl de albúmina de suero bovino (BSA) (Sigma-Aldrich Canada Ltd., Oakville, Ontario, Canadá) y 0,5 unidades de *Taq* ADN polimerasa (Promega Corp., Madison, WI) combinada con el anticuerpo *TaqStart*™ (BD Biosciences, Palo Alto, CA). El anticuerpo *TaqStart*™, que es un anticuerpo monoclonal neutralizante para la *Taq* ADN polimerasa, se añadió a todas las reacciones PCR para mejorar la especificidad y la sensibilidad de las ampliaciones (Kellogg *et al*., 1994, Biotechniques 16:1134-1137). El tratamiento de los cultivos bacterianos o de muestras clínicas consiste en un protocolo rápido para lisar las células microbianas y eliminar o neutralizar los inhibidores de RPC (descritos en la solicitud US 60/306.163 en trámite con la presente). Para la ampliación del ADN genómico purificado, se añadieron las muestras directamente a la mezcla de ampliación por PCR. Se utilizó un control interno, procedente de las secuencias no encontradas en las secuencias MREJ diana o en el genoma humano, para comprobar la eficacia de la reacción PCR y la ausencia de inhibición significativa de la PCR.

El número de ciclos llevados a cabo para los ensayos por PCR varía según el nivel de sensibilidad requerido. Por ejemplo, el nivel de sensibilidad requerido para la detección microbiana directamente de una muestra clínica es mayor que para la detección de un cultivo microbiano. Por consiguiente, para la detección directa de muestras clínicas se requieren probablemente ensayos por PCR más sensibles que tienen más ciclos térmicos.

Los expertos en la técnica de amplificación de ácidos nucleicos conocen la existencia de otros procedimientos de ampliación rápida tal como la reacción en cadena de la ligasa (LCR), la PCR con transcriptasa inversa, (RT-PCR), la ampliación mediada por transcripción (TMA), la replicación de la secuencia automantenida (3SR), la ampliación

basada en la secuencia del ácido nucleico (NASBA), la ampliación por desplazamiento de cadena (SDA), ADN ramificado (ADNb), la tecnología de la sonda de ciclación (CPT), la ampliación en fase sólida (SFA), la tecnología de ampliación del círculo rodante (RCA), RCA en fase sólida, SDA anidada y la ampliación de la señal dependiente de la nucleasa (NDSA), (Lee *et al*., 1997, Nucleic Acid Amplification Technologies: Application to Disease Diagnosis, Eaton Publishing, Boston, MA; Persing *et al*., 1993, Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.; Westin *et al*., 2000, *Nat. Biotechnol*. 18:199-204). El alcance de la presente invención no se limita a la utilización de la ampliación por PCR, sino que más bien incluye la utilización de cualquier procedimiento de ampliación de ácidos nucleicos o cualquier otro procedimiento que pueda utilizarse para aumentar la sensibilidad y/o la rapidez de las pruebas de diagnóstico basadas en ácidos nucleicos. El alcance de la presente invención también la utilización de cualquier tecnología de ampliación y detección de ácidos nucleicos incluyendo las tecnologías de detección en tiempo real o después de la ampliación, cualquier tecnología de ampliación combinada con detección, cualesquiera de las tecnologías de chips o matriz de ácido nucleico por hibridación, cualesquiera de las tecnologías de chips de ampliación o combinación de la ampliación y chips de hibridación. La detección e identificación por cualquier procedimiento de secuenciado de nucleótidos está también bajo el alcance de la presente invención.

Puede aplicarse también cualquier oligonucleótido procedente de las secuencias de ADN de MREJ de *S. aureus* y utilizadas con cualquiera de las tecnologías de ampliación y/o de hibridación de ácidos nucleicos cuando se pone en práctica la presente invención.

Evaluación del procedimiento de detección de MRSA desarrollado por Hiramatsu et al.

Según Hiramatsu *et al*. (Ito *et al*., 1999, *Antimicrob. Agents Chemother*. 43:1449-1458; Katayama *et al*., 2000, *Antimicrob. Agents Chemother*. 44:1549-1555; Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-1336; Ma *et al*., 2002, *Antimicrob. Agents Chemother*. 46:1147-1152), cuatro tipos de ADN con SCC*mec* se encuentran entre las cepas de MRSA. Ellos han descubierto que los ADN con SCC*mec* están integrados en la zona específica del cromosoma MSSA (denominada *orf*X). Los inventores desarrollaron un ensayo por PCR multiplex específico para MRSA que incluye cebadores que pueden hibridar al extremo derecho de extremidad de los tipos I, II y III de *SCCmec* (SEC. ID. nº 18, nº 19, nº 20, nº 21, nº 22, nº 23, nº 24 en la patente US nº 6.156.507 correspondientes a las SEC. ID. nº 52, nº 53, nº 54, nº 55, nº 56, nº 57, nº 58, respectivamente, en la presente invención) así como cebadores específicos para el cromosoma de *S. aureus* a la derecha del punto de integración de *SCCmec* (SEC. ID. nº 25, nº 28, nº 27, nº 26 y nº 29 en la patente US nº 6.156.507 correspondientes a las SEC. ID. nº 59, nº 60, nº 61, nº 62 y nº 63, respectivamente en la presente invención) (Tabla 1 y Figura 1). El conjunto de cebadores descritos por Hiramatsu *et al*. que es la combinación óptima de cebadores (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60 en la presente invención) se utilizó en la presente invención para probar por PCR una variedad de MRSA, MSSA, CNS resistente a la meticilina (MRCNS) y las cepas de CNS sensibles a la meticilina (MSCNS) (Tabla 2). Se realizó un ensayo por PCR realizado utilizando un termociclador convencional (PTC-200 de MJ Research Inc.) para probar la ubicuidad, la especificidad y la sensibilidad de estos cebadores utilizando el siguiente protocolo: un μl de una suspensión bacteriana estandarizada tratada o de una preparación de ADN genómico purificado a partir de bacterias se ampliaron en 20 μl de mezcla de reacción PCR. Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, tris-HCl 10 Mm (pH 9,0), Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 2,5 mM, 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para SCC*mec* y cromosomas de *S. aureus* (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondientes a las SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60 de la presente invención, 200 μM de cada uno de los cuatro dNTP (Pharmacia Biotech), 3,3 μg/μl de BSA (Sigma) y 0,5 U de *Taq* polimerasa (Promega) acoplada con el anticuerpo *TaqStart*™ (BD Biosciences).

Las reacciones PCR se sometieron a continuación a 3 min de ciclación térmica a 94ºC seguido de 40 ciclos de 60 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 60 segundos a 55ºC para la etapa de hibridación y 60 segundos a 72ºC para la etapa de ampliación, seguido a continuación de una ampliación terminal de 7 minutos a 72ºC utilizando un termociclador convencional (PTC-200 de MJ Research Inc.). La detección de los productos de la PCR se realizó por electroforesis en geles de agarosa (2%) que contenían 0,25 μg/ml de bromuro de etidio.

Veinte de las 39 cepas de MRSA probadas no se ampliaron con el ensayo de PCR desarrollado por Hiramatsu *et al*. (Ejemplo 1, Tablas 2 y 3).

Con el fin de crear un ensayo de diagnóstico rápido para los MRSA, en el contexto de la presente invención se desarrollaron nuevas series de cebadores específicos para el extremo derecho de los tipos I y II de SCC*mec* (SEC. ID. nº 66, nº 100 y nº 101) (Anexo 1), el tipo II de SCC*mec* (SEC. ID. nº 97 y nº 99), el tipo III de SCC*mec* (SEC. ID. nº 77, nº 98 y nº 102) y en el cromosoma de *S. aureus* a la derecha del punto de integración de SCC*mec* (SEC. ID. nº 64, nº 70, nº 71, nº 72, nº 73, nº 74, nº 75 y nº 76) (Tabla 5). Estos cebadores, que amplían amplicones cortos (171 a 278 pb) son compatibles para su utilización en ensayos rápidos por PCR (Tabla 7). El diseño de estos cebadores estaba basado en el análisis de alineamientos de secuencias múltiples de las secuencias orfX y SCCmec descritas por Hiramatsu *et al*. (patente US nº 6.156.507) o disponibles en el GenBank (Tabla 10, Anexo 1). Estas diferentes series de cebadores se utilizaron para probar por PCR una variedad de cepas de MRSA, MSSA, MRCNS, y MSCNS. Se desarrollaron varios cebadores para ampliación destinados a detectar los tres tipos de SCCmec (SEC. ID. nº 97 y nº 99 para el tipo II de SCCmec, las SEC. ID. nº 66, nº 100 y nº 101 para los tipos I y II de SCCmec y las SEC. ID. nº 67, nº 98 y nº 102 para el tipo III de SCCmec). Los cebadores se seleccionaron según su especificidad para las cepas MRSA,

su sensibilidad analítica en la PCR y la longitud del producto de la PCR. Se seleccionó una serie de 2 cebadores para la zona del extremo derecho de SCCmec (SEC. ID. nº 66 específica para los tipos I y II de SCCmec; SEC. ID. nº 67 específica para el tipo III de SCCmec). De los 8 cebadores diferentes diseñados para hibridar en el cromosoma de *S. aureus* a la derecha del punto de integración de SCCmec (gen orfX diana) (SEC. ID. nº 64, nº 70, nº 71, nº 72, nº 73, nº 74, nº 75 y nº 76), solo uno (SEC. ID. nº 64) se observó que era específico para el MRSA basado en el ensayo con una variedad de cepas de MILSA, MSSA, MRCNS y MSCNS (Tabla 12). Por consiguiente, se desarrolló un ensayo de PCR que utiliza el conjunto óptimo de cebadores (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67) que podría ampliar las cepas de MRSA específicamente que contienen los tipos I, II y III de SCCmec (Figura 2, Anexo I). Aunque el ensayo de la PCR desarrollado con estas nuevas series de cebadores era muy sensible (es decir permitía la detección de 2 a 5 copias de genoma para los tres tipos de SCCmec) (Tabla 11), presentaba los mismos defectos (es decir falta de ubicuidad) del ensayo desarrollado por Hiramatsu *et al*. Las 20 cepas de MRSA que no fueron ampliadas por los cebadores de Hiramatsu *et al*. no fueron detectadas tampoco por el conjunto de cebadores que comprenden las SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67 (Tablas 3 y 12). Evidentemente, se necesitan herramientas para diagnóstico destinadas a conseguir por lo menos el 50% de ubicuidad entre las cepas ensayadas.

Con el fin de crear un procedimiento de detección e identificación más omnipresente (es decir con capacidad para detectar todas o la mayoría de las cepas MRSA) para MRSA, los inventores determinaron la secuencia de la MREJ presente en estas 20 cepas de MRSA que no se ampliaron. Esta investigación ha conducido al descubrimiento e identificación de siete nuevas secuencias diana de MREJ distintas que pueden utilizarse para el diagnóstico. Estas siete nuevas secuencias de MREJ no pudieron predecirse ni detectarse con el sistema descrito en la patente US nº 6.156.507 por Hiramatsu *et al*. Concretamente, la presente invención representa un procedimiento mejorado para la detección e identificación de MRSA porque proporciona un procedimiento de diagnóstico más omnipresente que permite la detección de todos los clones principales de MRSA epidémicos en todo el mundo.

Secuenciado de secuencias nucleotídicas de MREJ de las cepas de MRSA no ampliables con cebadores específicos para los tipos I, II y III de SCC<u>mec</u>

Ya que el ADN procedente de veinte cepas de MRSA no se amplió en el conjunto de cebadores desarrollados por Hiramatsu *et al*. (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60 en la presente invención) (Tablas 2 y 3) ni con el conjunto de cebadores desarrollado en la presente invención basada en los mismos tres tipos (I, II y III) de SCC*mec* secuencias (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67) (Tabla 12), la secuencia nucleotídica del MREJ se determinó para dieciséis de estas veinte cepas de MRSA.

La transposasa de IS*431* está asociada con frecuencia a la inserción de genes resistentes dentro del locus *mec*. El gen que codifica esta transposasa ha sido descrito frecuentemente en una o más copias en el segmento derecho de SCC*mec* (Oliveira *et al*, 2000, *Antimicrob. Agents Chemother*. 44:1906-1910; Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-36). Por consiguiente, en un primer intento de secuenciar la nueva MREJ para 16 de las 20 cepas de MRSA descritas en la Tabla 3, se diseñó un cebador en la secuencia del gen que codifica la transposasa de IS*431* (SEC. ID. nº 68) y combinada con un cebador específico para *orf*X a la derecha del punto de integración de SCC*mec* (SEC. ID. nº 70) (Tablas 5 y 8). La estrategia utilizada para seleccionar estos cebadores se ilustra en la Figura 3.

Se ampliaron los fragmentos de MREJ que han de ser secuenciados utilizando el protocolo de ampliación siguiente: un μl de suspensión celular tratada (o de una preparación de ADN genómico purificada) se transfirió directamente a 4 tubos que contenían 39 μl de una mezcla de reacción PCR. Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, tris-HCl 10 Mm (pH 9,0),Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 2,5 mM, 1 μM de cada uno de los 2 cebadores (SEC. ID. nº 68 y nº 70), 200 μM de cada uno de los cuatro dNTP, 3,3 μg/μl de BSA (Sigma-Aldrich Canada Ltd.) y 0,5 unidades de *Taq* ADN polimerasa (Promega) acoplada con el anticuerpo *TaqStart*™ (BD Biosciences). Las reacciones PCR se sometieron a continuación a ciclación utilizando un termociclador convencional (PTC-200 de MJ Research Inc.) de la forma siguiente: 3 minutos a 94ºC seguido de 40 ciclos de 5 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 30 segundos a 55ºC para la etapa de hibridación y 2 min. a 72ºC para la etapa de ampliación.

Posteriormente, las cuatro mezclas ampliadas por PCR se mezclaron y 10 μl de la mezcla se resolvieron por electroforesis en un gel de agarosa al 1,2% que contenía 0,25 μg/ml de bromuro de etidio. Se observaron los amplicones a continuación con un Alpha-Imager (Alpha Innotech Corporation, San Leandro, CA) por exposición a la luz UV a 254 nm. El tamaño del amplicón se estimó por comparación con una escala de peso molecular de 1 kb (Life Technologies, Burlington, Ontario, Canadá). La mezcla ampliada por PCR restante (150 μl, en total) se resolvió también por electroforesis en un gel de agarosa al 1,2%. Los amplicones se observaron a continuación por tinción con azul de metileno (Flores *et al*., 1992, Biotechniques, 13:203-205). El tamaño del amplicón se estimó otra vez por comparación con una escala de peso molecular de 1 kb. De las dieciséis cepas seleccionadas procedentes de las veinte descritas en la Tabla 3, se ampliaron seis utilizando las SEC. ID. nº 68 y nº 70 como cebadores (CCRI-178, CCRI-8895, CCRI-8903, CCRI-1324, CCRI-1331 y CCRI-9504). Para estas seis cepas de MRSA, se obtuvo un producto de ampliación de 1,2 kb. La banda correspondiente a este de producto de ampliación específico se separó del gel de agarosa y se purificó utilizando el kit de extracción en gel QIAquick™ (Qiagen Inc., Chatsworth, CA). El fragmento de ADN purificado en gel se utilizó a continuación directamente en el protocolo de secuenciado. Ambas cadenas de los productos de ampliación de MREJ se secuenciaron por el procedimiento de secuenciado de terminación de la cadena de disesoxinucleótido utilizando un secuenciador de ADN automático de Applied Biosystems (Modelo 377) con su Big Dye™ Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA). Las reacciones de secuenciado se

realizaron utilizando los mismos cebadores (SEC. ID. nº 68 y nº 70) y 10 ng/100 pb por reacción de los amplicones purificados en gel. El secuenciado de MREJ de las seis cepas de MRSA (CCRI-178, CCRI-8895, CCRI-8903, CCRI-1324, CCRI-1331 y CCRI-9504) descritas en la Tabla 3 proporcionaron las SEC. ID. nº 42, nº 43, nº 44, nº 45, nº 46 y nº 51, respectivamente (Tabla 4).

Para asegurar que la secuencia determinada no contenía errores atribuibles al secuenciado de los artefactos de la PCR, los inventores han secuenciado dos preparaciones de los productos de preparación de MREJ purificado en gel que se originan a partir de dos ampliaciones independientes por PCR. Para la mayoría de los fragmentos diana, las secuencias determinadas para ambas preparaciones del amplicón fueron idénticas. Además, las secuencias de ambas cadenas eran 100% complementarias confirmando de este modo la alta precisión de la secuencia determinada. Las secuencias de MREJ determinadas utilizando la estrategia anterior se describen en el Listado de secuencias y en la Tabla 4.

Para secuenciar MREJ en cepas para las que no se había obtenido ningún amplicón utilizando la estrategia que incluye cebadores específicos para el gen de transposasa de IS*431* y *orf*X, se utilizó otra estrategia que utiliza cebadores de las secuencias *mec*A y *orf*X diana para ampliar fragmentos genómicos mayores. Una nueva *mecA* (SEC. ID. nº 69) diana del cebador de PCR (Tabla 8) debe utilizarse en combinación con el mismo cebador en la secuencia *orf*X (SEC. ID. nº 70). La estrategia utilizada para seleccionar estos cebadores se ilustra en la Figura 3.

Se utilizó el protocolo de ampliación siguiente: el ADN genómico purificado (300 ng) se transfirió hasta un volumen final de 50 μl de una mezcla de reacción de PCR. Cada reacción PCR contenía 1x tampón Herculase (Stratagene, La Jolla, CA), 0,8 μM de cada uno de los 2 cebadores (SEC. ID. nº 69 y nº 70), 0,56 mM de cada uno de los cuatro dNTP y 5 unidades de *Herculase* (Stratagene). Las reacciones PCR se sometieron a ciclación utilizando un ciclador térmico convencional (PTC-200 de MJ Research Inc.) de la forma siguiente: 2 min. a 92ºC seguido de 35 o 40 ciclos de 10 s a 92ºC para la etapa de desnaturalización, 30 s a 55ºC para la etapa de hibridación y 30 min. a 68ºC para la etapa de ampliación.

Posteriormente, 10 μl de la mezcla ampliada por PCR se resolvieron por electroforesis en un gel de agarosa al 0,7% que contenía 0,25 μg/ml de bromuro de etidio. Los amplicones se observaron a continuación como se describió anteriormente. El tamaño del amplicón se estimó por comparación con una escala de peso molecular de 1 kb (Life Technologies). Se llevó a cabo a continuación una reacción de reampliación en 2 a 5 tubos utilizando el mismo protocolo con 3 μl de la primera reacción PCR utilizada como muestra de ensayo para la segunda ampliación. Las mezclas de PCR reampliadas se mezclaron y también se resolvieron por electroforesis en un gel de agarosa al 0,7%. Los amplicones se observaron a continuación tiñendo con azul de metileno tal como se describió anteriormente. Se obtuvo un producto de ampliación de aproximadamente 12 kb utilizando la estrategia de ampliación para todas las cepas ensayadas. La banda correspondiente al producto de ampliación específico se separó del gel de agarosa y se purificó como se describió anteriormente. El fragmento de ADN purificado en gel se utilizó a continuación directamente en el protocolo de secuenciado como se describió anteriormente. Las reacciones de secuenciado se llevaron a cabo utilizando los mismos cebadores de ampliación (SEC. ID. nº 69 y nº 70) y 425 a 495 mg de los amplicones purificados en gel por reacción. Posteriormente, se utilizaron cebadores de secuenciado interno (SEC. ID. nº 65, nº 77 y nº 96) (Tabla 8) para obtener datos de secuencia en ambas cadenas para una parte mayor del amplicón. Cinco de las 20 cepas de MRSA (CCRI-1331, CCRI-1263, CCRI-1377, CCRI-1311 y CCRI-2025) descritas en la Tabla 3 se secuenciaron utilizando esta estrategia, proporcionando las SEC. ID. nº 46, nº 47, nº 48, nº 49 y nº 50, respectivamente (Tabla 4). La secuencia en el gen *mecA* se obtuvo también a partir de los amplicones generados proporcionando las SEC. ID. nº 27, nº 28, nº 29, nº 30 y nº 31 de las cepas CCRI-2025, CCRI-1263, CCRI-1311, CCRI-1331 y CCRI-1377, respectivamente (Tabla 4). Se obtuvieron secuencias mayores dentro del gen *mecA* y de las zonas corriente abajo también para las cepas CCRI-2025, CCRI-1331, y CCRI-1377 como se describe a continuación.

Para obtener secuencias mayores del gen *orfX*, se utilizaron otras dos estrategias que utilizan secuencias *mecA* y *orfX* diana de cebadores (en el codón de inicio) para ampliar fragmentos mayores de cromosoma. Se diseñó un nuevo cebador de PCR en *orfX* (SEC. ID. nº 132) para ser utilizado en combinación con el mismo cebador en el gen *mecA* (SEC. ID. nº 69). La estrategia utilizada para seleccionar estos cebadores se ilustra en la Figura 3. Ocho cepas de *S. aureus* se ampliaron utilizando las SEC. ID. nº 69 y nº 132 de cebadores (CCRI-9860, CCRI-9208, CCRI-9504, CCRI-1331, CCRI-9583, CCRI-9681, CCRI-2025 y CCRI-1377). La estrategia utilizada para seleccionar estos cebadores se ilustra en la Figura 3.

Se utilizó el siguiente protocolo de ampliación: el ADN genómico purificado (350 a 500 ng) se transfirió a 50 μl de una mezcla de reacción de PCR. Cada reacción PCR contenía 1x tampón *Herculase* (Stratagene), 0,8 μM de cada uno del conjunto de 2 cebadores (SEC. ID. nº 69 y nº 132), 0,56 mM de cada uno de los cuatro dNTP y 7,5 unidades de *Herculase* (Stratagene) con $MgCl_2$ 1 mM. Las reacciones PCR se sometieron a termociclación tal como se describió anteriormente.

Posteriormente, 5 pl de la mezcla ampliada por PCR se resolvieron por electroforesis en un gel de agarosa al 0,8% que contenía 0,25 μg/ml de bromuro de etidio. Los amplicones se observaron a continuación como se describió anteriormente. Para una cepa de *S. aureus* (CCRI-9583), se realizó a continuación una reampliación utilizando las SEC. ID. nº 96 y nº 158 de los cebadores (Figura 3) en 4 tubos, utilizando el mismo protocolo de la PCR, con 2 μl de la primera reacción PCR como muestra de ensayo para la segunda ampliación. Las mezclas de PCR reampliadas se mezclaron y también se resolvieron por electroforesis en un gel de agarosa al 0,8%. Los amplicones se observaron a continua-

ción tiñendo con azul de metileno tal como se describió anteriormente. Se obtuvo una banda de aproximadamente 12 a 20 kb utilizando esta estrategia de ampliación dependiendo de las cepas ensayadas. La banda correspondiente al producto de ampliación específico se separó del gel de agarosa y se purificó utilizando un kit de extracción en gel QLAquick™ o un kit de extracción en gel QIAEX II (QIAGEN Inc.). Se ampliaron también dos cepas, CCRI-9583 y CCRI-9589, con las SEC. ID. nº 132 y nº 150 de cebadores, generando un producto de ampliación de 1,5 kb. Se secuenciaron amplicones largos (12-20 kb) utilizando 0,6 a 1 μg por reacción, mientras que los amplicones cortos (1,5 kb) se secuenciaron utilizando 150 ng por reacción. Las reacciones de secuenciado se realizaron utilizando diferentes series de cebadores para cada cepa de *S. aureus*: 1) SEC. ID. nº 68, nº 70, nº 132, nº 145, nº 146, nº 147, nº 156, nº 157 y nº 158 para la cepa CCRI-9504; 2) SEC. ID. nº 70, nº 132, nº 154 y nº 155 para la cepa CCRI-2025; 3) SEC. ID. nº 70, nº 132, nº 148, nº 149, nº 158 y nº 159 para la cepa CCRI-9681; 4) SEC. ID. nº 70, nº 132, nº 187, y nº 188 para la cepa CCRI-9860; 5) SEC. ID. nº 70, nº 132, nº 150 y nº 159 para la cepa CCRI-9589; 6) SEC. ID. nº 114, nº 123, nº 132, nº 150 y nº 158 para la cepa CCRI-9583; 7) SEC. ID. nº 70, nº 132, nº 154 y nº 155 para la cepa CCRI-1377, 8) SEC. ID. nº 70, nº 132, nº 158 y nº 159 para la cepa CCRI-9208; 9) SEC. ID. nº 68, nº 70, nº 132, nº 145, nº 146, nº 147 y nº 158 para la cepa CCRI-1331; y 10) SEC. ID. nº 126 y nº 127 para la cepa CCRI-9770.

En una cepa (CCRI-9770) se demostró que los genes *orfX* y *orf*SA0022 se había eliminado total o parcialmente basándose en la ampliación que utiliza cebadores específicos para estos genes (SEC. ID. nº 132 y n: 159) y las SEC. ID. nº 128 y nº 129, respectivamente) (Tabla 8). Posteriormente, se diseñó un nuevo cebador de PCR en *orf*SA0021 (SEC. ID. nº 126) para ser utilizado con el mismo cebador en el gen *mecA* (SEC. ID. nº 69). Se obtuvo un producto de ampliación de 4,5 kb con este conjunto cebador. La ampliación, purificación de amplicones y el secuenciado de amplicones se llevó a cabo tal como se describió anteriormente.

Para obtener la secuencia de la zona SCC*mec* que contiene *mecA* para diez de las 20 cepas de MRSA descritas en la Tabla 3 (CCRI-9504, CCRI-2025, CCRI-9208, CCRI-1331, CCRI-9681, CCRI-9860, CCRI-9770, CCRI-9589, CCRI-9583 y CCRI-1377), el cebador descrito anteriormente diseñado en *mecA* (SEC. ID. nº 69) se utilizó en combinación con un cebador diseñado en la zona corriente abajo de *mecA* (SEC. ID. nº 118) (Tabla 8). Se obtuvo un producto de ampliación de 2 kb para todas las cepas probadas. Para una cepa, CCRI-9583, se llevó a cabo una reampliación con las SEC. ID. nº 96 y nº 118 de los cebadores con el amplicón generado con los cebadores SEC. ID. nº 69 y nº 132 descrito anteriormente. La ampliación, reampliación, purificación de los amplicones y las reacciones de secuenciado se llevaron a cabo como se describió anteriormente. Las reacciones de secuenciado se llevaron a cabo con los amplicones generados con las SEC. ID. nº 69 y nº 132 descritas anteriormente o las SEC. ID. nº 69 y nº 118. Se utilizaron diferentes conjuntos de cebadores de secuenciado para cada cepa de *S. aureus*.: 1) SEC. ID. nº 69, nº 96, nº 117, nº 118, nº 120, nº 151, nº 152 para las cepas CCRI-9504, CCRI-2025, CCRI-1331, CCRI-9770 y CCRI-1377; 2) SEC. ID. nº 69, nº 96, nº 118 y nº 120 para las cepas CCRI-9208, CCRI-9681 y CCRI-9589; 3) SEC. ID. nº 69, nº 96, nº 117, nº 118, nº 120 y nº 152 para las cepas CCRI-9860; y 4) SEC. ID. nº 96, nº 117, nº 118, nº 119, nº 120, nº 151 y nº 152 para las cepas CCRI-9583.

Las secuencias obtenidas para 16 de las 20 cepas no ampliables por el ensayo de Hiramatsu (Tabla 4) se compararon a continuación con las secuencias disponibles en las bases de datos públicas. En todos los casos, las porciones de la secuencia tenían una identidad próxima al 100% con las secuencias disponibles públicamente para *orfX* (SEC. ID. nº 42 a nº 51, nº 165 a nº 168 y nº 171) o *mecA* y la zona corriente abajo (SEC. ID. nº 27 a nº 31, nº 189 a nº 193, nº 195, nº 197 a nº 199 y nº 225). Sin embargo, aunque la fracción *orfX* de los fragmentos (SEC. ID. nº 42 a nº 51, nº 165 a nº 168 y nº 171) compartía casi el 100% de identidad con el gen *orfX* de la cepa NCTC 8325 de MSSA descrita por Hiramatsu *et al*. (SEC. ID. nº 3), la secuencia del ADN en el extremo derecho del propio SCC*mec* se demostró que era muy diferente de las de los tipos I, II, III, y IV descritos por Hiramatsu *et al*. (Tabla 13, Figura 4). Se obtuvieron seis nuevos tipos de secuencia diferentes.

Debe señalarse que Hiramatsu *et al*. demostraron que el tipo I de SCC*mec* podía estar asociado con el tipo i de MREP, los tipos II y IV de SCC*mec* están asociados con el tipo ii de MREP y el tipo III de SCC*mec* está asociado con el tipo iii de MREP. Los datos de secuenciado de MREJ de los inventores de varias cepas de MRSA condujeron al descubrimiento de 6 nuevos tipos de MREP denominados tipos iv, v, vi, vii, viii y ix. Las MREJ que comprenden distintos tipos de MREP se designaron según el esquema de numeración de MREP. Por consiguiente el tipo i de MREP está comprendido dentro del tipo i de MREJ, el tipo ii de MREP está comprendido dentro del tipo ii de MREJ y así sucesivamente hasta el tipo ix de MREP.

Las secuencias dentro del extremo derecho de SCC*mec* obtenidas a partir de las cepas CCRI-178, CCRI-8895, CCRI-8903, CCRI-1324, CCRI-1331 y CCRI-9504 (SEC. ID. nº 42, nº 43, nº 44, nº 45, nº 46 y nº 51) eran casi idénticas entre sí y presentaban casi el 100% de identidad con IS*431* (números de registro en GenBank AF422691, ABO37671, AF411934). Sin embargo, los datos de la secuencia de los inventores pusieron de manifiesto por primera vez la posición de esta secuencia IS*431* en el extremo derecho de SCC*mec* adyacente a la secuencia de integración. Por consiguiente, como las secuencias en el extremo derecho de SCC*mec* de estas 6 cepas de MRSA eran diferentes de las del tipo I de SCC*mec* de la cepa NCTC 10442, del tipo II de SCC*mec* de la cepa N315, del tipo III de SCC*mec* de la cepa 85/2082 y del tipo IV de SCC*mec* de las cepas CA05 y 8/6-3P descritas por Hiramatsu *et al*. (Ito *et al*., 2001, *Antimicrob. Agents Chemother*. 45:1323-1336; Ma *et al*., 2002, *Antimicrob. Agents Chemother*. 46:1147-1152), estas nuevas secuencias se denominaron tipo iv de MREP (SEC. ID. nº 42 a nº 46 y nº 51). Una búsqueda en BLAST con el fragmento SCC*mec* de las secuencias de tipo iv de MREP produjo alineaciones significativas con las secuencias que codifican fracciones de una variedad de transposasas conocidas. Por ejemplo, cuando se compara con el nº de registro

AB037671 del GenBank, el tipo iv de MREP de la SEC. ID. nº 51 compartía el 98% de identidad con la supuesta transposasa de IS*431* y su zona corriente abajo; dos huecos de 7 nucleótidos cada uno estaban también presentes en esta alineación.

Las secuencias obtenidas a partir de las cepas CCRI-1263, CCRI-1377, CCRI-1311 y CCRI-2025 (SEC. ID. nº 47 a nº 50), eran casi idénticas entre sí y diferentes de los tres tipos de SCC*mec* y del tipo iv de MREP y, por consiguiente, se denominaron tipo v de MREP. Cuando se comparan con las secuencias del GenBank que utiliza BLAST, las secuencias de tipo v de MREP no compartían ninguna homología significativa con ninguna secuencia publicada, excepto para los primeros 28 nucleótidos. Este segmento corto corresponde a los 11 últimos nucleótidos de codificación de *orfX*, seguido de los 17 nucleótidos corriente abajo, incluyendo la repetición derecha invertida (IR-R) de SCC*mec*.

La secuencia obtenida de la cepa CCRI-9208 era también diferente de los tres tipos de SCC*mec* y de los tipos iv y v de MREP y, por consiguiente, se denominó tipo vi de MREP (SEC. ID. nº 171). En una búsqueda en BLAST, el tipo vi de MREP se demostró que era único, no presentando ninguna homología significativa con ninguna secuencia publicada.

Las secuencias obtenidas de las cepas CCRI-9583 y CCRI-9589 eran también diferentes de los tres tipos de SCC*mec* y de los tipos iv a vi de MREP y se denominaron por consiguiente tipo vii de MREP (SEC. ID. nº 165 y nº 166). En una búsqueda en BLAST, el tipo vii de MREP se demostró también que era único, no presentando ninguna homología significativa con ninguna secuencia publicada. La secuencia obtenida a partir de la cepa CCRI-9860 fue también diferente de los tres tipos de SCC*mec* y de los tipos iv a vii de MREP y se denominó por consiguiente tipo viii de MREP (SEC. ID. nº 167). La secuencia de la cepa CCRI-9681 era también diferente de los tres tipos de SCC*mec* y de los tipos iv a viii de MREP y se denominó por consiguiente tipo ix de MREP (SEC. ID. nº 168). Las búsquedas en BLAST con la fracción SCC*mec* de las secuencias de los tipos viii y ix de EPMR proporcionaron alineaciones significativas, pero solamente para los primeros 150 nucleótidos de cada tipo de MREP. Por ejemplo, el comienzo de la secuencia de tipo viii de MREP presentaba 88% de identidad con una fracción del nº de registro AB063173 en el GenBank, pero no se encontró ninguna homología significativa con ninguna secuencia publicada en el resto de la secuencia. De la misma manera, los primeros 150 nucleótidos del tipo ix de MREP tenían el 97% de identidad con la misma fracción de AB063173, siendo el resto de la secuencia exclusiva. La fracción homóloga corta de los tipos viii y ix de MREP corresponde en AB063173 con los 14 últimos nucleótidos de codificación de *orfX*, la IR-R de SCC*mec*, y una fracción de *orf*CM009. Aunque compartiendo similitudes, los tipos viii y ix de MREP son muy diferentes uno de otro; como se muestra en la Tabla 13, existe solamente el 55,2% de identidad entre ambos tipos para los primeros 500 nucleótidos de la fracción SCC*mec*.

Por último, no se obtuvieron ninguna secuencia en SSC*mec* de la cepa CRI-9770. Sin embargo, como se describe en el apartado "Secuenciado de las secuencias nucleotídicas de MREJ de las cepas de MRSA no ampliables con los cebadores específicos para los tipos I, II y III de SCC*mec*", esta cepa presenta aparentemente una eliminación parcial o total de los genes *orfX* y *orf*SA0022 en el ADN cromosómico a la derecha del punto de integración de SCC*mec* y esto representaría una nueva unión del extremo derecho. Se denominó por lo tanto esta nueva secuencia tipo x de MREP (SEC. ID. nº 172). El secuenciado futuro debería poner de manifiesto si este también denominado tipo x de MREJ contiene un nuevo tipo x de MREP o si la falta de ampliación es producida de hecho por la variación en la parte cromosómica de la MREJ.

Las secuencias del primer fragmento de 500 nucleótidos del extremo derecho de todos los SCC*mec* obtenidos en la presente invención se compararon con los tipos I, II y III de SCC*mec* utilizando los programas Pileup y Gap de GCG. La Tabla 13 representa las identidades a nivel de nucleótidos entre los extremos derechos de SCC*mec* de las seis nuevas secuencias con las de los tipos I, II y III de SCC*mec* utilizando el programa Gap de GCG. Aunque los tipos I y II de SCC*mec* presentaban casi el 79,2% de identidad (diferenciándose solamente en una inserción de 102 pb presente en el tipo II de SCC*mec*) (Figuras 1, 2 y 4), todos los demás tipos de MREP presentaron identidades que oscilan entre 40,9 y 57,1%. Esto explica porqué los extremos derechos de los nuevos tipos iv a ix de MREP dados a conocer en la presente invención podrían no haber sido previstos ni detectados con el sistema descrito por Hiramatsu *et al*.

Cuatro cepas (CCRI-1312, CCRI-1325, CCRI-9773 y CCRI-9774) descritas en la Tabla 3 no fueron secuenciadas sino más bien caracterizadas utilizando los cebadores de PCR. Las cepas CCRI-1312 y CCRI-1325 se demuestra que contienen el tipo v de MREP que utiliza cebadores de ampliación específica descritos en los ejemplos 4, 5 y 6 mientras que las cepas CCRI-9773 y CCRI-9774 se demuestra que contienen el tipo vii de MREP que utiliza los cebadores específicos de ampliación descritos en el ejemplo 7.

Para obtener la secuencia completa del SCC*mec* presente en las cepas MRSA descritas en la presente invención, se desarrollaron los cebadores que se dirigen al cromosoma de *S. aureus* a la izquierda (corriente arriba del gen *mec*A) del punto de integración SCC*mec*. Basándose en las secuencias de las bases de datos públicas disponibles, se diseñaron 5 cebadores diferentes (SEC. ID. nº 85 a nº 89) (Tabla 9). Estos cebadores pueden utilizarse en combinación con los cebadores específicos para el cromosoma de *S. aureus* para secuenciar el SCC*mec* completo o, alternativamente, utilizarse en combinación con el cebador específico para *mec*A (SEC. ID. nº 81) para secuenciar la unión del extremo izquierdo de SCC*mec*. Se han desarrollado también varios cebadores específicos para secuencias conocidas de SCC*mec* extendidas a lo largo del locus con objeto de obtener la secuencia completa de SCC*mec* (Tabla 9). Estos cebadores permitirán asignar un tipo de SCC*mec* a las cepas de MRSA descritas en la presente invención.

Selección de cebadores de ampliación para las secuencias SCCmec/orfX

Las secuencias de MREJ determinadas por los inventores o seleccionadas a partir de bases de datos públicas se utilizaron para seleccionar cebadores de PCR para la detección e identificación de MRSA. La estrategia utilizada para seleccionar estos cebadores de PCR se basó en el análisis de alineaciones de secuencias múltiples de varias secuencias de MREJ.

En el análisis de los datos de las secuencias de los seis nuevos tipos iv a ix de MREP descritos anteriormente, se diseñaron los cebadores específicos para cada secuencia de nuevo tipo de MREP (SEC. ID. nº 79, nº 80, nº 109, nº 112, nº 113, nº 115, nº 116 y nº 204) (Figura 2, Tabla 5, Ejemplos 3, 4, 5, 6, 7 y 8). Los cebadores específicos para los tipos iv, v y vii de MREP (SEC. ID. nº 79, nº 80 y nº 112) se utilizaron en multiplex con los tres cebadores para detectar los tipos I, II y III de SCC*mec* (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67) y el cebador específico para el *orfX* de *S. aureus* (SEC. ID. nº 64) (Ejemplos 3, 4, 5, 6 y 7). Los cebadores específicos para los tipos vi, viii y ix de MREP (SEC. ID. nº 204, nº 115, nº 116 y nº 109) se diseñaron también y se probaron frente a su diana específica (Ejemplo 8).

Detección de los productos de ampliación

Clásicamente, la detección de los productos de ampliación por PCR se lleva a cabo por electroforesis en gel de agarosa teñido con bromuro de etidio convencional como se describió anteriormente. Sin embargo es evidente que pueden utilizarse otros procedimientos para la detección de los productos de ampliación específicos, que pueden ser más rápidos y más prácticos para el diagnóstico rutinario. Los ejemplos de dichos procedimientos se describen en la solicitud de patente WO 01/23604 A2 en trámite con la presente.

La detección del amplicón puede realizarse también mediante soporte sólido o hibridación líquida utilizando sondas de ADN internas específicas para la especie que hibridan un producto de ampliación. Dichas sondas pueden generarse de cualquier secuencia del repertorio de los inventores y diseñarse para hibridar específicamente productos de ampliación de ADN que son objeto de la presente invención. Alternativamente, los amplicones pueden caracterizarse por secuenciado. Véase la solicitud de patente en trámite con la presente WO 01/23604 A2 para ejemplos de procedimientos de detección y secuenciado.

Con objeto de mejorar la eficacia de la ampliación de ácidos nucleicos, puede modificarse la composición de la mezcla de reacción (Chakrabarti y Schutt, 2002, *Biotechniques*, 32:866-874; Al-Soud y Radstrom, 2002, *J. Clin. Microbiol*., 38:4463-4470; Al-Soud y Radstrom, 1998*, Appl. Environ. Microbiol*., 64:3748-3753; Wilson, 1997, *Appl. Environ. Microbiol*., 63:3741-3751). Dichas modificaciones de la mezcla de reacción de ampliación incluyen la utilización de varias polimerasas o la adición de facilitadores de ampliación de ácido nucleico tales como betaína, BSA, sulfóxidos, proteína gp32, detergentes, cationes, cloruro de tetrametilamonio y otros.

En una forma de realización preferida, se controló la detección en tiempo real de la ampliación por PCR publicando sondas moleculares fluorescentes en un aparato Smart Cycler® (Cepheid, Sunnyvale, CA). Se desarrolló un ensayo por PCR multiplex que contiene cebadores específicos para los tipos i a v de MREP y orfX de *S. aureus* (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80), una sonda molecular fluorescente específica para la secuencia *orfX* (SEC. ID. nº 84, véase el Anexo II y la Figura 2) y un control interno para controlar que la inhibición de la PCR. El control interno contiene secuencias complementarias para los cebadores específicos para el tipo iv de MREP y para *orfX* (SEC. ID. nº 79 y nº 64). El ensayo también contiene una sonda molecular fluorescente marcada con tetracloro-6-carboxifluoresceína (TET) específica para la secuencia en el fragmento de ADN generado durante la ampliación del control interno. Cada reacción de PCR contenía KCl 50 mM, tris-HCl 10 Mm (pH 9,0),Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 3,45 mM, 0,8 μM de cada uno de los cebadores específicos para MREP (SEC. ID. nº 66 y nº 67) y cebador específico para orfX (SEC. ID. nº 64), 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para MREP (SEC. ID. nº 79 y nº 80), 80 copias de la referencia interna, 0,2 μM de la sonda molecular fluorescente marcada con TET específica para la referencia interna, 0,2 μM de la sonda molecular fluorescente (SEC. ID. nº 84) marcada con 6-carboxi-fluoresceína (FAM), 330 μM de cada uno de los cuatro dNTP (Pharmacia Biotech), 3,45 μg/μl de BSA (Sigma) y 0,875 U de *Taq* ADN polimerasa (Promega) acoplada con el anticuerpo *TaqStart*™ (BD Biosciences). La ampliación por PCR en el Smart Cycler® se llevó a cabo de la forma siguiente: 3 min. a 95ºC para la desnaturalización inicial, a continuación cuarenta y ocho ciclos en tres etapas consistentes en 5 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 15 segundos a 60ºC para la etapa de hibridación, y 15 segundos a 72ºC para la etapa de ampliación. Las pruebas de sensibilidad realizadas utilizando ADN genómico purificado de una cepa de MRSA de cada tipo (i a v) de MREP presentaba un límite de detección de 2 a 10 copias del genoma (Ejemplo 5). Ninguno de los 26 MRCNS o 10 MSCNS probados eran positivos con este ensayo multiplex. Las ocho cepas de MRSA (CCRI-9208, CCRI-9770, CCRI-9681, CCRI-9860, CCRI-9583, CCRI-9773, CCRI-9774, CCRI-9589) que albergan las secuencias de los nuevos tipos vi, viii, ix y x de MREP descritas en la presente invención permanecieron indetectables (Ejemplo 5).

En una forma de realización preferida, se evaluó la detección de MRSA utilizando el ensayo de la PCR multiplex en tiempo real en el aparato Smart Cycler® (Cepheid, Sunnyvale, CA) directamente de muestras clínicas. Un total de 142 extensiones nasales se recogieron durante el programa de vigilancia hospitalaria de MRSA en el Montreal General Hospital (Montreal, Quebec, Canadá). Las muestras de las extensiones se analizaron en el Centre de Recherche en Infectiologie de l'Université Laval a las 24 horas de la recogida. Durante la recepción, las extensiones se colocaron en placas en manitol agar-agar y a continuación el material nasal de la misma extensión se preparó con un protocolo

de preparación de muestras sencillo y rápido descrito en la solicitud de patente en trámite número US 60/306.163. La identificación clásica de MRSA se realizó por los procedimientos de cultivo habituales.

El ensayo de PCR detectó 33 de las 34 muestras positivas para MRSA basado en el procedimiento de cultivo. En comparación con el cultivo, el ensayo de la PCR detectó 8 muestras adicionales positivas a MRSA para una sensibilidad de 97,1% y una especificidad de 92,6% (Ejemplo 6): Este ensayo de PCR multiplex representa un procedimiento rápido y potente para la detección específica de vehículos de MRSA directamente de las muestras nasales y puede utilizarse con algunos tipos de muestras clínicas tales como heridas, sangre o cultivo sanguíneo, CSF, etc.

En una forma de realización preferida, se desarrolló un ensayo de PCR multiplex que contiene cebadores específicos para los tipos i, ii, iii, iv, v, y vi y de MREP y *orfX* de *S. aureus* (SEC. ID. nº 66, nº 67, nº 79, nº 80 y nº 112) y tres sondas moleculares fluorescentes específicas para la secuencia orfX que permitió la detección de los polimorfismos de dos secuencias identificados en esta zona de la secuencia orfX. Cuatro de las cepas que no fueron detectadas por el ensayo multiplex para la detección de los tipos i a v de MREP se detectaron ahora con este ensayo multiplex mientras que las cuatro cepas de MRSA (CCRI-9208, CCRI-9770, CCRI-9681 y CCRI-9860) que albergan los tipos vi, viii, ix y x de MREP descritos en la presente invención permanecieron indetectables (Ejemplo 7). Los cebadores específicos para los tipos vi, viii y ix de MREP (SEC. ID. nº 204, nº 115, nº 116 y nº 109) se diseñaron también y se demostró que detectan sus cepas diana específicas (Ejemplo 8). Mientras que los cebadores y sondas dadas a conocer por Hiramatsu *et al*., permitían la detección solamente del 48,7% (19 cepas de cada 39) de las cepas de MRSA de la Tabla 2, los cebadores y sondas procedentes de la presente invención permiten la detección del 97,4% de las cepas (38 cepas de cada 39) (véanse los Ejemplos 7 y 8). Por consiguiente puede decirse que el análisis de los inventores tiene una ubicuidad superior al 50% para las cepas de MRSA enumeradas en la Tabla 2.

Ensayos de especificidad, ubicuidad y sensibilidad para cebadores y sondas de oligonucleótidos

La especificidad de los cebadores y sondas oligonucleotídicos se determinó por ampliación de ADN o por hibridación con especies de estafilococos. Todas las especies de estafilococos ensayadas eran probablemente patógenos asociados a infecciones o contaminantes potenciales que pueden aislarse de muestras clínicas. Cada ADN diana pudo liberarse de células microbianas utilizando los tratamientos químicos y/o físicos convencionales para lisar las células (Sambrook *et al*., 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª ed., Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) o alternativamente, se utilizó ADN genómico purificado con el kit GNOME™ DNA (Qbiogene, Carlsbad, CA). Posteriormente, el ADN se sometió a ampliación con el conjunto de cebadores. Los cebadores o sondas específicos se hibridaron solamente con el ADN diana.

En los cebadores de oligonucleotídicos descubiertos para ampliar específicamente el ADN en el MRSA diana se determinó posteriormente su ubicuidad por ampliación (es decir los cebadores omnipresentes ampliaron de manera eficaz la mayoría o todas las cepas de MRSA). Por último, se determinó la sensibilidad analítica de los ensayos de la PCR utilizando diluciones de 10 veces o 2 veces de ADN genómico purificado procedente de los microorganismos diana. Para la mayoría de los ensayos, se obtuvieron niveles de sensibilidad comprendidos en el intervalo de copias de 2 a 10 genomas. La especificidad, ubicuidad y sensibilidad analítica de los ensayos de la PCR se determinaron directamente con cultivos bacterianos o con ADN genómico bacteriano purificado.

Se analizaron sondas moleculares fluorescentes utilizando la plataforma Smart Cycler® tal como se describió anteriormente. Una sonda molecular fluorescente se consideraba específica solamente cuando hibridaba solamente al ADN ampliado en el MREJ de *S. aureus*. En las sondas moleculares fluorescentes descubiertas por ser específicas se determinó posteriormente su ubicuidad (es decir, las sondas omnipresentes detectaron eficazmente la mayoría o todas las cepas del MRSA) por hibridación con los ADN bacterianos de varias cepas de MRSA.

Cepas bacterianas

Las cepas de referencia utilizadas para construir subrepertorios de datos de la secuencia de unión del extremo derecho del cromosoma de *SCCmec* de la patente, así como para probar los ensayos de ampliación e hibridación, se obtuvieron en: (i) la American Type Culture Collection (ATCC), (ii) el Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) (Ste-Anne de Bellevue, Québec, Canadá), (iii) los Centres for Disease Control and Prevention (CDC) (Atlanta, GA), (iv) el Institut Pasteur (París, Francia) y v) la Harmony Collection (Londres, Reino Unido) (Tabla 14). Las cepas clínicas de MRSA, MSSA, MRCNS y MSCNS de varias áreas geográficas se utilizaron también en la presente invención (Tabla 15). La identidad de las cepas de MRSA de los inventores se confirmó por ensayo genotípico y se reconfirmó por análisis de la PCR utilizando los cebadores específicos para *S. aureus* y los cebadores específicos para *mecA* (SEC. ID. nº 69 y nº 81) (Martineau *et al*., 2000, *Antimicrob. Agents Chemother*, 44:231-238).

Para una mayor claridad, a continuación se presentan los Ejemplos, Tablas, Figuras y Anexos de la presente invención.

Descripción de los ejemplos

Ejemplo 1: Los cebadores desarrollados por Hiramatsu *et al*. pueden detectar solamente cepas de MRSA que pertenecen a los tipos i, ii e iii de MREP aunque omitiendo los nuevos tipos de MREP frecuentes.

Ejemplo 2: Detección e identificación de MRSA utilizando cebadores específicos para las secuencias de los tipos i, ii e iii de MREP desarrollados en la presente invención.

Ejemplo 3: Desarrollo de un ensayo de la PCR multiplex en un termociclador convencional para la detección e identificación de MRSA basado en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP.

Ejemplo 4: Desarrollo de un ensayo de la PCR multiplex en tiempo real en el Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basado en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP.

Ejemplo 5: Desarrollo de un ensayo de la PCR multiplex en tiempo real en el Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basado en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP e incluyendo una referencia interna.

Ejemplo 6: Detección de MRSA utilizando el ensayo multiplex en tiempo real del Smart Cycler® basado en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP para la detección de MRSA directamente en muestras clínicas.

Ejemplo 7: Desarrollo de un ensayo de la PCR multiplex en tiempo real en el Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basado en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv, v, vi y vii de MREP.

Ejemplo 8: Desarrollo de ensayos de la PCR en tiempo real en el Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basado en los tipos vi, viii y ix de MREP.

Descripción de las tablas

La Tabla 1 proporciona información acerca de todos los cebadores de la PCR desarrollados por Hiramatsu *et al*. en la patente US nº 6.156.507.

La Tabla 2 es una compilación de resultados (ubicuidad y especificidad) para la detección de la unión del extremo derecho SCC*mec-orfX* utilizando los cebadores descritos por Hiramatsu *et al*. en la patente US nº 6.156.507 en un termociclador convencional.

La Tabla 3 es una lista de las cepas de MRSA no ampliables utilizando cebadores diana de los tipos I, II y III de las secuencias de la unión del extremo derecho de SCC*mec-orfX*.

La Tabla 4 es una lista de nuevas secuencias puestas de manifiesto en la presente invención.

La Tabla 5 proporciona información acerca de todos los cebadores desarrollados en la presente invención.

La Tabla 6 es una lista de las sondas modelo moleculares desarrolladas en la presente invención.

La Tabla 7 presenta los tamaños del amplicón de los diferentes pares de cebador descritos por Hiramatsu *et al*. en la patente US nº 6.156.507 o desarrollados en la presente invención.

La Tabla 8 proporciona información acerca de los cebadores desarrollados en la presente invención para secuenciar la unión del extremo derecho del cromosoma de SCC*mec*.

La Tabla 9 proporciona información acerca de los cebadores desarrollados en la presente invención para obtener la secuencia del SCC*mec* completa.

La Tabla 10 es una lista de las secuencias disponibles en las bases de datos públicas (GenBank, proyectos de genoma o patente US nº 6.156.507) utilizadas en la presente invención para diseñar cebadores y sondas.

La Tabla 11 proporciona la sensibilidad analítica del ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando los tipos I, II e III de cebadores diana de las secuencias de unión al extremo derecho de SCC*mec-orfX* y realizadas utilizando un termociclador convencional.

La Tabla 12 es una compilación de resultados (ubicuidad y especificidad) para la detección de MRSA utilizando los cebadores desarrollados en la presente invención con los tipos I, II y III diana de las secuencias de unión del extremo derecho de SCC*mec-orfX* y realizadas utilizando un termociclador convencional.

La Tabla 13 presenta una comparación de identidades de secuencias entre los 500 primeros nucleótidos de los extremos derechos de SCC*mec* entre 9 tipos de MREP.

La Tabla 14 proporciona información acerca de las cepas de referencia de MRSA, MSSA, MRCNS y MSCNS utilizadas para validar los ensayos de la PCR desarrollados en la presente invención.

La Tabla 15 proporciona información acerca del origen de las cepas clínicas de MRSA, MSSA, MRCNS y MSCNS utilizadas para validar los ensayos de la PCR descritos en la presente invención.

La Tabla 16 representa la sensibilidad analítica del ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando cebadores que se dirigen a 5 tipos de secuencias de MREP y realizados en un termociclador convencional.

La Tabla 17 es una compilación de resultados (ubicuidad y especificidad) para el ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando 5 tipos de secuencias de MREP que dirigen los cebadores y realizado en un termociclador convencional.

La Tabla 18 representa la sensibilidad analítica del ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando la plataforma Smart Cycler® para la detección de 5 tipos de MREP.

La Tabla 19 es una compilación de resultados (ubicuidad y especificidad) para el ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando cebadores y una sonda molecular fluorescente que se dirige a 5 tipos de secuencias de MREP y se realiza en la plataforma Smart Cycler®.

La Tabla 20 representa la sensibilidad analítica del ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando la plataforma Smart Cycler® para la detección de 6 tipos de MREP.

La Tabla 21 es una compilación de resultados (ubicuidad y especificidad) para el ensayo de la PCR desarrollado en la presente invención utilizando cebadores y una sonda molecular fluorescente que se dirige a 6 tipos de secuencias de MREP y se realiza en la plataforma Smart Cycler®.

Descripción de las figuras

La Figura 1 es un diagrama que ilustra la posición de los cebadores desarrollados por Hiramatsu *et al*. (patente US nº 6.156.507) en la unión del extremo derecho del cromosoma de SCC*mec* para la detección e identificación de MRSA.

La Figura 2 es un diagrama que ilustra la posición de los cebadores seleccionados en la presente invención en la unión del extremo derecho de SCC*mec-orfX* para la detección e identificación de MRSA.

La Figura 3 es un diagrama que ilustra la posición de los cebadores seleccionados en la presente invención para secuenciar nuevos tipos de MREP.

La Figura 4 ilustra una alineación de la secuencia de nueve tipos de MREP.

Leyendas de las figuras

Figura 1. Organización esquemática de las uniones del extremo derecho de SCC*mecorfX* de los tipos I, II y III y localización de los cebadores (SEC. ID. nº 52 a nº 63) descritos por Hiramatsu *et al*. para la detección e identificación de MRSA. Los tamaños de amplicón se representan en la Tabla 7.

Figura 2. Organización esquemática de los tipos i, ii, iii, iv, v, vi, vii, viii y ix de MREP y localización de los cebadores y modelo molecular que se dirige a todos los tipos de MREP (SEC. ID. nº 20, nº 64, nº 66, nº 67, nº 79, nº 80, nº 84, nº 112, nº 115, nº 116, nº 84, nº 163 y nº 164) que se desarrollaron en la presente invención. Los tamaños de amplicón se representan en la Tabla 7.

Figura 3. Organización esquemática de las uniones del extremo derecho del cromosoma SCC*mec* y localización de los cebadores (SEC. ID. nº 65, nº 68, nº 69, nº 70, nº 77, nº 96, nº 118, nº 126, nº 132, nº 150 y nº 158) desarrollados en la presente invención para el secuenciado de los tipos iv, v, vi, vii, viii, ix y x de MREP.

Figura 4. Alineación de secuencia múltiple de nueve tipos de MREP (representados por fragmentos de las SEC. ID. nº 1, nº 2, nº 104, nº 51, nº 50, nº 171, nº 165, nº 167 y nº 168 para los tipos i, ii, iii, iv, v, vi, vii, viii y ix, respectivamente).

Descripción de los anexos

Los Anexos muestran las estrategias utilizadas para la selección de cebadores y sondas internas:

El Anexo I ilustra la estrategia para la selección de cebadores de las secuencias SCC*mec* y *orfX* específicas para los tipos I y II de SCC*mec*.

El Anexo II ilustra la estrategia para la selección de sondas moleculares fluorescentes específicas para la detección en tiempo real de las uniones del extremo derecho de SCC*mec-orfX*.

Como se muestra en estos Anexos, los cebadores de ampliación seleccionados pueden contener inosinas y/o ambigüedades de base. La inosina es un análogo nucleotídico capaz de unirse específicamente a cualquiera de los cuatro nucleótidos A, C, G o T. Alternativamente, se utilizaron oligonucleótidos degenerados que consisten en una mezcla de oligonucleótidos con dos o más de los cuatro nucleótidos A, C, G o T en el punto de los emparejamientos incorrectos. La inclusión de inosina y/o de degeneraciones en los cebadores de ampliación permite la tolerancia de emparejamiento incorrecto permitiendo de este modo la ampliación de un despliegue más amplio de secuencias nucleotídicas diana (Dieffenbach y Dveksler, 1995, PCR Primer: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, Nueva York).

Ejemplos

Ejemplo 1

Los cebadores desarrollados por Hiramatsu et al. pueden detectar solamente las cepas de MRSA que pertenecen a los tipos i, ii e iii de MREP mientras que omite los nuevos tipos de MREP frecuentes

Como se muestra en la Figura 1, Hiramatsu *et al*. han desarrollado varios cebadores que pueden hibridar específicamente los extremos derechos de los ADN de SCC*mec* de los tipos I, II y III. Ellos combinaron estos cebadores con cebadores específicos para la zona cromosómica de *S. aureus* situada a la derecha del punto de integración de SCC*mec* para la detección de MRSA. Hiramatsu *et al*. demostraron que el conjunto de cebadores (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60 en la presente invención) era el más específico y omnipresente para la detección de MRSA. Este conjunto de cebadores proporciona productos de ampliación de 1,5 kb para el tipo I de SCC*mec*, 1,6 kb para el tipo II de SCC*mec*, y 1,0 kb para el tipo III de SCC*mec* (Tabla 7). La ubicuidad y especificidad de este ensayo de PCR multiplex se determinó en 39 cepas de MRSA, 41 cepas de SAMS, 9 cepas de MRCNS y 11 cepas de MSCNS (Tabla 2). Un μl de una suspensión bacteriana estandarizada tratada o de una preparación de ADN genómico bacteriano purificada en bacterias se ampliaron en 20 μl de mezcla de reacción PCR. Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 9,0), Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 2,5 mM, 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para SCC*mec* y *orfX* (SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60), 200 μM de cada uno de los cuatro dNTP (Pharmacia Biotech), 3,3 μg/μl de BSA (Sigma) y 0,5 U de *Taq* polimerasa (Promega) acoplada con anticuerpo *Taq*Start™ (BD Biosciences).

Las reacciones de PCR se sometieron a continuación a ciclación térmica: 3 min. a 94ºC seguido de 40 ciclos de 60 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 60 segundos a 55ºC para la etapa de hibridación y 60 segundos a 72ºC para la etapa de ampliación, seguidas a continuación de una ampliación terminal de 7minutos a 72ºC utilizando un termociclador convencional (PTC-200 de MJ Research Inc.). La detección de los productos de PCR se realizó por electroforesis en geles de agarosa (2%) que contenían 0,25 μg/μl de bromuro de etidio.

Ninguna de las cepas de MRCNS o MSCNS ensayadas se detectaron con el conjunto de cebadores que detecta los tipos I, II y III de SCC*mec*. Veinte de las 39 cepas de MRSA no se detectaron con este ensayo de PCR multiplex (Tablas 2 y 3). Una de estas cepas de MRSA no detectada corresponde al clon de MRSA portugués muy epidémico (cepa CCRI-9504; De Lencastre *et al*., 1994. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis*. 13:64-73) y otro corresponde al clon CMRSA1 de MRSA canadiense muy epidémico (cepa CCRI-9589; Simor *et al*. CCDR 1999, 25-12, 15 de junio). Estos datos demuestran que el conjunto cebador desarrollado por Hiramatsu *et al*. (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60 en la presente invención) no está omnipresente para la detección de MRSA y sugiere que algunas cepas de MRSA tengan secuencias en la unión del extremo derecho de SCC*mec* que son diferentes de las identificadas por Hiramatsu *et al*. Otros tipos de secuencias de SCC*mec* u otras secuencias en el extremo derecho de SCC*mec* (tipo MREP) se encuentran en MRSA. Una limitación de este ensayo es la detección no específica de 13 cepas de MSSA (Tabla 2).

Ejemplo 2

Detección e identificación de MRSA que utiliza cebadores específicos para las secuencias de los tipos i, ii e iii de MREP desarrolladas en la presente invención

Basándose en análisis de alineaciones de secuencia múltiple de las secuencias de orfX y SCC*mec* descritas por Hiramatsu *et al*. o disponibles en el GenBank, se diseñó un conjunto de cebadores (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67) capaces de ampliar segmentos cortos de los tipos I, II y III de las uniones del extremo derecho de SCC*mec-orfX* procedentes de las cepas de MRSA y discriminante de MRCNS (Anexo I y Figura 2). El conjunto elegido de cebadores proporciona productos de ampliación de 176 pb para el tipo I de SCC*mec*, 278 bp del tipo II de SCC*mec* y 223 bp para el tipo III de SCC*mec* y permite la rápida ampliación por PCR. Estos cebadores se utilizaron en una PCR multiplex para probar su ubicuidad y especificidad utilizando 208 cepas de MRSA, 252 cepas de MSSA, 41 cepas de CMSRM y 21 cepas de MRCNS (Tabla 12). La ampliación y detección por PCR se llevó a cabo tal como se describe en el Ejemplo 1. Las reacciones por PCR se sometieron a continuación a ciclado térmico (3 minutos a 94ºC seguido de 30 ó 40 ciclos de 1 se-

gundo a 95ºC para la etapa de desnaturalización y 30 segundos a 60ºC para la etapa de hibridación-ampliación y a continuación seguida por una ampliación térmica de 2 minutos a 72ºC) utilizando un termociclador convencional (PTC-200 de MJ Research Inc.). La detección de los productos de la PCR se realizó como se describe en el Ejemplo 1.

Ninguna de las cepas de MRCNS o de MSCNS ensayadas se detectaron con este conjunto de cebadores (Tabla 12). Sin embargo, las veinte cepas de MRSA que no se detectaron con el conjunto cebador desarrollado por Hiramatsu *et al*. (SEC. ID. nº 56, nº 58 y nº 60) no se detectaron tampoco con los cebadores desarrollados en la presente invención (Tablas 3 y 12). Estos datos demuestran también que algunas cepas de MRSA tienen secuencias en la unión del extremo derecho del cromosoma de SCC*mec* que son diferentes de las identificadas por Hiramatsu *et al*. De nuevo, como se observa con los cebadores de Hiramatsu, 13 cepas de MSSA se detectaron también no específicamente (Tabla 12). El significado clínico de este descubrimiento continúa sin ser demostrado ya que estas cepas de MSSA aparentes podrían ser el resultado de una eliminación reciente en el locus *mec* (Deplano *et al*., 2000, *J. Antimicrob. Chemotherapy*, 46:617-619; Inglis *et al*., 1990, *J. Gen Microbiol*., 136:2231-2239; Inglis *et al*., 1990, *J. Infect. Dis*., 167:323-328; Lawrence *et al*. 1996, *J. Hosp. Infect*., 33:49-53; Wada *et al*., 1991, *Biochem. Biophys. Res. Comm*., 176:1319-1326).

Ejemplo 3

Desarrollo de un ensayo de PCR multiplex en un termociclador convencional para la detección e identificación de MRSA basados en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP

En el análisis de los datos de la secuencia de dos de los nuevos tipos iv y v de MREP descritos en la presente invención, se diseñaron dos nuevos cebadores (SEC. ID. nº 79 y nº 80) y se utilizaron en multiplex con las tres SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67 de cebadores descritas en el Ejemplo 2. La ampliación y detección por PCR de los productos de PCR se realizó tal como se describe en el Ejemplo 2. Los ensayos de sensibilidad se realizaron utilizando diluciones de diez veces o de dos veces del ADN genómico purificado procedente de varias cepas de MRSA y cada tipo de MREP presentaba un límite de detección de 5 a 10 copias de genoma (Tabla 16). Se llevaron a cabo pruebas de especificidad utilizando 0,1 ng de ADN genómico purificado o 1 μl de una suspensión bacteriana estandarizada. Todas las cepas de MRCNS o de MSCNS probadas eran negativas con este ensayo multiplex (Tabla 17). Doce de las 20 cepas de MRSA que no se detectaron con la PCR multiplex descrita en los Ejemplos 1 y 2 no se detectaron ahora con este ensayo multiplex. De nuevo, como se observa con los cebadores de Hiramatsu, 13 cepas de MSSA se detectaron también de forma no específica (Tabla 12). Las ocho cepas de MRSA (CCRI-9208, CCRI-9583, CCRI-9773, CCRI-9774, CCRI-9589, CCRI-9860, CCRI-9681, CCRI-9770), y que alojan las nuevas secuencias de los tipos vi, vii, viii, ix y x de MREP descritas en la presente invención permanecieron indetectables.

Ejemplo 4

Desarrollo de un ensayo de PCR multiplex en el Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basados en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP

El ensayo de la PCR multiplex descrito en el Ejemplo 3 que contiene cebadores (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) se adaptó a la plataforma de Smart Cycler® (Cepheid). Una sonda molecular fluorescente específica para la secuencia de *orfX* se desarrolló (SEC. ID. nº 84, véase el Anexo II). Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 9,0), Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 3,5 mM, 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para SCC*mec* y *orfX* (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) 0,2 μM de la sonda molecular fluorescente marcada con FAM (SEC. ID. nº 84), 200 μM de cada uno de los cuatro dNTP, 3,3 μg/μl de BSA y 0,5 U de *Taq* polimerasa acoplada con anticuerpo *Taq*Start™. La ampliación por PCR en el Smart Cycler® se realizó de la manera siguiente: 3 min. a 94ºC para la desnaturalización inicial, a continuación cuarenta y cinco ciclos de tres etapas consistentes en 5 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 15 segundos a 59ºC para la etapa de hibridación y 10 segundos a 72ºC para la etapa de ampliación. La detección de fluorescencia se llevó a cabo al final de cada etapa de hibridación. Las pruebas de sensibilidad se realizaron utilizando ADN genómico purificado procedente de varias cepas de MRSA de cada tipo de MREP presentó un límite de detección de 2 a 10 copias de genoma (Tabla 18). Ninguna de las MRCNS o MSCNS eran positivas con este ensayo multiplex (tabla 19). De nuevo, como se observa con los cebadores de Hiramatsu, se detectaron también 13 cepas de MSSA de manera no específica. Doce de las veinte cepas de MRSA que no se detectaron con la PCR multiplex descrita en los Ejemplos 1 y 2 se detectaron por este ensayo multiplex. Como se describe en el Ejemplo 3, las ocho cepas de MRSA que alojan las secuencias de los tipos vi, vii, viii, ix y x de MREP descritas en la presente invención permanecieron indetectables.

Ejemplo 5

Desarrollo del ensayo de PCR multiplex en tiempo real en un Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basadas en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP incluyendo un control interno

El ensayo de la PCR multiplex descrito en el Ejemplo 4 que contiene cebadores específicos para los tipos i a v de MREP y *orfX* de *S. aureus* (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80, y una sonda molecular fluorescente específica para la secuencia *orfX* (SEC. ID. nº 84, véase Anexo II) se optimizó para incluir un control interno para controlar la

inhibición por la PCR. Este control interno contenía secuencias complementarias a los cebadores específicos para el tipo iv de MREP y para *orfX* (SEC. ID. nº 79 y nº 64). Este ensayo contiene también una sonda molecular fluorescente marcada con TET específica para la secuencia en el amplicón generado por ampliación del control interno. Cada reacción PCR contenía 50 KCl mM, Tris-HCl 10 mM (pH 9,0), Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 3,45 mM, 0,8 μM de cada uno de los cebadores específicos para MREP (SEC. ID. nº 66 y nº 67) y cebador específico para *orfX* (SEC. ID. nº 64), 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para MREP (SEC. ID. nº 79 y nº 80), 80 copias de la referencia interna, 0,2 μM de la sonda molecular fluorescente marcada con TET específica para la referencia interna, 0,2 μM de la sonda molecular fluorescente marcada con FAM (SEC. ID. nº 84), 330 μM de los cuatro dNTP (Pharmacia Biotech), 3,45 μg/μl de BSA (Sigma) y 0,875 U de *Taq* polimerasa (Promega) acoplada con el anticuerpo *Taq*Start™ (BD Biosciences). La ampliación por PCR en el Smart Cycler® se realizó de la manera siguiente: 3 min. a 95ºC para la desnaturalización inicial, a continuación cuarenta y ocho ciclos de tres etapas consistentes en 5 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 15 segundos a 60ºC para la etapa de hibridación y 15 segundos a 72ºC para la etapa de ampliación. Se realizaron pruebas de sensibilidad utilizando ADN genómico purificado procedente de una cepa de MRSA de cada tipo de MREP (i a v) presentó un límite de detección de 2 a 10 copias de genoma. Ninguna de las 26 MRCNS o 10 MSCNS eran positivas con este ensayo multiplex. De nuevo, como se observa con los cebadores de Hiramatsu, se detectaron también 13 cepas de MSSA de manera no específica. Como se describe en los Ejemplos 3 y 4, las ocho cepas de MRSA que alojan las nuevas secuencias de los tipos vi a x de MREP descritas en la presente invención permanecieron indetectables.

Ejemplo 6

Detección de MRSA utilizando el ensayo multiplex en tiempo real en el Smart Cycler® basada en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP directamente de muestras clínicas

El ensayo descrito en el Ejemplo 5 se adaptó para la detección directamente procedente de muestras clínicas. Se analizaron un total de 142 extensiones nasales recogidas durante el programa de vigilancia en hospital de MRSA en el Montreal General Hospital (Montreal, Quebec, Canadá). Las muestras de extensiones se analizaron en el Centre de Recherche en Infectiologie de la Universidad Laval a las 24 horas de la recogida. A la recepción, las extensiones se colocaron en agar-agar con manitol y a continuación se preparó el material nasal de la misma extensión con un protocolo rápido de preparación de la muestra descrito en la solicitud de patente número US 60/306.163 en trámite con la presente. La identificación clásica de MRSA se llevó a cabo por procedimientos de cultivo convencionales.

El ensayo de la PCR descrito en el Ejemplo 5 detectó 33 de las 34 muestras positivas para MRSA basándose en el procedimiento de cultivo. En comparación con el cultivo, el ensayo de la PCR detectó 8 muestras positivas a MRSA adicionales para una sensibilidad del 97,1% y una muestra del 92,6%. Este ensayo de la PCR multiplex representa un procedimiento rápido y potente para la detección específica de vehículos de MRSA directamente de las muestras nasales y puede utilizarse con cualquier tipo de muestras clínicas tales como heridas, sangre o cultivo sanguíneo, CSF etc.

Ejemplo 7

Desarrollo del ensayo de PCR multiplex en tiempo real en un Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basadas en las secuencias de los tipos i, ii, iii, iv, v y vii de MREP

En el análisis de la nueva secuencia de datos del tipo vii de MREP descrita en la presente invención (SEC. ID. nº 165 y nº 166), se diseñaron y se ensayaron dos nuevos cebadores (SEC. ID. nº 112 y nº 113) en multiplex con los 3 cebadores SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67 descritos en el Ejemplo 2. La SEC. ID. nº 112 del cebador se seleccionó para su utilización en el multiplex basándose en su sensibilidad. Tres sondas moleculares fluorescentes específicas para la secuencia *orfX* que permitía la detección de dos polimorfismos de la secuencia identificados en esta zona de la secuencia *orfX*, basada en el análisis de las SEC. ID. nº 173 a nº 186, se utilizaron también en el multiplex (SEC. ID. nº 84, nº 163 y nº 164). Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 9,0), Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 3,45 mM, 0,8 μM de cada uno de los cebadores específicos para SCC*mec* (SEC. ID. nº 66 y nº 67) y el cebador específico para *orfX* (SEC. ID. nº 64), 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para SCC*mec* (SEC. ID. nº 79 y nº 80), 0,2 μM de la sonda molecular fluorescente marcada con FAM (SEC. ID. nº 84), 330 μM de los cuatro dNTP (Pharmacia Biotech), 3,45 μg/μl de BSA (Sigma) y 0,875 U de *Taq* polimerasa (Promega) acoplada con el anticuerpo *Taq*Start™ (BD Biosciences). La ampliación por PCR en el Smart Cycler® se realizó de la manera siguiente: 3 min. a 95ºC para la desnaturalización inicial, a continuación cuarenta y ocho ciclos de tres etapas consistentes en 5 segundos a 95ºC para la etapa de desnaturalización, 15 segundos a 60ºC para la etapa de hibridación y 15 segundos a 72ºC para la etapa de ampliación. La detección de fluorescencia se realizó al final de cada etapa de hibridación. Las pruebas de sensibilidad se realizaron utilizando ADN genómico purificado procedente de varias cepas de MRSA y cada tipo de MREP presentó un límite de detección de 2 copias de genoma (Tabla 20). Ninguna de las 26 MRCNS o de las 8 MSCNS dieron positivas con este ensayo multiplex. De nuevo, como se observa con los cebadores de Hiramatsu, 13 cepas de MSSA se detectaron también de manera no específica. (Tabla 21). Cuatro de las cepas que no se detectaron con el ensayo multiplex para la detección de los tipos i a v de MREP se detectaron ahora con este ensayo multiplex mientras que las cuatro cepas de MRSA (CCRI-9208, CCRI-9770, CCRI-9681 y CCRI-9860) que alojan las secuencias de los tipos vi, viii, ix y x de MREP descritas en la presente invención permanecieron indetectables.

Ejemplo 8

Desarrollo de los ensayos de PCR en tiempo real del Smart Cycler® para la detección e identificación de MRSA basado en los tipos vi, viii y ix de MREP

En el análisis de los nuevos datos de la secuencia de los tipos vi, viii y ix de MREP descritos en la presente invención, se diseñaron nuevos cebadores específicos para el tipo vi de MREP (SEC. ID. nº 201) un cebador específico para el tipo viii de MREP (SEC. ID. nº 115), un cebador específico para el tipo ix de MREP (SEC. ID. nº 109) y un cebador específico para ambos tipos viii y ix de MREP (SEC. ID. nº 116). Cada cebador de PCR se utilizó en combinación con el cebador específico para *orfX* (SEC. ID. nº 64) y se ensayó frente a su cepa diana específica. Cada reacción PCR contenía KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 9,0), Triton X-100 al 0,1%, $MgCl_2$ 3,45 mM, 0,4 μM de cada uno de los cebadores específicos para SCC*mec* y para *orfX*, 200 μM de los cuatro dNTP, 3,4 μg/μl de BSA (Sigma) y 0,875 U de *Taq* polimerasa acoplada con el anticuerpo *Taq*Start™. Se realizó la ampliación por PCR como se describe en el Ejemplo 7. Los ensayos de sensibilidad realizados utilizando ADN genómico purificado a partir de sus respectivas cepas diana de MRSA demostraron que la mejor combinación de pares de cebador fue las SEC. ID. nº 64 y nº 115 para la detección de los tipos viii y ix de MREP simultáneamente. Estos nuevos cebadores específicos para *SCCmec* pueden utilizarse en ensayos múltiples con cebadores específicos para los tipos i, ii, iii, iv, v y vii de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) descritos en Ejemplos anteriores para proporcionar un ensayo de MRSA más omnipresente.

En conclusión, los inventores han mejorado la ubicuidad de la detección de cepas de MRSA. Se han identificado nuevos tipos iv a x de MREJ. Entre las cepas representativas de estos nuevos tipos, los cebadores y/o sondas de Hiramatsu tuvieron éxito al detectar menos del 50% de los mismos. Los inventores han pasado ampliamente por consiguiente el límite del 50% por lo menos de ubicuidad, ya que sus cebadores y sondas fueron diseñados para detectar el 100% de las cepas probadas como representativas de los tipos iv a ix de MREJ. Por consiguiente, aunque la ubicuidad depende de la mezcla de cepas y representativas que están bajo análisis, los inventores saben ahora que cerca del 100% de ubicuidad es un objetivo alcanzable, cuando utilizan las secuencias de las uniones de la derecha (MREJ) para derivar sondas y cebadores que tratan de polimorfismo en esta zona. Dependiendo de cuántos tipos desconocidos de MREJ existen, los inventores disponen de un margen de maniobra comprendido entre 50% (superior a los cebadores de Hiramatsu para las cepas ensayadas) y 100% si los inventores secuencian todos los MREJ existentes para proporcionar apropiadamente las presentes herramientas y procedimientos de diagnóstico, siguiendo las directrices anteriores.

TABLA 1

Cebadores de ampliación por PCR publicados por Hiramatsu et al. en la patente US nº 6.156.507 descritos en el listado siguiente

SEC ID nº: (presente invención)	Diana	Posición [a,b]	SEC ID nº: (patente US nº 6.156.507)
52	MREP tipos i y ii	480	18
53	MREP tipos i y ii	758	19
54	MREP tipos i y ii	927	20
55	MREP tipos i y ii	1154	21
56	MREP tipos i y ii	1755	22
57	MREP tipos i y ii	2302	23
58	MREP tipo iii	295c	24
59	*orfX*	1664	25
60	*orf*SA0022[d]	3267	28
61	*orf*SA0022[d]	3585	27
62	*orfX*	1389	26
63	*orf*SA0022[d]	2957	29

[a] Posición se refiere a la posición del nucleótido del extremo 5' del cebador.
[b] Numeración para las SEC. ID. nº 52 a nº 57 se refiere a la numeración de la SEC. ID. nº 2; para la SEC. ID. nº 58 se refiere a la numeración para la SEC. ID. nº 4; la numeración para las SEC. ID. nº 59 a nº 63 se refiere a la SEC. ID. nº 3.
[c] El cebador es complemento inverso de la secuencia diana.
[d] *orf*SA0022 se refiere a la denominación del marco de lectura abierto procedente del número de registro AP003129 del GenBank (SEC. ID. nº 231).

TABLA 2

Ensayos de especificidad y ubicuidad realizados en un termociclador convencional utilizando un conjunto óptimo de cebadores descrito por Hiramatsu et al. (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, 58 y 60 respectivamente, en la presente invención) para la detección de MRSA

Cepas	Resultados PCR para unión del extremo derecho de *orfX* SCC*mec* -	
	Positivos (%)	Negativos (%)
MRSA - 39 cepas	19 (48,7)	20 (51,2)
MSSA - 41 cepas	13 (31,7)	28 (68,3)
MRCNS - 9 cepas*	0 (0%)	9 (100%)
MSCNS -11 cepas*	0 (0%)	11 (100%)

*** Detalles en relación con las cepas CNS:**

HRCNS : *S. caprae*(1)
S. cohni cohnii(1)
S. epidermidis(1)
S. haemolyticus(2)
S. hominis(1)
S. sciuri(1)
S. simulans(1)
S. warneri(1)

MSCNS : *S. cohni cohnii*(1)
S. epidermidis(1)
S. equorum (1)
S. gallinarum (1)
S. haemolyticus(1)
S. lentus(1)
S. lugdunensis(1)
S. saccharolyticus(1)
S. saprophyticus(2)
S. xylosus (1)

TABLA 3

Origen de las cepas MRSA no ampliables utilizando los cebadores diseñados por Hiramatsu et al. (SEC. ID. nº 22, nº 24 y nº 28 en la patente US nº 6.156.507 correspondiente a las SEC. ID. nº 56, 58 y 60 respectivamente, en la presente invención), así como los cebadores desarrollados desarrollados en los tipos i, ii y iii (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67) de MREP diana de la presente invención

Denominación de la cepa *Staphylococcus aureus*:		
Original	CCRI[a]	Origen
ATCC BAA-40[b]	CCRI-9504	Portugal
ATCC 33592	CCRI-178	EEUU
R991282	CCRI-2025	Quebec, Canadá
4508	CCRI-9208	Quebec, Canadá
19121	CCRI-8895	Dinamarca
Z109	CCRI-8903	Dinamarca
45302	CCRI-1263	Ontario, Canadá
R655	CCRI-1324	Québec, Canadá
MA 50428	CCRI-1311	Québec, Canadá
MA 50609	CCRI-1312	Québec, Canadá
MA 51363	CCRI-1331	Québec, Canadá
MA 51561	CCRI-1325	Québec, Canadá
14A0116	CCRI-9681	Polonia
23 (CCUG 41787)	CCRI-9860	Suecia
SE26-1	CCRI-9770	Ontario, Canadá
SE1-1	CCRI-9583	Ontario, Canadá
ID-61880[c]	CCRI-9589	Ontario, Canadá
SE47-1	CCRI-9773	Ontario, Canadá
SE49-1	CCRI-9774	Ontario, Canadá
39795-2	CCRI-1377	Québec, Canadá

[a] CCRI son las siglas de "Collection del Centre de Recherche en Infectiologie".
[b] Clon portugués.
[c] Clon canadiense EMRSA1

TABLA 4

Secuencias nucleotídicas de MREJ de Staphylococcus aureus dadas a conocer en la presente invención

SEC ID nº.	Denominación de la cepa *Staphylococcus aureus*:		Diana Genética
	Original	CCRI[a]	
27	R991282	CCRI-2025	*mecA*
28	45302	CCRI-1263	*mecA*
29	MA 50428	CCRI-1311	*mecA*
30	MA 51363	CCRI-1331	*mecA*

TABLA 4 (continuación)

SEC ID nº.	Denominación de la cepa *Staphylococcus aureus*: Original	CCRI[a]	Diana Genética
31	39795-2	CCRI-1377	*mecA* y 1,5 kb de la región corriente abajo
42	ATCC 33592	CCRI-178	MREP tipo iv
43	19121	CCRI-8895	MREP tipo iv
44	Z109	CCRI-8903	MREP tipo iv
45	R655	CCRI-1324	MREP tipo iv
46	MA 51363	CCRI-1331	MREP tipo iv
47	45302	CCRI-1263	MREP tipo v.
48	39795-2	CCRI-1377	MREP tipo v
49	MA 50428	CCRI-1311	MREP tipo v
50	R991282	CCRI-2025	MREP tipo v
51	ATCC BAA-40	CCRI-9504	MREP tipo iv
165	SE1-1	CCRI-9583	MREP tipo vii
166	ID-61880	CCRI-9589	MREP tipo vii
167	23 (CCUG 41787)	CCRI-9860	MREP tipo viii
168	14A016	CCRI-9681	MREP tipo ix
171	4508	CCRI-9208	MREP tipo vi
172	SE26-1	CCRI-9770	*orf*SA0021[b] y 75 bp de *orf*SA0022[b]
173	26 (98/10618)	CCRI-9864	MREP tipo ii
174	27 (98/26821)	CCRI-9865	MREP tipo ii
175	28 (24344)	CCRI-9866	MREP tipo ii
176	12 (62305)	CCRI-9867	MREP tipo ii
177	22 (90/14719)	CCRI-9868	MREP tipo ii
178	23 (98/14719)	CCRI-9869	MREP tipo ii
179	32 (97S99)	CCRI-9871	MREP tipo ii
180	33 (97S100)	CCRI-9872	MREP tipo ii
181	38 (825/96)	CCRI-9873	MREP tipo ii
182	39 (842/96)	CCRI-9874	MREP tipo ii
183	43 (N8-892/99)	CCRI-9875	MREP tipo ii
184	46 (9805-0137)	CCRI-9876	MREP tipo iii
185	1	CCRI-9882	MREP tipo ii
186	29	CCRI-9885	MREP tipo ii
189	SE1-1	CCRI-9583	*mecA* y 2,2 kb de la región corriente abajo incluyendo IS931*mec*
190	ATCC BAA-40	CCRI-9504	*mecA* y 1,5 kb de la región corriente abajo
191	4508	CCRI-9208	*mecA* y 0,9 kb de la región corriente abajo
192	ID-61880	CCRI-9589	*mecA* y 0,9 kb de la región corriente abajo
193	14A016	CCRI-9681	*mecA* y 0,9 kb de la región corriente abajo

TABLA 4 (continuación)

SEC ID nº.	Denominación de la cepa *Staphylococcus aureus*: Original	CCRI[a]	Diana Genética
195	SE26-1	CCRI-9770	*mecA* y 1,5 kb de la región corriente abajo, incluyendo IS*431mec*
197	ATCC 43300	CCRI-175	MREP tipo ii
198	R522	CCRI-1262	MREP tipo iii
199	13370	CCRI-8894	MREP tipo i
219	ATCC BAA-40	CCRI-9504	*tetK*
220	MA 51363	CCRI-1331	*mecA* y 1,5 kb de la región corriente abajo
221	39795-2	CCRI-1377	IS*431mec* y 0,6 kb de la región corriente arriba
222	R991282	CCRI-2025	*mecA* y 1,5 kb de la región corriente abajo
223	R991282	CCRI-2025	IS*431mec* y 0,6 kb o de la región corriente arriba
224	23 (CCUG 41787)	CCRI-9860	*mecA* y 1,5 kb de la región corriente abajo
225	23 (CCUG 41787)	CCRI-9860	IS*431mec* y 0,6 kb de la región corriente arriba
233	14A016	CCRI-9681	MREP tipo ix

[a] CCRI son las siglas de "Collection del Centre de Recherche en Infectiologie".
[b] *orf*SA0021 y *orf*SA0022 se refieren a la denominación del marco de lectura abierto para el número de registro del GenBank AP003129 (SEC. ID. nº 231).

TABLA 5

Cebadores de PCR desarrollados en la presente invención

SEC ID nº:	Diana	AND de origen	
		Posición[a]	SEC ID nº.
64	*orfX*	1720	3
70	*orfX*	1796	3
71	*orfX*	1712	3
72	*orfX*	1749	3
73	*orfX*	1758	3
74	*orfX*	1794	3
75	*orfX*	1797	3
76	*orfX*	1798	3
66	MREP tipos i y ii	2327	2
100	MREP tipos i y ii	2323	2
101	MREP tipos i y ii	2314	2
97	MREP tipo ii	2434	2
99	MREP tipo ii	2434	2
67	MREP tipo iii	207[b]	4
98	MREP tipo iii	147[b]	4
102	MREP tipo iii	251[b]	4
79	MREP tipo iv	74[b]	43
80	MREP tipo v	50[b]	47

TABLA 5 (continuación)

SEC ID nº:	Diana	ADN de origen	
		Posición[a]	SEC ID nº.
109	MREP tipo ix	652[b]	168
204	MREP tipo vi	642[b]	171
112	MREP tipo vii	503[b]	165
113	MREP tipo vii	551[b]	165
115	MREP tipo viii	514[b]	167
116	MREP tipo viii	601[b]	167

[a] Posición se refiere a la posición nucleotídica del extremo 5' del cebador.
[b] Cebador es el complemento inverso de la secuencia diana.

TABLA 6

Sondas moleculares fluorescentes desarrolladas en la presente invención

SEC ID nº	Diana	Posición
32	*orfX*	86[a]
83	*orfX*	86[a]
84	*orfX*	34[a,b]
160	*orfX*	55[a,b]
161	*orfX*	34[a,b]
162	*orfX*	114[a]
163	*orfX*	34[a,b]
164	*orfX*	34[a,b]

[a] Posición se refiere a la posición del nucleótido del extremo 5' del bucle del modelo molecular fluorescente en la SEC. ID. nº 3.
[b] La secuencia del bucle del modelo molecular fluorescente es el complemento inverso de la SEC. ID. nº 3.

TABLA 7

Longitud de los amplicones obtenidos con los diferentes pares de cebador que son objeto de la presente invención

SEC ID nº	Diana	Longitud del amplicón
59/52[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	2079 (tipo i);2181 (tipo ii)
59/53[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	1801 (tipo i);1903 (tipo ii)
59/54[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	1632 (tipo i);1734 (tipo ii)
59/55[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	1405 (tipo i);1507 (tipo ii)
59/56[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	804 (tipo i);906 (tipo ii)
59/57[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	251 (tipo i);359 (tipo ii)
60/52[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y 11	2794 (tipo i);2896 (tipo ii)
60/53[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2516 (tipo i);2618 (tipo ii)
60/54[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2347 (tipo i);2449 (tipo ii)
60/55[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2120 (tipo i);2222 (tipo ii)
60/56[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	1519 (tipo i);1621 (tipo ii)
60/57[b]	*orf*SA0022/HREP tipo i y ii	972 (tipo i);1074 (tipo ii)
61/52[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2476 (tipo i);2578 (tipo ii)
61/53[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2198 (tipo i);2300 (tipo ii)
61/54[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2029 (tipo i);2131 (tipo ii)
61/55[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	1802 (tipo i);1904 (tipo ii)
61/56[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	1201 (tipo i);1303 (tipo ii)

TABLA 7 (continuación)

SEC ID nº	Diana	Longitud del amplicón
61/57[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	654 (tipo i);756(tipo ii)
62/52[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	2354 (tipo i);2456 (tipo ii)
62/53[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	2076 (tipo i);2178 (tipo ii)
62/54[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	1907 (tipo i);2009 (tipo ii)
62/55[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	1680 (tipo i);1782 (tipo ii)
62/56[b]	*orfX*/MREP tipo i y ii	1079 (tipo i);1181 (tipo ii)
62/57[b]	*orfX*/HREP tipo i y ii	532 (tipo i);634 (tipo ii)
63/52[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	3104 (tipo i);3206 (tipo ii)
63/53[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2826 (tipo i);2928 (tipo ii)
63/54[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2657 (tipo i);2759 (tipo ii)
63/55[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	2430 (tipo i);2532 (tipo ii)
63/56[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	1829 (tipo i);1931 (tipo ii)
63/57[b]	*orf*SA0022/MREP tipo i y ii	1282 (tipo i);1384 (tipo ii)
59/58[b]	*orfX*/MREP tipo iii	361
60/58[b]	*orf*SA0022/MREP tipo iii	1076
61/58[b]	*orf*SAOD22/MREP tipo iii	758
62/58[b]	*orfX*/MREP tipo iii	656
63/58[b]	*orf*SA0022/MREP tipo iii	1386
70/66	*orfX*/HREP tipo i y ii	100 (tipo i);202 (tipo ii)
70/67	*orfX*/HREP tipo iii	147 (tipo iii)
64/66[c]	*orfX*/MREP tipo i y ii	176 (tipo i);278 (tipo ii)
64/67[c]	*orfX*/MREP tipo iii	223
64/79[c]	*orfX*/MREP tipo iv	215
64/80[c]	*orfX*/MREP tipo v	196
64/97[c]	*orfX*/MREP tipo ii	171
64/98[c]	*orfX*/MREP tipo iii	163
64/99[c]	*orfX*/MREP tipo ii	171
64/100[c]	*orfX*/MREP tipos i y ii	180 (tipo i);282 (tipo ii)
64/101[c]	*orfX*/MREP tipos i y ii	189 (tipo i);291 (tipo ii)
64/102[c]	*orfX*/HREP tipo iii	263
64/109[c]	*orfX*/MREP tipo ix	369
64/204[c]	*orfX*/MREP tipo vi	348
64/112[c]	*orfX*/MREP tipo vii	214
64/113[c]	*orfX*/MREP tipo vii	263
64/115[c]	*orfX*/MREP tipo viii	227
64/116[c]	*orfX*/MREP tipo viii	318

[a] La longitud del amplicón se da en pares de bases para los tipos de MREP ampliados por el conjunto de cebadores.

[b] Conjunto de cebadores descritos por Hiramatsu *et al.* en la patente US nº 6.156.507.

[c] Conjunto de cebadores desarrollados en la presente invención.

[d] *orf*SA0022 se refiere a la denominación del marco de lectura abierto del número de registro AP003129 del GenBank (SEC. ID. nº 231).

TABLA 8

Otros cebadores desarrollados en la presente invención

SEC ID nº.	Diana	ADN de origen	
		Posición[a]	SEC ID nº.
77	MREP tipo iv	993	43
65	MREP tipo v	636	47
70	*orfX*	1796	3
68	IS*431*	626	92
69	*mecA*	1059	78
96	*mecA*	1949	78
81	*mecA*	1206	78
114	MREP tipo vii	629b	165
117	MREP tipo ii	856	194
118	HREP tipo ii	974b	194
119	MREP tipo vii	404	189
120	MREP tipo vii	477b	189
123	MREP tipo vii	551	165
124	MREP tipo ii	584	170
125	MREP tipo ii	689[b]	170
126	*orf*SA0021	336	231
127	*orf*SA0021	563	231
128	*orf*SA0022[d]	2993	231
129	*orf*SA0022[d]	3467[b]	231
132	*orfX*	3700	231
145	MREP tipo iv	988	51
146	MREP tipo v	1386	51
147	MREP tipo iv	891[b]	51
148	MREP tipo ix	664	168
149	MREP tipo ix	849[b]	168
150	MREP tipo vii	1117[b]	165
151	MREP tipo vii	1473	189
152	IS*431mec*	1592[b]	189
154	MREP tipo v	996[b]	50
155	MREP tipo v	935	50
156	*tetK* a partir del plásmido pT181	1169[b]	228
157	*tetK* a partir del plásmido pT181	136	228
158	*orfX*	2714[b]	2
159	*orfX*	2539	2
187	MREP tipo viii	967[b]	167
188	MREP tipo viii	851	167

[a] Posición se refiere a la posición del nucleótido en el extremo 5' del cebador.
[b] El cebador es el complemento inverso de la secuencia diana.

TABLA 9

Cebadores de ampliación y/o secuenciado desarrollados en la presente invención

SEC ID nº	Diana	ADN de origen	
		Posición[a]	SEC ID nº
85	cromosoma de *S. aureus*	197[b]	35
86	cromosoma de *S. aureus*	198[b]	37
87	cromosoma de *S. aureus*	197[b]	38
88	cromosoma de *S. aureus*	1265[b]	39
89	cromosoma de *S. aureus*	1892	3
103	*orfX*	1386	3
105	MREP tipo i	2335	2
106	MREP tipo ii	2437	2
107	MREP tipo iii	153[b]	4
108	MREP tipo iii	153[b]	4
121	MREP tipo vii	1150	165
122	MREP tipo vii	1241[b]	165
130	*orfX*	4029[b]	231
131	región entre *orf*SA0022 y *orf*5A0023d	3588	231
133	*merB* a partir del plásmido pI258	262	226
134	*merB* a partir del plásmido pI258	539[b]	226
135	*merR* a partir del plásmido pI258	564	226
136	*merR* a partir del plásmido pI258	444	227
137	*merR* a partir del plásmido pI258	529	227
138	*merR* a partir del plásmido p1258	530[b]	227
139	rep a partir del plásmido pUB110	796	230
140	rep a partir del plásmido pUB110	761[b]	230
141	rep a partir del plásmido pUB110	600	230
142	*aadD* a partir del plásmido pUB110	1320[b]	229
143	*aadD* a partir del plásmido pUB110	759	229
144	*aadD* a partir del plásmido pUB110	646	229
153	MREP tipo vii	1030	165
200	*orf*SA0022d	871[c]	231
201	*orf*SA0022d	1006	231
202	MREP tipo vi	648	171
203	MREP tipo vi	883[b]	171
205	MREP tipo ix	1180	168
206	MREP tipo ix	1311[b]	233
207	MREP tipo viii	1337	167
208	MREP tipo viii	1441[b]	167
209	*ccrA*	184	232
210	*ccrA*	385	232
211	*ccrA*	643[b]	232
212	*ccrA*	1282[b]	232
213	*ccrB*	1388	232
214	*ccrB*	1601	232
215	*ccrB*	2139[b]	232
216	*ccrB*	2199[b]	232
217	*ccrB*	2847[b]	232

TABLA 9 (continuación)

SEC ID nº	Diana	ADN de origen	
		Posición[a]	SEC ID nº
218	*ccrB*	2946[b]	232

[a] Posición se refiere a la posición del nucleótido en el extremo 5' del cebador.
[b] El cebador es el complemento inverso de la secuencia diana.
[c] El cebador contiene dos emparejamientos incorrectos.
[d] *orf*SA0021 y *orf*SA0023 se refiere a la denominación del marco de lectura abierto del número de registro AP003129 en el GenBank (SEC. ID. nº 231).

TABLA 10

Origen de los ácidos nucleicos y/o de las secuencias disponibles en las bases de datos públicas halladas en el listado de secuencias

SEC ID nº	Cepa de estafilococo	Fuente	nº de registro	Diana genética[a, b]
1	NCTC 10442	Base de datos	AB033763	SCC*mec* tipo I MREJ
2	N315	Base de datos	D86934	SCC*mec* tipo II MREJ
3	NCTC 8325	Base de datos	AB014440	cromosoma MSSA
4	86/560	Base de datos	AB013471	SCC*mec* tipo III MREJ
5	86/961	Base de datos	AB013472	SCC*mec* tipo III MREJ
6	85/3907	Base de datos	AB013473	SCC*mec* tipo III MREJ
7	86/2652	Base de datos	AB013474	SCC*mec* tipo III MREJ
8	86/1340	Base de datos	AB013475	SCC*mec* tipo III MREJ
9	86/1762	Base de datos	AB013476	SCC*mec* tipo III MREJ
10	86/2082	Base de datos	ABD13477	SCC*mec* tipo III MREJ
11	85/2111	Base de datos	AB013478	SCC*mec* tipo III MREJ
12	85/5495	Base de datos	AB013479	SCC*mec* tipo III MREJ
13	85/1836	Base de datos	AB013480	SCC*mec* tipo III MREJ
14	85/2147	Base de datos	AB013481	SCC*mec* tipo III MREJ
15	85/3619	Base de datos	AB013482	SCC*mec* tipo III MREJ
16	85/3566	Base de datos	AB013483	SCC*mec* tipo III MREJ
17	85/2232	Base de datos	AB014402	SCC*mec* tipo II MREJ
18	85/2235	Base de datos	AB014403	SCC*mec* tipo II MREJ

TABLA 10 (continuación)

SEC ID nº	Cepa de estafilococo	Fuente	nº de registro	Diana genética[a, b]
19	MR108	Base de datos	AB014404	SCC*mec* tipo II MREJ
20	85/9302	Base de datos	AB014430	SCC*mec* tipo I MREJ
21	85/9580	Base de datos	AB014431	SCC*mec* tipo I MREJ
22	85/1940	Base de datos	AB014432	SCC*mec* tipo I MREJ
23	85/6219	Base de datos	AB014433	SCC*mec* tipo I MREJ
24	64/4176	Base de datos	AB014434	SCC*mec* tipo I MREJ
25	64/3846	Base de datos	AB014435	SCC*mec* tipo I MREJ
26	HUC19	Base de datos	AF181950	SCC*mec* tipo II MREJ
33	G3	US 6.156.507	SEC ID nº: 15	*S. epidermidis* SCC*mec* tipo II MREJ
34	SH 518	US 6.156.507	SEC ID nº: 16	*S. haemolyticus* SCCmec tipo IIMREJ
35	ATCC 25923	US 6.156.507	SEC ID nº: 9	cromosoma de *S. aureus*
36	STP23	US 6.156.507	SEC ID nº: 10	cromosoma de *S. aureus*
37	STP43	US 6.156.507	SEC ID nº: 12	cromosoma de *S. aureus*
38	STP53	US 6.156.507	SEC ID nº: 13	cromosoma de *S. aureus*
39	476	Genome project[c]		cromosoma de *S. aureus*
40	252	Genome project[c]		SCC*mec* tipo II MREJ
41	COL	Genome project[d]		SCC*mec* tipo I MREJ
78	NCTC 8325	Base de datos	X52593	*mecA*
82	NCTC 10442	Base de datos	AB033763	*mecA*
90	N315	Base de datos	D86934	*mecA*
91	85/2082	Base de datos	AB037671	*mecA*
92	NCTC 10442	Base de datos	AB033763	IS*431*
93	N315	Base de datos	D86934	IS*431*
94	HUC19	Base de datos	AF181950	IS*431*
95	NCTC 8325	Base de datos	X53818	IS*431*
104	85/2082	Base de datos	AB037671	SCC*mec* tipo III MREJ

TABLA 10 (continuación)

SEC ID nº	Cepa de estafilococo	Fuente	nº de registro	Diana genética[a, b]
226	desconocida	Base de datos	L29436	*merB* en el plásmido pI258
227	desconocida	Base de datos	L29436	*merR* en el plásmido pI258
228	desconocida	Base de datos	S67449	*tecK* en el plásmido pT181
229	HUC19	Base de datos	AF181950	*aadD* en el plásmido pUB110
230	HUC19	Base de datos	AF181950	rep en el plásmido pUB110
231	N315	Base de datos	AP003129	*orf*SA0021, *orf*SA0022, *orf*SA0023
232	85/2082	Base de datos	AB037671	*ccrA*/*ccrB*

[a] MREJ se refiere a la unión del extremo derecho de *mec* e incluye las secuencias del extremo derecho de SCC*mec* y del ADN cromosómico a la derecha del punto de integración de SCC*mec*

[b] A menos que se especificase de otro modo, todas las secuencias se obtuvieron de cepas de *S. aureus*.

[c] Proyecto genoma del Instituto Sanger (http://www.sanger.ac.uk).

[d] Proyecto genoma de TIGR (http://www.tigr.org).

TABLA 11

Sensibilidad analítica del ensayo de PCR específico para MRSA que se dirige a los tipos i, ii y iii de MREP en un termociclador convencional utilizando el conjunto de cebadores desarrollado en la presente invención (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67)

Denominación de la cepa:		Límite de detección
Original	CCRI[a] (tipo de MREP)	(Número de copias del genoma)
13370	CCRI-8894 (I)	5
ATCC 43300	CCRI-175 (II)	2
35290	CCRI-1262 (III)	2

[a] CCRI son las siglas de "Collection del Centre de Recherche en Infectiologie".

TABLA 12

Ensayos de especificidad y ubicuidad llevados a cabo en un termociclador convencional utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii y iii de MREP desarrollados en la presente invención (SEC. ID. nº 64, nº 66 y nº 67) para la detección de MRSA

Cepas	Resultados de PCR para MREJ	
	Positivas (%)	Negativas (%)
MRSA - 208 cepas	188 (90,4)	20 (9,6)
MSSA - 252 cepas	13 (5,2)	239 (94,8)
MRCNS - 41 cepas*	0	42 (100)
MSCNS - 21 cepas*	0	21 (100)

*** Detalles en relación con las cepas CNS:**

MRCN : *S. caprae* (2)
S. cohni cohnii (3)
S. cohni urealyticum (4)
S. epidermidis (8)
S. haemolyticus (9)
S. hominis (4)
S. sciuri (4)
S. sciuri sciuri (1)
S. simulans (3)
S. warneri(3)

MSCNS : *S. cohni cohnii* (1)
S. epidermidis (3)
S. equorum (2)
S. felis (1)
S. qallinarum (1)
S. haemolyticus (1)
S. hominis (1)
S. lentus (1)
S. lugdunensis (1)
S. saccharolyticus (1)
S. saprophyticus (5)
S. simulans (1)
S. warneri (1)
S. xylosus (1)

TABLA 13

Porcentaje de la identidad de secuencias para los primeros 500 nucleótidos de los extremos derechos de SCCmec entre los 9 tipos de MREP[a,b]

Tipo de MREP	i	ii	iii	iv	v	vi	vii	viii	ix
i	--	79,2	42,8	42,8	41,2	44,4	44,6	42,3	42,1
ii			43,9	47,5	44,7	41,7	45,0	52,0	57,1
iii				46,8	44,5	42,9	45,0	42,8	45,2
iv					45,8	41,4	44,3	48,0	41,3
v						45,4	43,7	47,5	44,3
vi							45,1	41,1	47,2
vii								42,8	40,9
viii									55,2
ix									--

[a] "Primeros 500 nucleótidos" se refiere a los 500 nucleótidos en el extremo derecho de SCC*mec*, partiendo del punto de integración de SCC*mec* en el cromosoma de *Staphylococcus aureus* como se muestra en la Figura 4.
[b] Las secuencias se extrajeron de las SEC. ID. nº 1, nº 2, nº 104, nº 51, nº 50, nº 171, nº 165, nº 167 y nº 168 para los tipos i a ix, respectivamente.

TABLA 14

Cepas de referencia utilizadas para el ensayo de sensibilidad y/o especificidad y/o ubicuidad de los ensayos de PCR específicos para MRSA que se dirigen a las secuencias MREJ

Especies de estafilococos	Cepas	Fuente[a]
MRSA (n = 45)	33591	ATCC
	33592	ATCC
	33593	ATCC
	BAA-38	ATCC
	BAA-39	ATCC
	BAA-40	ATCC
	BAA-41	ATCC
	BAA-42	ATCC
	BAA-43	ATCC
	BAA-44	ATCC
	F182	CDC
	23 (CCUG 41787)	HARMONY Collection
	ID-61880 (EMRSA1)	LSPQ
	MA 8628	LSPQ
	MA 50558	LSPQ
	MA 50428	LSPQ
	MA 50609	LSPQ
	MA 50884	LSPQ
	MA 50892	LSPQ
	MA 50934	LSPQ
	MA 51015	LSPQ
	MA 51056	LSPQ
	MA 51085	LSPQ
	MA 51172	LSPQ
	MA 51222	LSPQ
	MA 51363	LSPQ
	MA 51561	LSPQ
	MA 52034	LSPQ
	MA 52306	LSPQ
	MA 51520	LSPQ
	MA 51363	LSPQ
	98/10618	HARMONY Collection
	98/26821	HARMONY Collection
	24344	HARMONY Collection
	62305	HARMONY Collection
	90/10685	HARMONY Collection
	98/14719	HARMONY Collection
	97S99	HARMONY Collection
	975100	HARMONY Collection
	825/96	HARMONY Collection
	842/96	HARMONY Collection
	N8-890/99	HARMONY Collection
	9805-01937	HARMONY Collection
	1	Kreiswirth-1

TABLA 14 (continuación)

Especies de estafilococos	Cepas	Fuente[a]
	29	Kreiswirth-1
	29060	ATCC
	35983	ATCC
MRCNS (n = 4)	35984	ATCC
	2514	LSPQ
	MA 52263	LSPQ
	6538	ATCC
	13301	ATCC
	25923	ATCC
	27660	ATCC
	29213	ATCC
	29247	ATCC
	29737	ATCC
	RN 11	CDC
	RN 3944	CDC
	RN 2442	CDC
	7605060113	CDC
	BM 4611	Institut Pasteur
	BM 3093	Institut Pasteur
	3511	LSPQ
	MA 5091	LSPQ
	MA 8849	LSPQ
	MA 8871	LSPQ
MSSA (n = 28)	MA 50607	LSPQ
	MA 50612	LSPQ
	MA 50848	LSPQ
	MA 51237	LSPQ
	MA 51351	LSPQ
	MA 52303	LSPQ
	MA 51828	LSPQ
	MA 51891	LSPQ
	MA 51504	LSPQ
	MA 52535	LSPQ
	MA 52783	LSPQ
	12228	ATCC
	14953	ATCC
	14990	ATCC
	15305	ATCC
	27836	ATCC
	27848	ATCC
	29070	ATCC
	29970	ATCC
	29974	ATCC
	35539	ATCC
	35552	ATCC
	35844	ATCC

TABLA 14 (continuación)

Especies de estafilococos	Cepas	Fuente[a]
MSCNS (n = 17)	35982	ATCC
	43809	ATCC
	43867	ATCC
	43958	ATCC
	49168	ATCC

[a] ATCC son las siglas de "American Type Culture Collection".
LSPQ son las siglas de "Laboratoire de Santé Publique du Québec".
CDC son las siglas para "Center for Disease Control and Prevention".

TABLA 15

Cepas clínicas utilizadas para probar la sensibilidad y/o especificidad y/o ubicuidad de los ensayos de PCR específicos para MRSA que se dirigen a las secuencias MREJ

Especies de estafilococos	Número de cepas	Fuente
MRSA (n = 177)	150	Canadá
	10	China
	10	Dinamarca
	9	Argentina
	1	Egipto
	1	Suecia
	1	Polonia
	3	Japón
	1	Francia
MSSA (n = 224)	208	Canadá
	10	China
	4	Japón
	1	USA
	1	Argentina
MRCNS (n = 38)	32	Canadá
	3	China
	1	Francia
	1	Argentina
	1	USA
MSCNS (n = 17)	14	UK
	3	Canadá

TABLA 16

Sensibilidad analítica de los ensayos realizados en un termociclador convencional utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) desarrollados en la presente invención para la detección e identificación de MRSA

Denominación de la cepa de *Staphylococcus aureus*: Original	CCRI[a] (Tipo de MREP)	Límite de detección (Número de copias del genoma)
13370	CCRI-8894 (i)	10
ATCC 43300	CCRI-175 (ii)	5
9191	CCRI-2086 (ii)	10

TABLA 16 (continuación)

Denominación de la cepa de *Staphylococcus aureus*: Original	CCRI[a] (Tipo de MREP)	Límite de detección (Número de copias del genoma)
35290	CCRI-1262 (iii)	5
352	CCRI-1266 (iii)	10
19121	CCRI-8895 (iv)	5
ATCC 33592	CCRI-178 (iv)	5
MA 50428	CCRI-1311 (v)	5
R991282	CCRI-2025 (v)	5

[a] CCRI son las siglas de "Collection del Centre de Recherche en Infectiologie".

TABLA 17

Pruebas de especificidad y ubicuidad llevadas a cabo en un termociclador convencional utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) desarrollados en la presente invención para la detección de MRSA

Cepas	Resultados de PCR para la unión del extremo derecho de SCC*mec* - *orfX*	
	Positivos (%)	Negativos (%)
MRSA - 35 cepas[a]	27 (77,1)	8 (22,9)
MSSA - 44 cepas	13 (29,5)	31 (70,5)
MRCNS - 9 cepas*	0	9 (100)
MSCNS - 10 cepas*	0	10 (100)

[a] Las cepas de MRSA incluyen las 20 cepas presentadas en la Tabla 3.

*** Detalles en relación con las cepas CNS:**

MRCNS : *S. caprae* (1)
S. cohni cohnii (1)
S. epidermidis (1)
S. haemolyticus (2)
S. hominis (1)
S. sciuri (1)
S. simulans (1)
S. warnezi (1)

MSCNS : *S. cohni*(1) *S. epidermidis* (1)
S. equorum (1)
S. haemolyticus (1)
S. lentus (1)
S. lugdunensis (1)
S. saccharolyticus (1)
S. saprophyticus (2)
S. xylosus (1)

TABLA 18

Sensibilidad analítica de los ensayos realizados en el termociclador Smart Cycler® utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) y sonda molecular fluorescente (SEC. ID. nº 84) desarrollados en la presente invención para la detección e identificación de MRSA

Denominación de la cepa de *Staphylococcus aureus*:		Límite de detección
Original	CCRI[a] (Tipo MREP)	(Número de copias del genoma)
13370	CCRI-8894 (i)	2
ATCC 43300	CCRI-175 (ii)	2
9191	CCRI-2086 (ii)	10
35290	CCRI-1262 (iii)	2
352	CCRI-1266 (iii)	10
ATCC 33592	CCRI-178 (iv)	2
MA 51363	CCRI-1331(iv)	5
19121	CCRI-8895 (iv)	10
Z109	CCRI-8903 (iv)	5
45302	CCRI-1263 (v)	10
MA 50428	CCRI-1311 (v)	5
MA 50609	CCRI-1312 (v)	5
MA 51651	CCRI-1325 (v)	10
39795-2	CCRI-1377 (v)	10
R991282	CCRI-2025 (v)	2

[a] CCRI son las siglas de "Collection of the Centre de Recherche en Infectiologie".

TABLA 19

Ensayos de especificidad y ubicuidad realizados en el termociclador Smart Cycler® utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii, iii, iv y v de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) y sonda molecular fluorescente (SEC. ID. nº 84) desarrollados en la presente invención para la detección de MRSA

Cepas	Resultados de PCR para MREJ	
	Positivos (%)	Negativos (%)
MRSA - 29 cepas[a]	21 (72,4)	8 (27,6)
MSSA - 35 cepas	13 (37,1)	22 (62,9)
MRCNS - 14 cepas	0	14 (100)
MSCNS - 10 cepas	0	10 (100)

[a] Las cepas de MRSA incluyen las 20 cepas presentadas en la Tabla 3.

*** Detalles en relación con las cepas CNS:**

MRCNS : *S. epidermidis* (1)
S. haemolyticus (5)
S. simulans (5)
S. warneri (3)

MSCNS : *S. cohni cohnii* (1)
S. epidermidis (1)
S. gallinarum (1)
S. haemolyticus (1)
S. lentus (1)

S. lugdunensis (1)
S. saccharolycicus (1)
S. saprophyticus (2)
S. xylosus (1)

TABLA 20

Sensibilidad analítica de los ensayos realizados en el termociclador Smart Cycler® utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii, iii, iv, v y vii de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) y sonda molecular fluorescente (SEC. ID. nº 84) desarrollados en la presente invención para la detección e identificación de MRSA

Denominación de la cepa de *Staphylococcus aureus:* Original	CCRI[a] (Tipo de MREP)	Límite de detección (Número de copias del genoma)
13370	CCRI-8894 (i)	2
ATCC 43300	CCRI-175 (ii)	2
35290	CCRI-1262 (iii)	2
ATCC 33592	CCRI-178 (iv)	2
R991292	CCRI-2025 (v)	2
SE-41-1	CCRI-9771 (vii)	2

[a] CCRI son las siglas de "Collection del Centre de Recherche en Infectiologie".

TABLA 21

Ensayos de especificidad y ubicuidad realizados en el termociclador Smart Cycler® utilizando el conjunto de cebadores que se dirigen a los tipos i, ii, iii, iv, vi y vii de MREP (SEC. ID. nº 64, nº 66, nº 67, nº 79 y nº 80) y sonda molecular fluorescente (SEC. ID. nº 84) desarrollados en la presente invención para la detección e identificación de MRSA

Cepas	Resultados de la PCR para MREJ	
	Positivos (%)	Negativos (%)
HRSA - 23 cepas[a]	19 (82,6)	4 (17,4)
MSSA - 25 cepas	13 (52)	12 (48)
HRCNS - 26 cepas	0	26 (100)
MSCNS - 8 cepas	0	8 (100)

[a] Las cepas de MRSA incluyen las 20 cepas presentadas en la Tabla 3.

Detalles con respecto a las cepas CNS:

MRCNS : *S. capitis*(2)
S. caprae(1)
S. cohnii(1)
S. epidermidis(9)
S. haemolyticus(5)
S. hominis(2)
S. saprophyticus(1)
S. sciuri(2)
S. simulans(1)
S. warneri(2)

MSCNS : *S. cohni cohnii*(1)
S. epidermidis(1)

S. haemolyticus(1)
S. lugdunensis(1)
S. saccharolyticus(1)
S. saprophyticus(2)
S. xylosus(1)

ANEXO I

Estrategia para la selección de cebadores de ampliación específicos para MREP de los tipos i e ii

	Tipos i y ii de MREP				*orfX*
SEC ID nº:	**2324**	**2358**	**2583**		**2607**
2	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
1	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
17[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
18[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
19[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
20[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
21[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
22[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
23[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
24[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
25[a]	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC
26	TAT	**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATGA**	TA...CCT	**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**G	CC

ANEXO I (continuación)

	Tipos i y ii de MREP			*orfX*	
SEC ID nº:	**2324**	**2358**	**2583**		**2607**
33[c]			CtT	**gGTGtAaaCC aTTgGAgCCa**	CC
34[c]			CCT	ca**TGCAatCC aTTTGATC**	
Secuencia seleccionada para MREP de tipo i y el cebador ii (SEC. ID. nº 66)		**GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATG**			
Secuencia seleccionada para el cebador orfX [b] (SEC. ID. nº 64)				**TGTGCAGGCC GTTTGATCC**	

Las posiciones de la secuencia se refieren a la SEC. ID. nº 2
Los nucleótidos en mayúsculas son idénticos para las secuencias seleccionadas o corresponden a estas secuencias.
Las incompatibilidades están indicadas en letras minúsculas. Los puntos indican huecos en las secuencias presentadas.
[a] Estas secuencias son los complementos inversos de las SEC. ID. nº 17 a nº 25.
[b] Esta secuencia es el complemento inverso del cebador seleccionado.
[c] Las SEC. ID. nº 33 y nº 34 se obtuvieron de las especies CNS.

ANEXO II

Estrategia para la selección de una sonda específica molecular fluorescente para la detección en tiempo real de MREJ

	orfX	
SEC ID nº:	**327**	**371**
165	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
180	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
181	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
182	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
183	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
184	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
186	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**CACTA	
174	ACAAG **GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**CACTA	
175	ACAAG **GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**CACTA	
178	ACAAG **GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**CACTA	
176	ACAAG **GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**CACTA	
173	ACAAG **GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**CACTA	
177	ACAAG **GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**CACTA	
169	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTACG** CACTA	
199	ACAAG **GACGT CTTACAACGC AGTAACTAC6** CACTA	
33[a,b]	ACcAa **GACGT CTTACAACGC AGcAACTAtG**CttTA	
34[a,b]	AtgAG **GACGT CTTACAACGC AGcAACTACG**CACTt	

Secuencia seleccionada para las sondas moleculares fluorescentes *orfX*

(SEC ID nº: 163)[c]	**GACGT CTTACAACGC AGTAACTAtG**
(SEC ID nº: 164)[c]	**GACGT CTTACAACGt AGTAACTACG**
(SEC ID nº: 84)[c]	**GACGT CTTACAACGC AGTAACTACG**

Las discrepancias de nucleótidos entre las secuencias de *orfX* y las SEC. ID. nº 84 se presentan en minúsculas. Otras entradas en el listado de secuencias presentan también variaciones similares. El tronco de las sondas moleculares fluorescentes no se muestra en aras de claridad. Las posiciones de la secuencia se refieren a la SEC. ID. nº 165.

[a] Estas secuencias son los complementos inversos de las SEC. ID. nº 33 y nº 34.

[b] Las SEC. ID. nº 33 y nº 34 se obtuvieron de especies de CNS.

[c] Las secuencias presentadas son el complemento inverso de las sondas moleculares fluorescentes seleccionadas.

REIVINDICACIONES

1. Procedimiento para detectar la presencia o ausencia de una cepa de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) de tipo iv de MREJ que comprende:

a) poner en contacto una muestra que ha de analizarse para la presencia o ausencia de dicha cepa de MRSA, incluyendo dicha cepa de MRSA un elemento mec del cromosoma del casete estafilocócico (SCC*mec*) que contiene un gen *mec*A insertado en el ADN cromosómico, generando así una secuencia de tipo iv de la unión del extremo derecho polimórfico (MREJ) que comprende las secuencias tanto del extremo derecho del elemento SCC*mec* como del ADN cromosómico contiguo a dicho extremo derecho

con un primer cebador y un segundo cebador,

en el que dichos primer y segundo cebadores son por lo menos 10 nucleótidos de longitud, y

i) en el que dicho primer cebador se hibrida con dicho extremo derecho del elemento SCC*mec* de una secuencia de tipo iv de MREJ seleccionada de entre el grupo constituido por: SEC. ID nº 42-46 y nº 51 y los complementos de las mismas, y

ii) en el que dicho primer cebador se hibrida con una secuencia cromosómica de *S. aureus* para generar específicamente un amplicón si dicha cepa de MRSA está presente en dicha muestra; y

b) detectar la presencia o ausencia de dicho amplicón.

2. Procedimiento según la reivindicación 1, en el que dicha secuencia cromosómica de *S. aureus* se selecciona de entre ORFx, SEC. ID. nº: 172, SEC. ID. nº: 231 y un complemento de los mismos.

3. Procedimiento según la reivindicación 2, en el que dicha secuencia cromosómica de *S. aureus* es ORFx.

4. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en el que dicho procedimiento comprende la utilización de por lo menos un cebador y/o sonda seleccionados de entre las SEC. ID. nº siguientes: nº 79, nº 77, nº 145, nº 147, nº 64, nº 71, nº 72, nº 73, nº 74, nº 75, nº 76, nº 0, nº 103, nº 130, nº 132, nº 158, nº 159, nº 59, nº 62, nº 126, nº 127, nº 128, nº 129, nº 131, nº 200, nº 201, nº 60, nº 61, nº 63, nº 68, nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163, nº 164, nº 85, nº86, nº 87, nº 88 y nº 89, para la detección del tipo iv de MREJ.

5. Procedimiento según la reivindicación 4, que comprende la utilización de un par cebador constituido por las SEC. ID. nº 64 y nº 79.

6. Procedimiento según la reivindicación 5, que comprende además la utilización de por lo menos una sonda que presenta una secuencia seleccionada de entre el grupo constituido por las SEC. ID. nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163 y nº 164.

7. Procedimiento según la reivindicación 6, en el que dichos cebadores y sondas presentan las secuencias nucleotídicas siguientes: SEC. ID. nº 64, nº 79, nº 84, nº 163, nº 164 para la detección del tipo iv de MREJ.

8. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, que comprende además detectar la presencia o ausencia de por lo menos una cepa adicional de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) en dicha muestra, comprendiendo dicha por lo menos una cepa de MRSA adicional una secuencia de ácido nucleico de tipo i, ii, iii, v, vi, vii, viii, o ix de la unión del extremo derecho de mec (MREJ), y siendo resistente debido a la presencia de un elemento SCC*mec* que contiene un gen *mec*A, habiendo sido insertado dicho SCC*mec* en el ADN cromosómico, generando así una unión del extremo derecho polimórfico (MREJ), en el que dicho procedimiento comprende además poner en contacto dicha muestra con por lo menos un cebador y/o sonda, que puede hibridarse específicamente con dicho extremo derecho del elemento SCC*mec* de dicha por lo menos una de dichas secuencias de ácido nucleico de los tipos i, ii, iii, v, vi, vii, viii y ix de MREJ.

9. Procedimiento según la reivindicación 8, en el que dichos cebador y/o sonda presentan por lo menos 10 nucleótidos de longitud y pueden hibridarse con dicho extremo derecho del elemento SCC*mec* de por lo menos una de dichas secuencias de ácido nucleico de los tipos i, ii, iii, v, vi, vii, viii y ix de MREJ que comprenden una secuencia seleccionada de entre el grupo constituido por:

a) SEC ID nº: 1, 20-25, 41 y 199 para el tipo i de MREJ;

b) SEC ID nº: 2, 17-19, 26, 40, 173-183, 185, 186 y 197 para el tipo ii de MREJ;

c) SEC ID nº: 4-16, 104, 184 y 198 para el tipo iii de MREJ;

d) SEC ID nº: 47-50 para el tipo v de MREJ;

e) SEC ID nº: 171 para el tipo vi de MREJ;

f) SEC ID nº: 165 y 166 para el tipo vii de MREJ;

g) SEC ID nº: 167 para el tipo viii de MREJ; y

h) SEC ID nº: 168 para el tipo ix de MREJ.

10. Procedimiento según la reivindicación 8 ó 9, que comprende la utilización de por lo menos un cebador y/o sonda seleccionados de entre las SEC. ID. nº siguientes:

a) 66, 100, 101, 105, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo i de MREJ;

b) 66, 97, 99, 100, 101, 106, 117, 118, 124, 125, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo ii de MREJ;

c) 67, 98, 102, 107, 108, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159; 58, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32; 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo iii de MREJ;

d) 65, 80, 146, 154, 155, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo v de MREJ;

e) 202, 203, 204, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo vi de MREJ;

f) 112, 113, 114, 119, 120, 121, 122, 123, 150, 151, 153, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo vii de MREJ;

g) 115, 116, 187, 188, 207, 208, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo viii de MREJ; y

h) 109, 148, 149, 205, 206, 64, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 70, 103, 130, 132, 158, 159, 59, 62, 126, 127, 128, 129, 131, 200, 201, 60, 61, 63, 32, 83, 84, 160, 161, 162, 163, 164, 85, 86, 87, 88 y 89, para la detección del tipo ix de MREJ.

11. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 8 a 10, que comprende además la utilización de por lo menos un par cebador seleccionado de entre las SEC. ID. nº siguientes:

a) 64/66, 64/100, 64/101; 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56, 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55, 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54, 62/55, 62/56, 62/57, 63/52, 63/53, 63/54, 63/55, 63/56 y 63/57, para la detección del tipo i de MREJ;

b) 64/66, 64/97, 64/99, 64/100, 64/101, 59/52, 59/53, 59/54, 59/55, 59/56, 59/57, 60/52, 60/53, 60/54, 60/55, 60/56, 60/57, 61/52, 61/53, 61/54, 61/55, 61/56, 61/57, 62/52, 62/53, 62/54, 62/55, 62/56, 62/57, 63/52, 63/53, 63/54, 63/55, 63/56 y 63/57, para la detección del tipo ii de MREJ;

c) 64/67, 64/98, 64/102; 59/58, 60/58, 61/58, 62/58 y 63/58, para la detección del tipo iii de MREJ;

d) 64/80, para la detección del tipo v de MREJ;

e) 64/204, para la detección del tipo vi de MREJ;

f) 64/112 y 64/113, para la detección del tipo vii de MREJ;

g) 64/115 y 64/116, para la detección del tipo viii de MREJ; y

h) 64/109 y 64/116, para la detección del tipo ix de MREJ.

12. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 8 a 11, que comprende la utilización de por lo menos una sonda que presenta una secuencia seleccionada de entre el grupo constituido por: SEC. ID. nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163 y nº 164 para la detección de dicha por lo menos una cepa MRSA adicional del tipo i, ii, iii, v, vi, vii, viii o ix de MREJ.

13. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 8 a 12, que comprende la utilización de cebadores y sondas que presentan las secuencias nucleotídicas siguientes:

a) SEC ID nº: 64, 66, 84, 163, 164 para la detección del tipo i o ii de MREJ;

b) SEC ID nº: 64, 67, 84, 163, 164 para la detección del tipo iii de MREJ;

c) SEC ID nº: 64, 80, 84, 163, 164 para la detección del tipo v de MREJ; y

d) SEC ID nº: 64, 112, 84, 163, 164 para la detección del tipo vii de MREJ.

14. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 13, en el que múltiples cebadores y/o sondas se utilizan conjuntamente en el mismo recinto físico.

15. Procedimiento para el tipado de un MREJ de tipo iv de una cepa de MRSA, y por lo menos una cepa de MRSA adicional seleccionada de entre los tipos i, ii, iii, v, vi, vii, viii y ix de MREJ que comprende las etapas siguientes: reproducir el procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 14 con cebadores y/o sondas específicos para dicho tipo iv de MREJ y específicos para dicha por lo menos una cepa de MRSA adicional seleccionada de entre los tipos i, ii, iii, v, vi, vii, viii y ix de MREJ, y detectar cada amplicón distintivamente como indicación de la presencia de dicho tipo iv de MREJ y dicho por lo menos un tipo de MREJ adicional.

16. Utilización de un kit específico para la detección de una cepa de MRSA que comprende una secuencia de ácido nucleico del tipo iv de MREJ, para la realización de cualquiera de los procedimientos según las reivindicaciones 1 a 7.

17. Utilización de un kit específico para la detección de una cepa de MRSA que comprende una secuencia de ácido nucleico de tipo iv de MREJ y por lo menos una cepa de MRSA adicional seleccionada de entre los tipos i, ii, iii, v, vi, vii, viii y ix de MREJ, para la realización de cualquiera de los procedimientos según las reivindicaciones 8 a 15.

18. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 15, en el que se utiliza una pluralidad de diversos cebadores y/o sondas.

19. Procedimiento según la reivindicación 18, en el que dicha pluralidad de cebadores y/o sondas se selecciona en su totalidad para hibridarse en las mismas condiciones de hibridación.

20. Procedimiento según la reivindicación 19, en el que dicha pluralidad de cebadores y/o sondas pueden hibridarse con dicho tipo iv de MREJ, y por lo menos un tipo de MREJ adicional seleccionado de entre tipo i de MREJ, tipo ii de MREJ, tipo iii de MREJ, tipo iv de MREJ, tipo v de MREJ, tipo vi de MREJ, tipo vii de MREJ, tipo viii de MREJ y tipo ix de MREJ.

21. Procedimiento para determinar la presencia o ausencia de por lo menos cuatro tipos de MRET de MRSA en una muestra que comprende:

a) reproducir el procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 8 a 15, 19 y 20 con cebadores y/o sondas específicos para cada uno de dichos por lo menos cuatro tipos de MREJ, siendo uno de los cuales el tipo iv de MREJ; y

b) detectar cada amplicón de manera específica,

determinando así la presencia o ausencia de los tipos de MREJ de MRSA en una muestra.

22. Procedimiento según la reivindicación 21, para determinar la presencia o ausencia del tipo iv, tipo i, tipo ii y tipo iii de MREJ.

23. Procedimiento según la reivindicación 21, para determinar la presencia o ausencia del tipo iv, tipo i, tipo ii tipo iii, y tipo vii de MREJ.

24. Procedimiento según la reivindicación 21, para determinar la presencia o ausencia del tipo iv, tipo i, tipo ii, tipo iii, tipo v, tipo vi, tipo vii, tipo viii y tipo ix de MREJ.

25. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en el que dicho procedimiento comprende la utilización de por lo menos un cebador y/o sonda específicos para un tipo iv de MREJ que comprende una secuencia seleccionada de entre las SEC. ID. nº 79, nº 145, nº 147 y nº 68, y por lo menos un cebador y/o una sonda específicos para el cromosoma de *S. aureus* y que comprende una secuencia seleccionada de entre las SEC. ID. nº 32, nº 59, nº 60-64, nº 70-76, nº 83-89, nº 103, nº 126-132, nº 160-164, nº 200 y nº 201.

26. Kit para detectar la presencia o ausencia de una cepa MRSA de tipo iv de MREJ en una muestra que comprende:

a) un primer oligonucleótido que se hibrida con un extremo derecho del elemento SCC*mec* de una secuencia de tipo iv de MREJ seleccionada de entre el grupo constituido por las SEC. ID. nº 42-46 y nº 51 y un complemento de las mismas; y

b) un segundo nucleótido que se hibrida con una secuencia cromosómica de *S. aureus*;

en el que dichos oligonucleótidos a) y b) constan de por lo menos 10 nucleótidos de longitud y permiten la generación selectiva de un amplicón que comprende secuencias tanto del extremo derecho del elemento SCC*mec* y del ADN cromosómico contiguo a dicho extremo derecho de dicha cepa MRSA de tipo iv de MREJ.

27. Kit según la reivindicación 26, en el que dicha secuencia específica del ADN cromosómico de *S. aureus* es ORFx.

28. Kit según la reivindicación 26 ó 27, que comprende además por lo menos un oligonucleótido para la detección de por lo menos una cepa adicional de MRSA que comprende un tipo de MREJ seleccionado de entre el grupo constituido por: tipo i de MREJ, tipo ii de MREJ, tipo iii de MREJ, tipo v de MREJ, tipo vi de MREJ, tipo vii de MREJ, tipo viii de MREJ y tipo ix de MREJ.

29. Kit según cualquiera de las reivindicaciones 26 a 28, en el que dicho oligonucleótido en a) se selecciona de entre el grupo constituido por las SEC. ID. nº 79, nº 145, nº 147 y nº 68.

30. Kit según cualquiera de las reivindicaciones 26 a 29, en el que dicho oligonucleótido en b) comprende una secuencia seleccionada de entre el grupo constituido por las SEC. ID. nº 32, nº 59, nº 60-64, nº 70-76, nº 83-89, nº 103, nº 126-132, nº 160-164, nº 200 y nº 201.

31. Kit según la reivindicación 30, que comprende un par de oligonucleótidos constituidos por las SEC ID nº 64 y nº 79.

32. Kit según la reivindicación 31, que comprende además por lo menos una sonda seleccionada de entre el grupo constituido por las SEC. ID. nº 32, nº 83, nº 84, nº 160, nº 161, nº 162, nº 163 y nº 164.

33. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 15 y 18 a 25, en el que se utiliza la PCR en tiempo real.

34. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 19 a 26, en el que se utiliza la PCR múltiple.

35. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 25, 33 y 34 o kit según cualquiera de las reivindicaciones 26 a 32, en el que dicho extremo derecho de SCC*mec* de una secuencia de tipo iv de ácido nucleico de MREJ está constituido por la SEC. ID nº 42 o un complemento de la misma.

36. Procedimiento según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 25, 33 y 34 o kit según cualquiera de las reivindicaciones 26 a 32, en el que dicha secuencia de tipo iv de ácido nucleico de MREJ es la SEC. ID nº 43, nº 44, nº 45, nº 46, nº 51 o un complemento de las mismas.

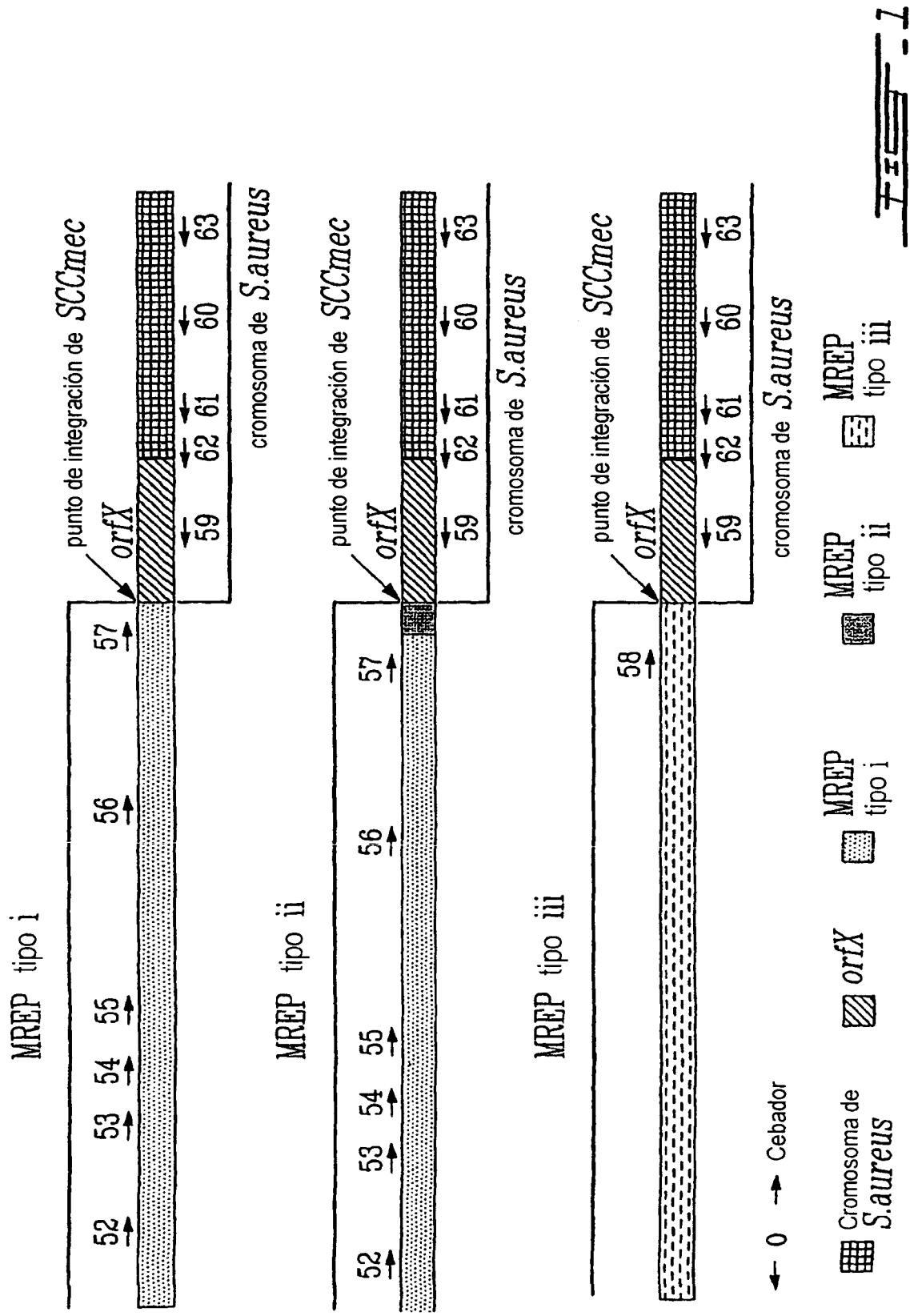

MREP tipo i
punto de integración de SCCmec
orfX
cromosoma de S.aureus
52
53
54
55
56
57
59
62
61
60
63
MREP tipo ii
punto de integración de SCCmec
orfX
cromosoma de S.aureus
52
53
54
55
56
57
59
62
61
60
63
MREP tipo iii
punto de integración de SCCmec
orfX
cromosoma de S.aureus
58
59
62
61
60
63
← 0 → Cebador
Cromosoma de S.aureus
orfX
MREP tipo i
MREP tipo ii
MREP tipo iii

Fig. 1

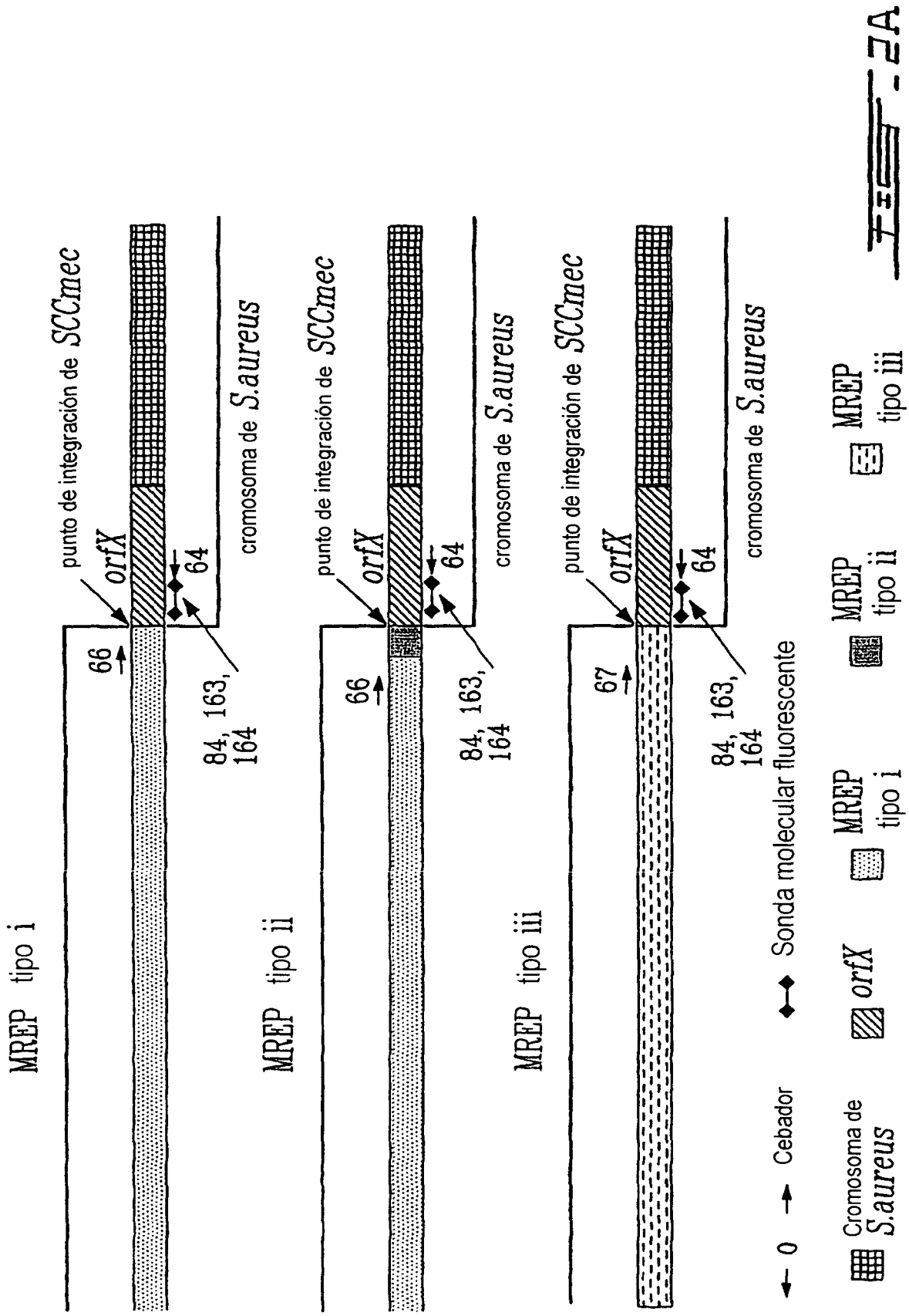

MREP tipo i
punto de integración de SCCmec
orfX
66
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
MREP tipo ii
punto de integración de SCCmec
orfX
66
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
MREP tipo iii
punto de integración de SCCmec
orfX
67
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
0 → Cebador
Sonda molecular fluorescente
Cromosoma de S.aureus
orfX
MREP tipo i
MREP tipo ii
MREP tipo iii

FIG - 2A

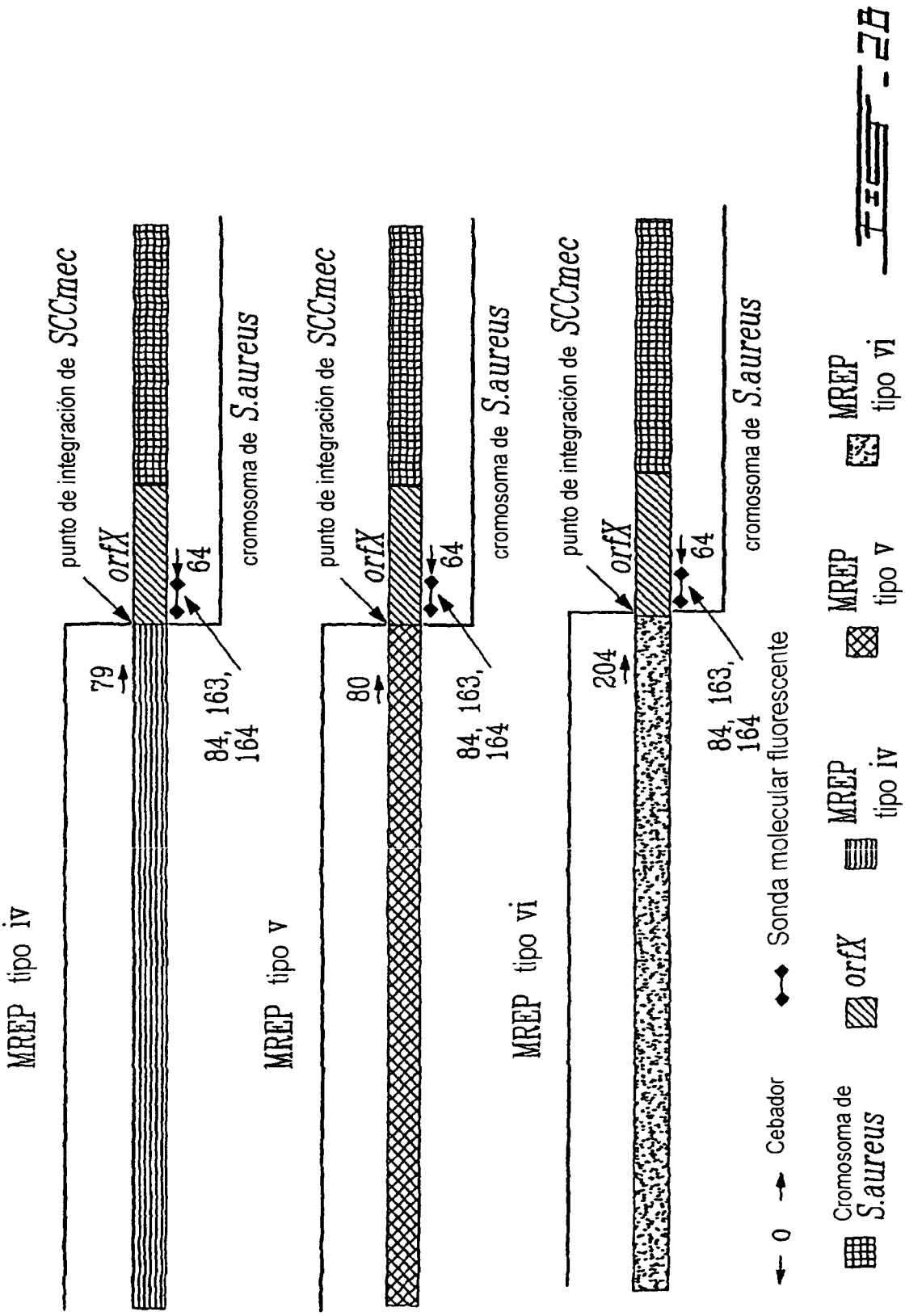

MREP tipo iv
punto de integración de SCCmec
orfX
79
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
MREP tipo v
punto de integración de SCCmec
orfX
80
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
MREP tipo vi
punto de integración de SCCmec
orfX
204
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
0 Cebador
Sonda molecular fluorescente
Cromosoma de S.aureus
orfX
MREP tipo iv
MREP tipo v
MREP tipo vi

Fig. 2B

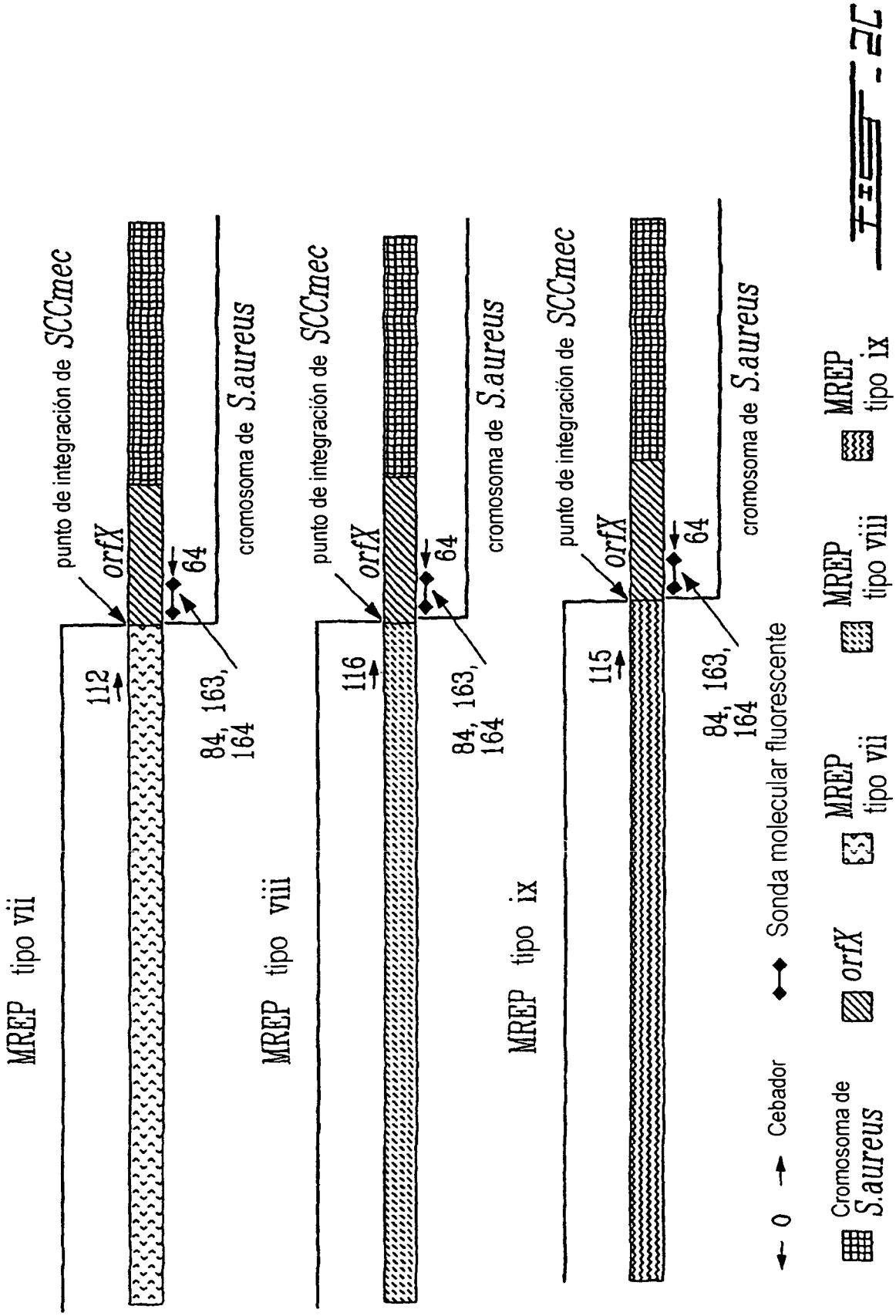

MREP tipo vii
punto de integración de SCCmec
orfX
112
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
MREP tipo viii
punto de integración de SCCmec
orfX
116
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
MREP tipo ix
punto de integración de SCCmec
orfX
115
64
84, 163, 164
cromosoma de S.aureus
0 Cebador
Sonda molecular fluorescente
Cromosoma de S.aureus
orfX
MREP tipo vii
MREP tipo viii
MREP tipo ix

FIG - 2C

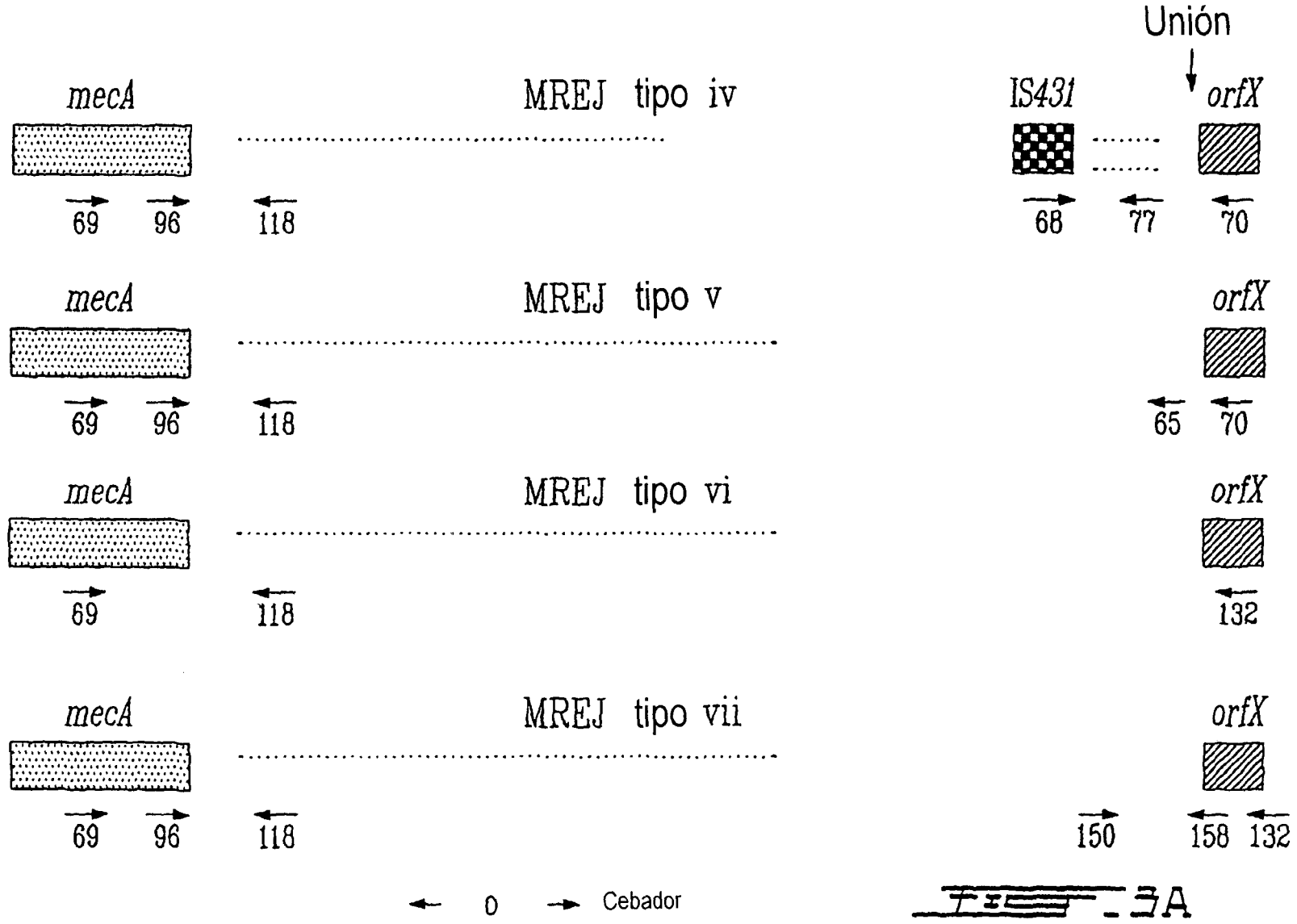

Unión
mecA
MREJ tipo iv
IS431
orfX
69
96
118
68
77
70
mecA
MREJ tipo v
orfX
69
96
118
65
70
mecA
MREJ tipo vi
orfX
69
118
132
mecA
MREJ tipo vii
orfX
69
96
118
150
158
132
0
Cebador

Fig. 3A

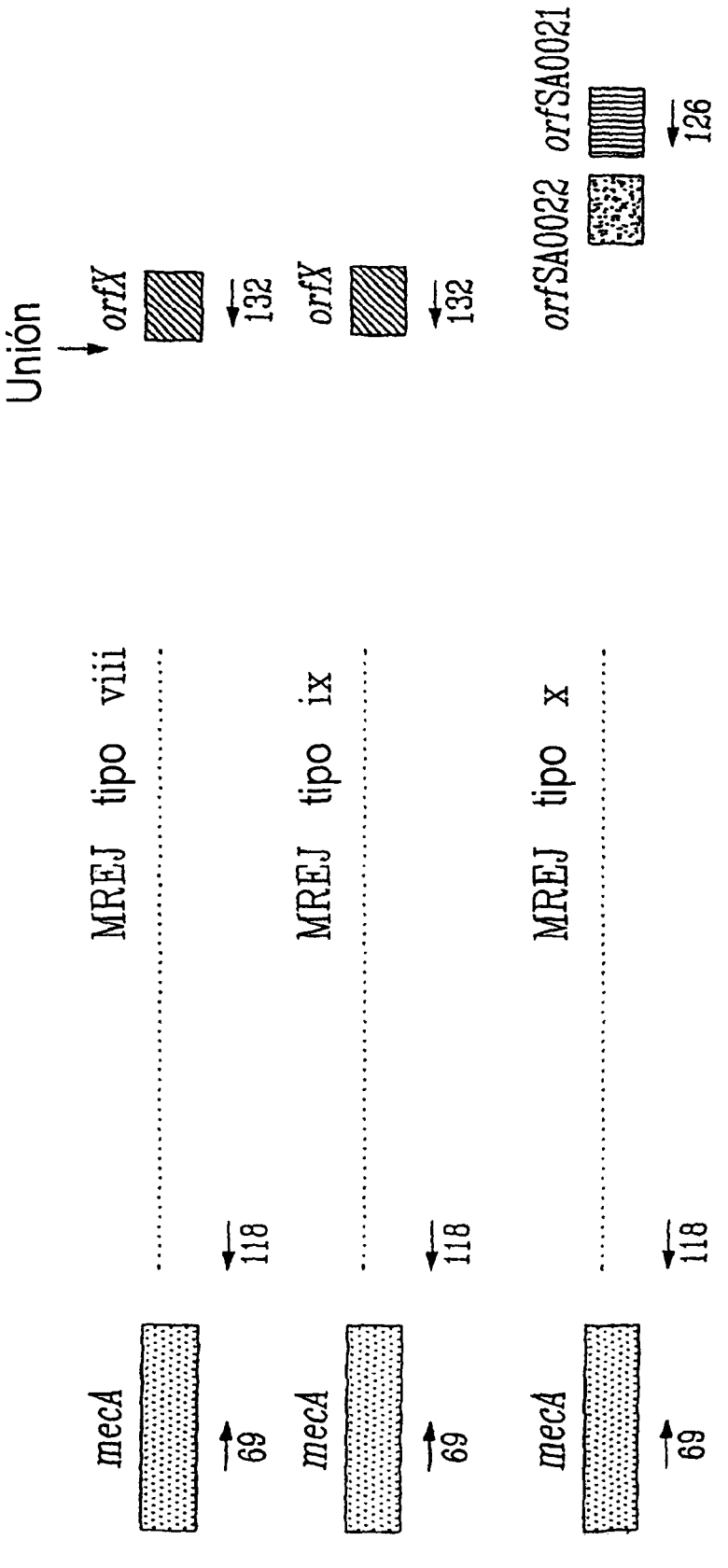

Unión
orfX
132
orfX
132
orfSA0022
orfSA0021
126
MREJ tipo viii
MREJ tipo ix
MREJ tipo x
mecA
69
118
mecA
69
118
mecA
69
118
0
Cebador

Fig. 3B

punto de integración de SCCmec
1
100
101
200
Tipo iii
Tipo vii
Tipo vi
Tipo i
Tipo ii
Tipo ix
Tipo viii
Tipo v
Tipo iv

Fig - 4A

Fig. 4B

401
500
Tipo iii
Tipo vii
Tipo vi
Tipo i
Tipo ii
Tipo ix
Tipo viii
Tipo v
Tipo iv

Fig - 47

LISTA DE SECUENCIAS

(1) INFORMACIÓN GENERAL:

(i) SOLICITANTES
HULETSKY, Ann [1], 1231 Av des Pins, Sillery, Quebec, Canadá, G1S 4J3
ROSSBACH, Valery [1], 55 Rue du Sauternes, Aylmer, Quebec, Canadá, J9H 3W7
[1]:ciudadanía canadiense

(ii) TÍTULO DE LA INVENCIÓN: SECUENCIAS PARA LA DETECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* RESISTENTE A LA METICILINA

(iii) NÚMERO DE SECUENCIAS: 233

(iv) DIRECCIÓN DE CORRESPONDENCIA:
- (A) DIRECCIÓN/DESTINATARIO
- (B) CALLE:
- (C) CIUDAD:
- (D) ESTADO:
- (E) PAÍS:
- (F) CP:

(v) MEDIO LEGIBLE POR ORDENADOR:
- (A) TIPO DE SOPORTE:
- (B) ORDENADOR:
- (C) SISTEMA OPERATIVO:
- (D) SOFTWARE:

(vi) FECHA DE SOLICITUD ACTUAL
- (A) NÚMERO DE SOLICITUD:
- (B) FECHA DE PRESENTACIÓN:
- (C) CLASIFICACIÓN:

(vii) FECHA DE SOLICITUD ANTERIOR:
- (A) NÚMERO DE SOLICITUD:
- (B) FECHA DE PRESENTACIÓN:

(viii) DATOS DE ABOGADO/AGENTE DE INFORMACIÓN:
- (A) NOMBRE:
- (B) NÚMERO DE REGISTRO:

(ix) INFORMACIÓN DE CONTACTO:
- (A) TELÉFONO:
- (B) FAX:

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 1

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 3050 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Doble
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:
- (A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: NCTC 10442

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AB033763

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC. ID. nº: 1

```
TCGTGCCATT GATGCAGAGG GACATACATT AGATATTTGG TTGCGTAAGC      50
AACGAGATAA TCATTCAGCA TATGCGTTTA TCAAACGTCT CATTAAACAA     100
TTTGGTAAAC CTCAAAAGGT AATTACAGAT CAGGCACCTT CAACGAAGGT     150
AGCAATGGCT AAAGTAATTA AAGCTTTTAA ACTTAAACCT GACTGTCATT     200
GTACATCGAA ATATCTGAAT AACCTCATTG AGCAAGATCA CCGTCATATT     250
AAAGTAAGAA AGACAAGGTA TCAAAGTATC AATACAGCAA AGAATACTTT     300
AAAAGGTATT GAATGTATTT ACGCTCTATA TAAAAAGAAC CGCAGGTCTC     350
TTCAGATCTA CGGATTTTCG CCATGCCACG AAATTAGCAT CATGCTAGCA     400
AGTTAAGCGA ACACTGACAT GATAAATTAG TGGTTAGCTA TATTTTTTTA     450
CTTTGCAACA GAACCGAAAA TAATCTCTTC AATTTATTTT TATATGAATC     500
CTGTGACTCA ATGATTGTAA TATCTAAAGA TTTCAGTTCA TCATAGACAA     550
TGTTCTTTTC AACATTTTTT ATAGCAAATT GATTAAATAA ATTCTCTAAT     600
TTCTCCCGTT TGATTTCACT ACCATAGATT ATATTATCAT TGATATAGTC     650
AATGAATAAT GACAAATTAT CACTCATAAC AGTCCCAACC CCTTTATTTT     700
GATAGACTAA TTATCTTCAT CATTGTAAAA CAAATTACAC CCTTTAAATT     750
TAACTCAACT TAAATATCGA CAAATTAAAA AACAATAAAA TTACTTGAAT     800
ATTATTCATA ATATATTAAC AACTTTATTA TACTGCTCTT TATATATAAA     850
ATCATTAATA ATTAAACAAG CCTTAAAATA TTTAACTTTT TTGTGATTAT     900
TACACATTAT CTTATCTGCT CTTTATCACC ATAAAAATAG AAAAAACAAG     950
ATTCCTAAAG AATATAGGAA TCTTGTTTCA GACTGTGGAC AAACTGATTT    1000
TTTATCAGTT AGCTTATTTA GAAAGTTTTA TTTAAATTAC AGTTTCTATT    1050
TTTATTAGAT CACAATTTTA TTTTAGCTCT TGTTCAAGTA ATCATTTTTC    1100
GCCAAAAACT TTATACTGAA TAGCTTCTAC ATTAAATACT TTGTCAATGA    1150
GATCATCTAC ATCTTTAAAT TCAGAATAAT TTGCATATGG ATCTATAAAA    1200
TAAAATTGTG GTTCTTTACC GGAAACATTA AATATTCTTA ATATTAAATA    1250
TTTCTGCTTA TATTCTTTCA TAGCAAACAT TTCATTTAGC GACATAAAAA    1300
ATGGTTCCTC AATACTAGAA GATGTAGATG TTTTAATTTC AATAAATTTT    1350
TCTACAGCTT TATCTGTATT TGTTGGATCA AAAGCTACTA AATCATAGCC    1400
ATGACCGTGT TGAGAGCCTG GATTATCATT TAAAATATTC CTAAACTGTT    1450
CTTTCTTATC TTCGTCTATT TTATTATCAA TTAGCTCATT AAAGTAATTT    1500
AGCGCTAATT TTTCTCCAAC TTTACCGGTT AATTTATTCT CTTTATTTGA    1550
TTTTTCAATT TCTGAATCAT TTTTAGTAGT CTTTGATACA CCTTTTTTAT    1600
ATTTTGGAAT TATTCCTTTA GGTGCTTCCA CTTCCTTGAG TGTCTTATCT    1650
TTTTGTGCTG TTCTAATTTC TTCAATTTCG CTGTCTTCCT GTATTTCGTC    1700
TATGCTATTG ACCAAGCTAT CATAGGATGT TTTTGTAACT TTTGAAGCTA    1750
ATTCATTAAA TAGTTCTAAA AATTTCTTTA AATCCTCTAG CATATCTTCT    1800
TCTGTGAATC CTTCATTCAA ATCATAATAT TTGAATCTTA TTGATCCATG    1850
AGAATATCCT GATGGATAAT CATTTTTTAA ATCATAAGAT GAATCTTTAT    1900
TTTCTGCGTA ATAAAATCTT CCAGTATTAA ATTCATTTGA TGTAATATAT    1950
TTATTGAGTT CGGAAGATAA AGTTAATGCT CTTTGTTTTG CAGCATTTTT    2000
ATCCCGCGGA AACATATCAC TTATCTTTGA CCATCCTTGA TTCAAAGATA    2050
AGTATATGCC TTCTCCTTCC GGATGAAAAA GATATACCAA ATAATATCCA    2100
TCCTTTGTTT CTTTTGTTAT ATTCTCATCA TATATTGAAA TCCAAGGAAC    2150
TTTACTATAG TTCCCAGTAG CAACCTTCCC TACAACTGAA TATTTATCTT    2200
CTTTTATATG CACTTTTAAC TGCTTGGGTA ACTTATCATG GACTAAAGTT    2250
TTATATAGAT CACCTTTATC CCAATCAGAT TTTTTAACTA CATTATTGGT    2300
ACGTTTCTCT TTAATTAATT TAAGGACCTG CATAAAGTTG TCTATCATTT    2350
GAAATTCCCT CCTATTATAA AATATATTAT GTCTCATTTT CTTCAATATG    2400
TACTTATTTA TATTTTACCG TAATTTACTA TATTTAGTTG CAGAAAGAAT    2450
TTTCTCAAAG CTAGAACTTT GCTTCACTAT AAGTATTCAG TATAAAGAAT    2500
ATTTCGCTAT TATTTACTTG AAATGAAAGA CTGCGGAGGC TAACTATGTC    2550
AAAAATCATG AACCTCATTA CTTATGATAA GCTTCTCCTC GCATAATCTT    2600
AAATGCTCTG TACACTTGTT CAATTAACAC AACCCGCATC ATTTGATGTG    2650
GGAATGTCAT TTTGCTGAAT GATAGTGCGT AGTTACTGCG TTGTAAGACG    2700
TCCTTGTGCA GGCCGTTTGA TCCGCCAATG ACGAAAACAA AGTCGCTTTG    2750
CCCTTGGGTC ATGCGTTGGT TCAATTCTTG GGCCAATCCT TCGGAAGATA    2800
GCATCTTTCC TTGTATTTCT AATGTAATGA CTGTGGATTG TGGTTTGATT    2850
TTGGCTAGTA TTCGTTGGCC TTCTTTTTCT TTTACTTGCT CAATTTCTTT    2900
GTCACTCATA TTTTCTGGTG CTTTTTCGTC TGGAACTTCT ATGATGTCTA    2950
TCTTGGTGTA TGGGCCTAAA CGTTTTTCAT ATTCTGCTAT GGCTTGCTTC    3000
CAATATTTCT CTTTTAGTTT CCCTACAGCT AAAATGGTGA TTTTCATGTC    3050
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 2

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 3050 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: N315

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de D86934

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 2

```
ACCTCATTGA GCAAGATCAC CGTCATATTA AAGTAAGAAA GACAAGGTAT      50
CAAAGTATCA ATACAGCAAA GAATACTTTA AAAGGTATTG AATGTATTTA     100
CGCTCTATAT AAAAAGAACC GCAGGTCTCT TCAGATCTAC GGATTTTCGC     150
CATGCCACGA AATTAGCATC ATGCTAGCAA GTTAAGCGAA CACTGACATG     200
ATAAATTAGT GGTTAGCTAT ATTTTTTTAC TTTGCAACAG AACCGAAAAT     250
AATCTCTTCA ATTTATTTTT ATATGAATCC TGTGACTCAA TGATTGTAAT     300
```

```
ATCTAAAGAT TTCAGTTCAT CATAGACAAT GTTCTTTTCA ACATTTTTTA      350
TAGCAAATTG ATTAAATAAA TTCTCTAATT TCTCCCGTTT GATTTCACTA      400
CCATAGATTA TATTATCATT GATATAGTCA ATGAATAATG ACAAATTATC      450
ACTCATAACA GTCCCAACCC CTTTCTTTTG ATAGACTAAT TATCTTCATC      500
ATTGTAAAAC AAATTACACC CTTTAAATTT AACTCAACTT AAATATCGAC      550
AAATTAAAAA ACAATAAAAT TACTTGAATA TTATTCATAA TATATTAACA      600
ACTTTATTAT ACTGCTCTTT ATATATAAAA TCATTAATAA TTAAACAAGC      650
CTTAAAATAT TTAACTTTTT TGTGATTATT ACACATTATC TTATCTGCTC      700
TTTATCACCA TAAAAATAGA AAAAACAAGA TTCCTAAAGA ATATAGGAAT      750
CTTGTTTCAG ACTGTGGACA AACTGATTTT TTATCAGTTA GCTTATTTAG      800
AAAGTTTTAT TTAAATTACA GTTTCTATTT TTATTAGATC ACAATTTTAT      850
TTTAGCTCTT GTTCAAGTAA TCATTTTTCG CCAAAAACTT TATACTGAAT      900
AGCTTCTACA TTAAATACTT TGTCAATGAG ATCATCTACA TCTTTAAATT      950
CAGAATAATT TGCATATGGA TCTATAAAAT AAAATTGTGG TTCTTTACCG     1000
GAAACATTAA ATATTCTTAA TATTAAATAT TTCTGCTTAT ATTCTTTCAT     1050
AGCAAACATT TCATTTAGCG ACATAAAAAA TGGTTCCTCA ATACTAGAAG     1100
ATGTAGATGT TTTAATTTCA ATAAATTTTT CTACAGCTTT ATCTGTATTT     1150
GTTGGATCAA AAGCTACTAA ATCATAGCCA TGACCGTGTT GAGAGCCTGG     1200
ATTATCATTT AAAATATTCC TAAACTGTTC TTTCTTATCT TCGTCTATTT     1250
TATTATCAAT TAGCTCATTA AAGTAATTTA GCGCTAATTT TTCTCCAACT     1300
TTACCGGTTA ATTTATTCTC TTTATTTGAT TTTTCAATTT CTGAATCATT     1350
TTTAGTAGTC TTTGATACAC CTTTTTTATA TTTTGGAATT ATTCCTTTAG     1400
GTGCTTCCAC TTCCTTGAGT GTCTTATCTT TTTGTGCTGT TCTAATTTCT     1450
TCAATTTCGC TGTCTTCCTG TATTTCGTCT ATGCTATTGA CCAAGCTATC     1500
ATAGGATGTT TTTGTAACTT TTGAAGCTAA TTCATTAAAT AGTTCTAAAA     1550
ATTTCTTTAA ATCCTCTAGC ATATCTTCTT CTGTGAATCC TTCATTCAAA     1600
TCATAATATT TGAATCTTAT TGATCCATGA GAATATCCTG ATGGATAATC     1650
ATTTTTTAAA TCATAAGATG AATCTTTATT TTCTGCGTAA TAAAATCTTC     1700
CAGTATTAAA TTCATTTGAT GTAATATATT TATTGAGTTC GGAAGATAAA     1750
GTTAATGCTC TTTGTTTTGC AGCATTTTTA TCCCGCGGAA ACATATCACT     1800
TATCTTTGAC CATCCTTGAT TCAAAGATAA GTATATGCCT TCTCCTTCCG     1850
GATGAAAAAG ATATACCAAA TAATATCCAT CCTTTGTTTC TTTTGTTATA     1900
TTCTCATCAT ATATTGAAAT CCAAGGAACT TTACTATAGT TCCCAGTAGC     1950
AACCTTCCCT ACAACTGAAT ATTTATCTTC TTTTATATGC ACTTTTAACT     2000
GCTTGGGTAA CTTATCATGG ACTAAAGTTT TATATAGATC ACCTTTATCC     2050
CAATCAGATT TTTTAACTAC ATTATTGGTA CGTTTCTCTT TAATTAATTT     2100
AAGGACCTGC ATAAAGTTGT CTATCATTTG AAATTCCCTC CTATTATAAA     2150
ATATATTATG TCTCATTTTC TTCAATATGT ACTTATTTAT ATTTTACCGT     2200
AATTTACTAT ATTTAGTTGC AGAAAGAATT TTCTCAAAGC TAGAACTTTG     2250
CTTCACTATA AGTATTCAGT ATAAAGAATA TTTCGCTATT ATTTACTTGA     2300
AATGAAAGAC TGCGGAGGCT AACTATGTCA AAAATCATGA ACCTCATTAC     2350
TTATGATAAG CTTCTTAAAA ACATAACAGC AATTCACATA AACCTCATAT     2400
GTTCTGATAC ATTCAAAATC CCTTTATGAA GCGGCTGAAA AAACCGCATC     2450
ATTTATGATA TGCTTCTCCA CGCATAATCT TAAATGCTCT ATACACTTGC     2500
TCAATTAACA CAACCCGCAT CATTTGATGT GGGAATGTCA TTTTGCTGAA     2550
TGATAGTGCG TAGTTACTGC GTTGTAAGAC GTCCTTGTGC AGGCCGTTTG     2600
ATCCGCCAAT GACGAATACA AAGTCGCTTT GCCCTTGGGT CATGCGTTGG     2650
TTCAATTCTT GGGCCAATCC TTCGGAAGAT AGCATCTTTC CTTGTATTTC     2700
TAATGTAATG ACTGTGGATT GTGGTTTAAT TTTGGCTAGT ATTCGTTGGC     2750
CTTCTTTTTC TTTTACTTGC TCAATTTCTT TGTCGCTCAT ATTTTCTGGT     2800
GCTTTTTCGT CTGGAACTTC TATGATGTCT ATCTTGGTGT ATGGGCCTAA     2850
ACGTTTTTCA TATTCTGCTA TGGCTTGCTT CCAATATTTC TCTTTTAGTT     2900
TCCCTACAGC TAAAATGGTG ATTTTCATGT CGTTTGGTCC TCCAAATTGT     2950
TATCAACTTT CCAGTTATCC ACAAGTTATT AACTTGTTCA CACTGTTCCC     3000
TCTTATTATA CCAATATTTT TTGCAGTTTT TGATATTTTC CTGACATTTA     3050
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 3

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 3183 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: NCTC 8325

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014440

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 3

```
CTGCAGAGGT AATTATTCCA AACAATACCA TTGATTTCAA AGGAGAAAGA      50
GATGACGTTA GAACGCGTGA AACAAATTTA GGAAACGCGA TTGCAGATGC     100
TATGGAAGCG TATGGCGTTA AGAATTTCTC TAAAAAGACT GACTTTGCCG     150
TGACAAATGG TGGAGGTATT CGTGCCTCTA TCGCAAAAGG TAAGGTGACA     200
CGCTATGATT TAATCTCAGT ATTACCATTT GGAAATACGA TTGCGCAAAT     250
TGATGTAAAA GGTTCAGACG TCTGGACGGC TTTCGAACAT AGTTTAGGCG     300
CACCAACAAC ACAAAAGGAC GGTAAGACAG TGTTAACAGC GAATGGCGGT     350
TTACTACATA TCTCTGATTC AATCCGTGTT TACTATGATA TAAATAAACC     400
GTCTGGCAAA CGAATTAATG CTATTCAAAT TTTAAATAAA GAGACAGGTA     450
AGTTTGAAAA TATTGATTTA AAACGTGTAT ATCACGTAAC GATGAATGAC     500
TTCACAGCAT CAGGTGGCGA CGGATATAGT ATGTTCGGTG GTCCTAGAGA     550
AGAAGGTATT TCATTAGATC AAGTACTAGC AAGTTATTTA AAAACAGCTA     600
ACTTAGCTAA GTATGATACG ACAGAACCAC AACGTATGTT ATTAGGTAAA     650
CCAGCAGTAA GTGAACAACC AGCTAAAGGA CAACAAGGTA GCAAAGGTAG     700
TAAGTCTGGT AAAGATACAC AACCAATTGG TGACGACAAA GTGATGGATC     750
CAGCGAAAAA ACCAGCTCCA GGTAAAGTTG TTTTGTTGCT AGCGCATAGA     800
GGAACTGTTA GTAGCGGTAC AGAAGGTTCT GGTCGCACAA TAGAAGGAGC     850
TACTGTATCA AGCAAGAGTG GGAAACAATT GGCTAGAATG TCAGTGCCTA     900
AAGGTAGCGC GCATGAGAAA CAGTTACCAA AAACTGGAAC TAATCAAAGT     950
TCAAGCCCAG AAGCGATGTT TGTATTATTA GCAGGTATAG GTTTAATCGC    1000
GACTGTACGA CGTAGAAAAG CTAGCTAAAA TATATTGAAA ATAATACTAC    1050
TGTATTTCTT AAATAAGAGG TACGGTAGTG TTTTTTTATG AAAAAAAGCG    1100
ATAACCGTTG ATAAATATGG GATATAAAAA CGAGGATAAG TAATAAGACA    1150
TCAAGGTGTT TATCCACAGA AATGGGGATA GTTATCCAGA ATTGTGTACA    1200
ATTTAAAGAG AAATACCCAC AATGCCCACA GAGTTATCCA CAAATACACA    1250
GGTTATACAC TAAAAATCGG GCATAAATGT CAGGAAAATA TCAAAAACTG    1300
CAAAAAATAT TGGTATAATA AGAGGGAACA GTGTGAACAA GTTAATAACT    1350
TGTGGATAAC TGGAAAGTTG ATAACAATTT GGAGGACCAA ACGACATGAA    1400
AATCACCATT TTAGCTGTAG GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG    1450
CCATAGCAGA ATATGAAAAA CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC    1500
ATAGAAGTTC CAGACGAAAA AGCACCAGAA AATATGAGTG ACAAAGAAAT    1550
TGAGCAAGTA AAAGAAAAAG AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC    1600
CACAATCCAC AGTCATTACA TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC    1650
GAAGGATTGG CCCAAGAATT GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA    1700
CTTTGTTTTC GTCATTGGCG GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC    1750
AACGCAGTAA CTACGCACTA TCATTCAGCA AAATGACATT CCCACATCAA    1800
ATGATGCGGG TTGTGTTAAT TGAACAAGTG TACAGAGCAT TTAAGATTAT    1850
GCGAGGAGAG GCGTATCATA AGTAAAACTA AAAAATTCTG TATGAGGAGA    1900
TAATAATTTG GAGGGTGTTA AATGGTGGAC ATTAAATCCA CGTTCATTCA    1950
ATATATAAGA TATATCACGA TAATTGCGCA TATAACTTAA GTAGTAGCTA    2000
ACAGTTGAAA TTAGGCCCTA TCAAATTGGT TTATATCTAA AATGATTAAT    2050
```

```
ATAGAATGCT TCTTTTTGTC CTTATTAAAT TATAAAAGTA ACTTTGCAAT      2100
AGAAACAGTT ATTTCATAAT CAACAGTCAT TGACGTAGCT AAGTAATGAT      2150
AAATAATCAT AAATAAAATT ACAGATATTG ACAAAAAATA GTAAATATTC      2200
CAATGAAGTT TCAAAAGAAC AATTCCAAGA AATTGAGAAT GTAAATAATA      2250
AGGTCAAAGA ATTTTATTAA GATTTGAAAG AGTATCAATC AAGAAAGATG      2300
TAGTTTTTTA ATAAACTATT TGGAAAATAA TTATCATAAT TTAAAAACTG      2350
ACAATTTGCG AGACTCATAA AATGTAATAA TGGAAATAGA TGTAAAATAT      2400
AATTAAGGGG TGTAATATGA AGATTAATAT TTATAAATCT ATTTATAATT      2450
TTCAGGAAAC AAATACAAAT TTTTTAGAGA ATCTAGAATC TTTAAATGAT      2500
GACAATTATG AACTGCTTAA TGATAAAGAA CTTGTTAGTG ATTCAAATGA      2550
ATTAAAATTA ATTAGTAAAG TTTATATACG TAAAAAAGAC AAAAAACTAT      2600
TAGATTGGCA ATTATTAATA AAGAATGTAT ACCTAGATAC TGAAGAAGAT      2650
GACAATTTAT TTTCAGAATC CGGTCATCAT TTTGATGCAA TATTATTTCT      2700
CAAAGAAGAT ACTACATTAC AAAATAATGT ATATATTATA CCTTTTGGAC      2750
AAGCATATCA TGATATAAAT AATTTGATTG ATTATGACTT CGGAATTGAT      2800
TTTGCAGAAA GAGCAATCAA AAATGAAGAC ATAGTTAATA AAAATGTTAA      2850
TTTTTTTCAA CAAAACAGGC TTAAAGAGAT TGTTAATTAT AGAAGGAATA      2900
GTGTAGATTA CGTTAGACCT TCAGAATCTT ATATATCAGT CCAAGGACAT      2950
CCACAGAATC CTCAAATTTT TGGAAAAACA ATGACTTGTG GTACAAGTAT      3000
TTCATTGCGT GTACCGAATA GAAAGCAGCA ATTCATAGAT AAAATTAGTG      3050
TGATAATCAA AGAAATAAAC GCTATTATTA ATCTTCCTCA AAAAATTAGT      3100
GAATTTCCTA GAATAGTAAC TTTAAAAGAC TTGAATAAAA TAGAAGTATT      3150
AGATACTTTA TTGCTAAAAA AACTATCGAA TTC                        3183
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 4

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 479 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 86/560

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013471

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 4

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA      150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA      200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT      250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA      300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA      350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG      400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG      450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACA                             479
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 5

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 86/961

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013472

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 5

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA       200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT       250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA       300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA       350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG       400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATAAC ATGCCTACGA TTAATAAAAG       450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                            480
```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SECUENCIA SEC ID nº: 6

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/3907

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013473

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 6

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATCCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA       200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT       250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA       300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA       350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG       400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG       450
GAAGTTTATT AGATTTGTGT TAGAAACAGT                            480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 7

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 86/2652

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013474

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 7

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA       200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT       250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA       300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA       350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG       400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG       450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                            480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 8

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 309 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/1340

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013475

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 8

```
GGCGGATCAA ACGGCCTGCA CAAGGACGTC TTACAACGCA GTAACTACGC        50
ACTATCATTC AGCAAAATGA CATTCCCACA TCAAATGATG CGGGTTGTGT       100
TAATTGAACA AGTGTACAGA GCATTTAAGA TTATGCGTGG AGAAGCGTAT       150
CATAAATAAA ACTAAAAATT AGGTTGTGTA TAATTTAAAA ATCTAATGAG       200
ATGTGGAGGA ATTACATATA TGAAATATTG GATTATNCCT TGCAATATCA       250
TACGATGTTT ATAGAGTGTT TAATAAACCA TTTTTCAACT ATTGATGATC       300
TACAATATA                                                   309
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 9

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 471 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/1762

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013476

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 9

```
TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG CAGTAACTAC        50
GCACTATCAT TCAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA TGCGGGTTGT       100
GTTAATTGAA CAAGTGTACA GAGCATTTAA GATTATGCGT GGAGAAGCGT       150
ATCATAAATA AAACTAAAAA TTAGGTTGTG TATAATTTAA AAATTTAATG       200
AGATGTGGAG GAATTACATA TATGAAATAT TGGATTATAC CTTGCAATAT       250
CATACGATGT TTATAGAGTG TTTAATAAAC CATTTTTCAA CTATTGATGA       300
TCTAGAATAT ATAATAACTG TACAAATTAT ATTGATTATG GAACTACAAT       350
TAAATTAAGA AATTGATGAT GAAATTTTAA ATTTAAACTA ATGGAATCAA       400
GAAAGAATGA AAGGAAATAT ACAATGCCTA CGATTAATAA AAGGAAGTTT       450
ATTAGATTTT GTGTTAGAAA C                                     471
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 10

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2082

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013477

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 10

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA       200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT       250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA       300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA       350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG       400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG       450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                             480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 11

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2111

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013478

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 11

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA       200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT       250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA       300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA       350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG       400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG       450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                            480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 12

(i)

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/5495

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013479

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 12

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA       200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT       250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA       300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA       350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG       400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG       450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                            480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 13

(i)

(A) LONGITUD: 478 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/1836

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013480

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 13

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA      150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA      200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT      250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA      300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA      350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG      400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG      450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAAC                              478
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 14

(i)

(A) LONGITUD: 479 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2147

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013481

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 14

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA      150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA      200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT      250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA      300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA      350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG      400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG      450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACA                             479
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 15

(i)

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/3619

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013482

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 15

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA      150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA      200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT      250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA      300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA      350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG      400
GAATCNCGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG      450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                           480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 16

(i)

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/3566

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB013483

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 16

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA      150
GAAGCGTATC ATAAATAAAA CTAAAAATTA GGTTGTGTAT AATTTAAAAA      200
TTTAATGAGA TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG ATTATACCTT      250
GCAATATCAT ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCAT TTTTCAACTA      300
TTGATGATCT AGAATATATA ATAACTGTAC AAATTATATT GATTATGGAA      350
CTACAATTAA ATTAAGAAAT TGATGATGAA ATTTTAAATT TAAACTAATG      400
GAATCAAGAA AGAATGAAAG GAAATATACA ATGCCTACGA TTAATAAAAG      450
GAAGTTTATT AGATTTTGTG TTAGAAACAG                           480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 17

(i)

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2232

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014402

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 17

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCATATC ATAAATGATG CGGTTTTTTC AGCCGCTTCA TAAAGGGATT       200
TTGAATGTAT CAGAACATAT GAGGTTTATG TGAATTGCTG TTATGTTTTT       250
AAGAAGCTTA TCATAAGTAA TGAGGTTCAT GATTTTTGAC ATAGTTAGCC       300
TCCGCAGTCT TTCATTTCAA GTAAATAATA GCGAAATATT CTTTATACTG       350
AATACTTATA GTGAAGCAAA GTTCTAGCTT TGAGAAAATT CTTTCTGCAA       400
CTAAATATAG TAAATTACGG TAAAATATAA ATAAGTACAT ATTGAAGAAA       450
ATGAGACATA ATATATTTTA TAATAGGAGG                             480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 18

(i)

(A) LONGITUD: 480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2235

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014403

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 18

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAGCAA GTGTATAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCATATC ATAAATGATG CGGTTTTTTC AGCCGCTTCA TAAAGGGATT       200
TTGAATGTAT CAGAACATAT GAGGTTTATG TGAATTGCTG TTATGTTTTT       250
AAGAAGCTTA TCATAAGTAA TGAGGTTCAT GATTTTTGAC ATAGTTAGCC       300
TCCGCAGTCT TTCATTTCAA GTAAATAATA GCGAAATATT CTTTATACTG       350
AATACTTATA GTGAAGCAAA GTTCTAGCTT TGAGAAAATT CTTTCTGCAA       400
CTAAATATAG TAAATTACGG TAAAATATAA ATAAGTACAT ATTGAAGAAA       450
ATGAGACATA ATATATTTTA TAATAGGAGG                             480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 19

(i)

(A) LONGITUD: 458 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: MR108

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014404

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 19

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCATATC ATAAATGATG CGGTTTTTTC AGCCGCTTCA TAAAGGGATT       200
TTGAATGTAT CAGAACATAT GAGGTTTATG TGAATTGCTG TTATGTTTTT       250
AAGAAGCTTA TCATAAGTAA TGAGGTTCAT GATTTTTGAC ATAGTTAGCC       300
TCCGCAGTCT TTCATTTCAA GTAAATAATA GCGAAATATT CTTTATACTG       350
AATACTTATA GTGAAGCAAA GTTCTAGCTT TGAGAAAATT CTTTCTGCAA       400
CTAAATATAG TAAATTACGG TAAAATATAA ATAAGTACAT ATTGAAGAAA       450
ATGAGACA                                                    458
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 20

(i)

(A) LONGITUD: 385 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/9302

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014430

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 20

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAGCAA GTGTATAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCTTATC ATAAGTAATG AGGTTCATGA TTTTTGACAT AGTTAGCCTC       200
CGCAGTCTTT CATTTCAAGT AAATAATAGC GAAATATTCT TTATACTGAA       250
TACTTATAGT GAAGCAAAGT TCTAGCTTTG AGAAAATTCT TTCTGCAACT       300
AAATATAGTA AATTACGGTA AAATATAAAT AAGTACATAT TGAAGAAAAT       350
GAGACATAAT ATATTTTATA ATAGGAGGGA ATTTC                       385
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 21

(i)

(A) LONGITUD: 385 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 84/9580

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014431

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 21

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAGCAA GTGTATAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAAGCTTATC ATAAGTAATG AGGTTCATGA TTTTTGACAT AGTTAGCCTC       200
CGCAGTCTTT CATTTCAAGT AAATAATAGC GAAATATTCT TTATACTGAA       250
TACTTATAGT GAAGCAAAGT TCTAGCTTTG AGAAAATTCT TTCTGCAACT       300
AAATATAGTA AATTACGGTA AAATATAAAT AAGTACATAT TGAAGAAAAT       350
GAGACATAAT ATATTTTATA ATAGGAGGGA ATTTC                       385
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 22

(i)

(A) LONGITUD: 385 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/1940

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014432

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 22

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAGCAA GTGTATAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA      150
GAAGCTTATC ATAAGTAATG AGGTTCATGA TTTTTGACAT AGTTAGCCTC      200
CGCAGTCTTT CATTTCAAGT AAATAATAGC GAAATATTCT TTATACTGAA      250
TACTTATAGT GAAGCAAAGT TCTAGCTTTG AGAAAATTCT TTCTGCAACT      300
AAATATAGTA AATTACGGTA AAATATAAAT AAGTACATAT TGAAGAAAAT      350
GAGACATAAT ATATTTTATA ATAGGAGGGA ATTTC                      385
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 23

(i)

(A) LONGITUD: 385 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 61/6219

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014433

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 23

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG       50
TAACTACGCG CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC      100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAAAG CATTTAAGAT TATGCGAGGA      150
GAAGCTTATC ATAAGTAATG AGGTTCATGA TTTTTGACAT AGTTAGCCTC      200
CGCAGTCTTT CATTTCAAGT AAATAATAGC GAAATATTCT TTATACTGAA      250
TACTTATAGT GAAGCAAAGT TCTAGCTTTG AGAAAATTCT TTCTGCAACT      300
AAATATAGTA AATTACGGTA AAATATAAAT AAGTACATAT TGAAGAAAAT      350
GAGACATAAT ATATTTTATA ATAGGAGGGA ATTTC                      385
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 24

(i)

(A) LONGITUD: 340 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 64/4176

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014434

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 24

```
CGCAGTAACT ACGCGCTATC ATTCAGCAAA ATGACATTCC CACATCAAAT        50
GATGCGGGTT GTGTTAGTTG AGCAAGTGTA CATAGCATTT AAGATTATGC       100
GAGGAGAAGC TTATCATAAG TAATGAGGTT CATGATTTTT GACATAGTTA       150
GCCTCCGCAG TCTTTCATTT CAAGTAAATA ATAGCGAAAT ATTCTTTATA       200
CTGAATACTT ATAGTGAAGC AAAGTTCTAG CTTTGAGAAA ATTCTTTCTG       250
CAACTAAATA TAGTAAATTA CGGTAAAATA TAAATAAGTA CATATTGAAG       300
AAAATGAGAC ATAATATATT TTATAATAGG AGGGAATTTC                  340
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 25

(i)

(A) LONGITUD: 369 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 64/3846

(C) NÚMERO DE REGISTRO: AB014435

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 25

```
CAAACGGCCT GCACAAGGAC GTCTTACAAC GCAGTAACTA CGCACTATCA        50
TTCAGCAAAA TGACATTCCC ACATCAAATG ATGCGGGTTG TGTTAATTGA       100
ACAAGTGTAC AGAGCATTTA AGATTATGCG AGGAGAAGCT TATCATAAGT       150
AATGAGGTTC ATGATTTTTG ACATAGTTAG CCTCCGCAGT CTTTCATTTC       200
AAGTAAATAA TAGCGAAATA TTCTTTATAC TGAATACTTA TAGTGAAGCA       250
AAGTTCTAGC TTTGAGAAAA TTCTTTCTGC AACTAAATAT AGTAAATTAC       300
GGTAAAATAT AAATAAGTAC ATATTGAAGA AAATGAGACA TAATATATTT       350
TATAATAGGA GGGAATTTC                                        369
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 26

(i)

(A) LONGITUD: 3050 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: HUC19

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AF181950

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 26

```
AATTTGGTAA ACCTCAAAAG GTAATTACAG ATCAGGCACC TTCAACGAAG       50
GTAGCAATGG CTAAAGTAAT TAAAGCTTTT AAACTTAAAC CTGACTGTCA      100
TTGTACATCG AAATATCTGA ATAACCTCAT TGAGCAAGAT CACCGTCATA      150
TTAAAGTAAG AAAGACAAGG TATCAAAGTA TCAATACAGC AAAGAATACT      200
TTAAAAGGTA TTGAATGTAT TCACGCTCTA TATAAAAAGA ACCGCAGGTC      250
TCTTCAGATC TACGGATTTT CGCCATGCCA CGAAATTAGC ATCATGCTAG      300
CAAGTTAAGC GAACACTGAC ATGATAAATT AGTGGTTAGC TATATTTTTT      350
TACTTTGCAA CAGAACCGAA AATAATCTCT TCAATTTATT TTTATATGAA      400
TCCTGTGACT CAATGATTGT AATATCTAAA GATTTCAGTT CATCATAGAC      450
AATGTTCTTT TCAACATTTT TTATAGCAAA TTGATTAAAT AAATTCTCTA      500
ATTTCTCCCG TTTGATTTCA CTACCATAGA TTATATTATC ATTGATATAG      550
TCAATGAATA ATGACAAATT ATCACTCATA ACAGTCCCAA CCCCTTTATT      600
TTGATAGACT AATTATCTTC ATCATTGTAA AACAAATTAC ACCCTTTAAA      650
TTTAACTCAA CTTAAATATC GACAAATTAA AAAACAATAA AATTACTTGA      700
ATATTATTCA TAATATATTA ACAACTTTAT TATACTGCTC TTTATATATA      750
AAATCATTAA TAATTAAACA AGCCTTAAAA TATTTAACTT TTTTGTGATT      800
ATTACACATT ATCTTATCTG CTCTTTATCA CCATAAAAAT AGAAAAAACA      850
AGATTCCTAA AGAATATAGG AATCTTGTTT CAGACTGTGG ACAAACTGAT      900
TTTTTATCAG TTAGCTTATT TAGAAAGTTT TATTTAAATT ACAGTTTCTA      950
TTTTTATTAG ATCACAATTT TATTTTAGCT CTTGTTCAAG TAATCATTTT     1000
TCGCCAAAAA CTTTATACTG AATAGCTTCT ACATTAAATA CTTGTCAATG     1050
AGATCATCTA CATCTTTAAA TTCAGAATAA TTCGCATATG GATCTATAAA     1100
ATAAAATTGT GGTTCTTTAC CGGAAACATT AAATATTCTT AATATTAAAT     1150
ATTTCTGCTT ATATTCTTTC ATAGCAAACA TTTCATTTAG CGACATAAAA     1200
AATGGTTCCT CAATACTAGA AGATGTAGAT GTTTTAATTT CAATAAATTT     1250
TTCTACAGCT TTATCTGTAT TTGTTGGATC AAAAGCTACT AAATCATAGC     1300
CATGACCGTG TTGAGAGCCT GGATTATCAT TTAAAATATT CCTAAACTGT     1350
TCTTTCTTAT CTTCGTCTAT TTTATTATCA ATTAGCTCAT TAAAGTAATT     1400
TAGCGCTAAT TTTTCTCCAA CTTTACCGGT TAATTTATTC TCTTTATTTG     1450
ATTTTTCAAT TTCTGAATCA TTTTTAGTAG TCTTTGATAC ACCTTTTTTA     1500
TATTTTGGAA TTATTCCTTT AGGTGCTTCC ACTTCCTTGA GTGTCTTATC     1550
TTTTTGTGCT GTTCTAATTT CTTCAATTTC GCTGTCTTCC TGTATTTCGT     1600
CTATGCTATT GACCAAGCTA TCATAGGATG TTTTTGTAAC TTTTGAAGCT     1650
AATTCATTAA ATAGTTCTAA AAATTTCTTT AAATCCTCTA GCATATCTTC     1700
TTCTGTGAAT CCTTCATTCA AATCATAATA TTTGAATCTT ATTGATCCAT     1750
GAGAATATCC TGATGGATAA TCATTTTTTA AATCATAAGA TGAATCTTTA     1800
TTTTCTGCGT AATAAAATCT TCCAGTATTA AATTCATTTG ATGTAATATA     1850
TTTATTGAGT TCGGAAGATA AAGTTAATGC TCTTTGTTTT GCAGCATTTT     1900
TATCCCGCGG AAACATATCA CTTATCTTTG ACCATCCTTG ATTCAAAGAT     1950
AAGTATATGC CTTCTCCTTC CGGATGAAAA AGATATACCA AATAATGTCC     2000
ATCCTTTGTT TCTTTTGTTA TATTCTCATC ATATATTGAA ATCCAAGGAA     2050
CTTTACTATA GTTCCCAGTA GCAACCTTCC CTACAACTGA ATATTTATCT     2100
TCTTTTATAT GCACTTTTAA CTGCTTGGGT AACTTATCAT GGACTAAAGT     2150
TTTATATAGA TCACCTTTAT CCCAATCAGA TTTTTTAACT ACATTATTGG     2200
TACGTTTCTC TTTAATTAAT TTAAGGACCT GCATAAAGTT GTCTATCATT     2250
TGAAATTCCC TCCTATTATA AAATATATTA TGTCTCATTT TCTTCAATAT     2300
GTACTTATTT ATATTTTACC GTAATTTACT ATATTTAGTT GCAGAAAGAA     2350
TTTTCTCAAA GCTAGAACTT TGCTTCACTA TAAGTATTCA GTATAAAGAA     2400
TATTTCGCTA TTATTTACTT GAAATGAAAG ACTGCGGAGG CTAACTATGT     2450
CAAAAATCAT GAACCTCATT ACTTATGATA AGCTTCTTAA AAACATAACA     2500
GCAATTCACA TAAACCTCAT ATGTTCTGAT ACATTCAAAA TCCCTTTATG     2550
AAGCGGCTGA AAAAACCGCA TCATTTATGA TATGCTTCTC CTCGCATAAT     2600
CTTAAATGCT CTGTACACTT GTTCAATTAA CACAACCCGC ATCATTTGAT     2650
GTGGGAATGT CATTTTGCTG AATGATAGTG CGTAGTTACT GCGTTGTAAG     2700
ACGTCCTTGT GCAGGCCGTT TGATCCGCCA ATGACGAAAA CAAAGTCGCT     2750
TTGCCCTTGG GTCATGCGTT GGTTCAATTC TTGGGCCAAT CCTTCGGAAG     2800
ATAGCATCTT TCCTTGTATT TCTAATGTAA TGACTGTGGA TTGTGGTTTG     2850
ATTTTGGCTA GTATTCGTTG GCCTTCTTTT TCTTTTACTT GCTCAATTTC     2900
TTTGTCACTC ATATTTTCTG GTGCTTTTTC GTCTGGAACT TCTATGATGT     2950
CTATCTTGGT GTATGGGCCT AAACGTTTTT CATATTCTGC TATGGCTTGC     3000
TTCCAATATT TCTCTTTTAG TTTCCCTACA GCTAAAATGG TGATTTTCAT     3050
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 27

(i)

(A) LONGITUD: 657 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-2025

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 27

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA        50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC       100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT       150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG       200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT       250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA       300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT       350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT       400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA       450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT       500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG       550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT       600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT       650
AAATAAA                                                     657
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 28

(i)

(A) LONGITUD: 782 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1263

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 28

```
CACCTTCATA TGACGTCTAT CCATTTATGT ATGGCATGAG TAACGAAGAA        50
TATAATAAAT TAACCGAAGA TAAAAAAGAA CCTCTGCTCA ACAAGTTCCA       100
GATTACAACT TCACCAGGTT CAACTCAAAA AATATTAACA GCAATGATTG       150
GGTTAAATAA CAAAACATTA GACGATAAAA CAAGTTATAA AATCGATGGT       200
AAAGGTTGGC AAAAAGATAA ATCTTGGGGT GGTTACAACG TTACAAGATA       250
TGAAGTGGTA AATGGTAATA TCGACTTAAA ACAAGCAATA GAATCATCAG       300
ATAACATTTT CTTTGCTAGA GTAGCACTCG AATTAGGCAG TAAGAAATTT       350
GAAAAAGGCA TGAAAAAACT AGGTGTTGGT GAAGATATAC CAAGTGATTA       400
TCCATTTTAT AATGCTCAAA TTTCAAACAA AAATTTAGAT AATGAAATAT       450
TATTAGCTGA TTCAGGTTAC GGACAAGGTG AAATACTGAT TAACCCAGTA       500
CAGATCCTTT CAATCTATAG CGCATTAGAA AATAATGGCA ATATTAACGC       550
ACCTCACTTA TTAAAAGACA CGAAAAACAA AGTTTGGAAG AAAAATATTA       600
TTTCCAAAGA AAATATCAAT CTATTAACTG ATGGTATGCA ACAAGTCGTA       650
AATAAAACAC ATAAAGAAGA TATTTATAGA TCTTATGCAA ACTTAATTGG       700
CAAATCCGGT ACTGCAGAAC TCAAAATGAA ACAAGGAGAA ACTGGCAGAC       750
AAATTGGGTG GTTTATATCA TATGATAAAG AT                          782
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 29

(i)

(A) LONGITUD: 744 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1311

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 29

```
TATGACGTCT ATCCATTTAT GTATGGCATG AGTAACGAAG AATATAATAA        50
ATTAACCGAA GATAAAAAAG AACCTCTGCT CAACAAGTTC CAGATTACAA       100
CTTCACCAGG TTCAACTCAA AAAATATTAA CAGCAATGAT TGGGTTAAAT       150
AACAAAACAT TAGACGATAA AACAAGTTAT AAAATCGATG GTAAAGGTTG       200
GCAAAAAGAT AAATCTTGGG GTGGTTACAA CGTTACAAGA TATGAAGTGG       250
TAAATGGTAA TATCGACTTA AAACAAGCAA TAGAATCATC AGATAACATT       300
TTCTTTGCTA GAGTAGCACT CGAATTAGGC AGTAAGAAAT TTGAAAAAGG       350
CATGAAAAAA CTAGGTGTTG GTGAAGATAT ACCAAGTGAT TATCCATTTT       400
ATAATGCTCA AATTTCAAAC AAAAATTTAG ATAATGAAAT ATTATTAGCT       450
GATTCAGGTT ACGGACAAGG TGAAATACTG ATTAACCCAG TACAGATCCT       500
TTCAATCTAT AGCGCATTAG AAAATAATGG CAATATTAAC GCACCTCACT       550
TATTAAAAGA CACGAAAAAC AAAGTTTGGA AGAAAAATAT TATTTCCAAA       600
GAAAATATCA ATCTATTAAC TGATGGTATG CAACAAGTCG TAAATAAAAC       650
ACATAAAGAA GATATTTATA GATCTTATGC AAACTTAATT GGCAAATCCG       700
GTACTGCAGA ACTCAAAATG AAACAAGGAG AAACTGGCAG ACAA             744
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 30

(i)

(A) LONGITUD: 652 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1331

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 30

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA        50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC       100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT       150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG       200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT       250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA       300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT       350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT       400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA       450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT       500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG       550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT       600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT       650
AA                                                          652
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 31

(i)

(A) LONGITUD: 2436 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1377

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 31

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA      50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC     100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT     150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG     200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT     250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA     300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT     350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT     400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA     450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT     500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG     550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT     600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT     650
AAATAAAACA CATAAAGAAG ATATTTATAG ATCTTATGCA AACTTAATTG     700
GCAAATCCGG TACTGCAGAA CTCAAAATGA AACAAGGAGA AACTGGCAGA     750
CAAATTGGGT GGTTTATATC ATATGATAAA GATAATCCAA ACATGATGAT     800
GGCTATTAAT GTTAAAGATG TACAAGATAA AGGAATGGCT AGCTACAATG     850
CCAAAATCTC AGGTAAAGTG TATGATGAGC TATATGAGAA CGGTAATAAA     900
AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC GTAACGATGG     950
TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT TACTTCTCCC    1000
TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG ACACTGTAAC    1050
GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT TCAGCGATAA    1100
CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT AACGTTATTC    1150
ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT CTTCTACCCA    1200
TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA ATGATACCTT    1250
TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT ATATTGAGGA    1300
TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA TATGAAGGCT    1350
TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT TTCATATATG    1400
TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA TGTTAAAGGT    1450
AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT TCTATTGAGA    1500
CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA TCAACTCCCC    1550
AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT CCATACGTTC    1600
AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT TAGTAAGTTT    1650
GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT AAAAGTGTTC    1700
TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC TCTGTTATAT    1750
TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT TAAAGCTTGA    1800
AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT TCTTCCACTT    1850
GCTTAACCAT ACTTTTAGAA AGTGCTAGTC CATTCGGTCC AGTAATACCT    1900
TTTAATTCTA CATTTAAATT CATATTATAT TCATTTGCTA TTTTTACTAC    1950
ATCATCGAAA GTTGGCAAAT GTTCATCTTT GAATTTTTCA CCAAACCAAG    2000
ATCCTGCAGA AGCATCTTTA ATTTCATCAT AATTCAATTC AGTTATTTCC    2050
CCGGACATAT TTGTAGTCCG TTCTAAATAA TCATCATGAA TGATAATCAG    2100
TTGTTCATCT TTTGTAATTG CAACATCTAA CTCCAACCAG TTTATACCTT    2150
CTACTTCTGA AGCAGCTTTA AATGATGCAA TTGTATTTTC CGGAGCTTTA    2200
CTAGGTAATC CTCTATGTCC ATATACAGTT AGCATATTAC CTCTCCTTGC    2250
ATTTTTATTT TTTTAATTAA CGTAACTGTA TTATCACATT AATCGCACTT    2300
TTATTTCCAT TAAAAAGAGA TGAATATCAT AAATAAAGAA GTCGATAGAT    2350
TCGTATTGAT TATGGAGTTA ATCTACGTCT CATCTCATTT TTAAAAAATC    2400
ATTTATGTCC CAAGCTCCAT TTTGTAATCA AGTCTA                   2436
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 32

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 36 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 32

CGCTTGCCAC ATCAAATGAT GCGGGTTGTG CAAGCG 36

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 33

(i)

(A) LONGITUD: 336 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus epidermidis*

(B) CEPA: G3

(C) NÚMERO DE REGISTRO: SEC ID nº: 15, PATENTE US nº 6.156.507

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 33

```
CTCATTACTT ATGATAAGCT TCTTAAAAAC ATAACAGCAA TTCACATAAA      50
CCTCATATGT TCTGATACAT TCAAAATCCC TTTATGAAGC GGCTGAAAAA     100
ACCGCATCAT TTATGATATG CTTCGCCTCT CATGATCTTA AATGCGCGAT     150
AAATTTGTTC GATCAATATG ACGCGCATAT TTGGTGTGGG AAGGTCATAT     200
TGCTAAAAGA TAAAGCATAG TTGCTGCGTT GTAAGACGTC TTGGTGTAAA     250
CCATTGGAGC CACCTATGAC AAATGTAAAG TCGCTTTGAC CTTGTGTCAT     300
GCGTGTTTGT AGTTCTTTAG CGAGTCCTTC TGAAGA                    336
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 34

(i)

(A) LONGITUD: 260 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus haemolyticus*

(B) CEPA: SH 518

(C) NÚMERO DE REGISTRO: SEC ID nº: 16, PATENTE US nº 6.156.507

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 34

```
CTCATTACTT ATGATAAGCT TCTTAAAAAC ATAACAGCAA TCCACATAAA      50
CCTCATATGT TCTGATACAT TCAAAATCCC TTTATGAAGC GGCTGAAAAA     100
ACCGCATCAT TTATGATATG CTTCCCTCGC ATGATTTTAA ATGCTCTGTA     150
TACTTGCTCG ATTAAGACAA CGCGCATCAT TTGATGTGGG AATGTCATTT     200
TACTGAATGA AAGTGCGTAG TTGCTGCGTT GTAAGACGTC CTCATGCAAT     250
CCATTTGATC                                                260
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 35

(i)

(A) LONGITUD: 225 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: ATCC 25923

(C) NÚMERO DE REGISTRO: SEC ID nº: 9, PATENTE US nº 6.156.507

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 35

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG      50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC     100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA     150
GAGGCGTATC ACAAATAAAA CTAAAAATGG AGTAACTATT AATATAGTAT     200
AAATTCAATA TGGTGATAAA AACAG                                225
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 36

(i)

(A) LONGITUD: 225 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: STP23

(C) NÚMERO DE REGISTRO: SEC ID nº: 10 PATENTE US nº 6.156.507

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 36

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG      50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC     100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA     150
GAGGCGTATC ACAAATAAAA CTAAAAATGG AGTAACTATT AATATAGTAT     200
AAATTCAATA TGGTGATAAA AACAG                                225
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 37

(i)

(A) LONGITUD: 225 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: STP43

(C) NÚMERO DE REGISTRO: SEC ID nº: 12 PATENTE US nº 6.156.507

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 37

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGTAG        50
TAACTACGCA CTATCATTCA GCAAAATGAC ATTTCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTACAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAGGCGTATC ATAAGTAATG AGGTTCATGA TTTTTGACAT AGTTAGCCTC       200
CGCAGTCTTT CAAGTAAATA ATATC                                 225
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 38

(i)

(A) LONGITUD: 225 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: STP53

(C) NÚMERO DE REGISTRO: SEC ID nº: 13 PATENTE US nº 6.156.507

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 38

```
TTCGTCATTG GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG        50
TAACTACGCA CTATCATTTA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC       100
GGGTTGTGTT AATTGAACAA GTGTATAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA       150
GAGGCGTATC ATAAGTGATG CTTGTTAGAA TGATTTTTAA CAATATGAAA       200
TAGCTGTGGA AGCTCAAACA TTTGT                                  225
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 39

(i)

(A) LONGITUD: 1500 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 476

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de Genome project

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 39

```
TGAGTCTGGT AAAGATACAC AACCAATTGG TAAAGAGAAA GTGATGAATC        50
CAGCGAAACA ACCAGCGACA GGTAAAGTTG TGTTGTTACC AGCGCATAGA       100
GGAACTGTTA GTAGCGGTAC AGAAGGTTCT GATCGCGCAT TAGAAGGAAC       150
TGCTGTATCA AGTAAGAGTG GGAAACAATT GGCTAACATG TCAGCGCCTA       200
AAGGTAGCGC ACATGAGAAA CAGTTACCAA AAACTGGAAC TGATCAAAGT       250
TCAAGCCCAG CAGCGATGTT TGTATTAGTA ACAGGTATAG GTTTAATCGC       300
GACTGTACGA CGTAGAAAAG CTAGCTAAAA TATATTGAAA ACAATACTAC       350
TGTATTTCTT AAATAAGAGG TACGGTAGTG TTTTTTTATG GAAAAAAGCT       400
ATAACCGTTG ATAAATATGG GATATAAAAA CGGGGATAAG TAATAAGACA       450
TCAAGGTATT TATCCACAGA AATGGGGATA GTTATCCAGA ATTGTGTACA       500
ATTTAAAGAG AAATACCCAC AATGCCCACA GAGTTATCCA CAAATACACA       550
AGTTATACAC TGAAAATTGG GCATGAATGT CAGAAAAATA TCAAAAACTG       600
CAAAAAAACT TGGTATAATA AGAGGGAAAA GTGTGAACAA GTTAATAACT       650
TGTGGATAAC TGGAAAGTTG ATAACAATTT GGAGGACCAA ACGACATGAA       700
AATCACCATT TTAGcTGTAG GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG       750
CCATAGCAGA ATATGAAAAA CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC       800
ATAGAAGTTA CAGACGAAAA AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT       850
CGAGCAAGTA AAAGAAAAAG AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC       900
CACAATCCAC AGTCATTACA TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC       950
GAAGGATTGG CCCAAGAATT GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA      1000
CTTTGTATTC GTCATTGGCG GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC      1050
AACGTAGTAA CTACGCACTA TCATTCAGCA AAATGACATT TCCACATCAA      1100
ATGATGCGGG TTGTGTTAAT TGAACAAGTG TACAGAGCAT TTAAGATTAT      1150
GCGTGGAGAA GCTTATCATA AATGATGCGG TTTTTTCTTG AAAAATTTAA      1200
TTAGATATTA GAATCCTTTA ATTTATTTGA AAATCAGAAG TGAGTAACAA      1250
TGGTAAGTGA AATAGTTAGT GCAATAATTG GAATTATAGG GATTTATTGA      1300
GATGTATGGA GATGCGGGGC ATTTATCGAG TAGATTACAA TTAGAGCATG      1350
TAGGTGATTT GCTTTTTCAT GCAAGTAAAG ATAAACTTTT AAAAATCCTA      1400
TAAGAATTTA GAAACTTTAG AATAACTAAA TATTAAAAAA ATATCGTATG      1450
AAAGTGAAAT TAGGATGAGA GACCATAGCT AAATTAAAAA TTTTAGCAAA      1500
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 40

(i)

(A) LONGITUD: 1501 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 252

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de Genome project

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 40

```
TTGCACAACC AATTGGTAAA GACAAAGTGA TGGATCCAGC GAAACAACCA        50
GCGCCAAGTA AAGTTGTATT GTTGCCAGCG CATAGAGGAA CTGTTAGTAG       100
TGGTAGAGAA GGTTCTGATC GCGCATTGGA AGGAACTGCT GTATCAAGTA       150
AGAGCGGGAA ACAATTGGCT AGCATGTCAG CGCCTAAAGG TAGCACACAT       200
GAGAAGCAGT TACCAAAAAC TGGAACTGAT CAAAGTTCAA GCCCAGCAGC       250
GATGTTTGTA TTAGTAGCAG GTATAGGTTT AATTGCGACT GTACGACGTA       300
GAAAAGCTAG CTAAAATATA TTGAAAACAA TACTACTGTA TTTCTTAAAC       350
AAGAGGTACG GTAGTGTTTT TTTATGAAAA AAAGCTATAA CCGTTGATAA       400
ATATGGGATA TAAAAACGGG GATAAGTAAT AAGACATCAA GGTATTTATC       450
CACAGAAATG GGGATAGTTA TCCAGAATTG TGTACAATTT AAAGAGAAAT       500
ACCCACAATG CCCACAGAGT TATCCACAAA TACACAGGTT ATACACTAAA       550
AATTGGGCAT GAATGTCAGA AAAATATCAA AAACTGCAAA GAATATTGGT       600
ATAATAAGAG GGAACAGTGT GAACAAGTTA ATAACTTGTG GATAACTGGA       650
AAGTTGATAA CAATTTGGAG GACCAAACGA CATGAAAATC ACCATTTTAG       700
CTGTAGGGAA ACTAAAAGAG AAATATTGGA AGCAAGCCAT AGCAGAATAT       750
GAAAAACGTT TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG AAGTTCCAGA       800
CGAAAAAGCA CCAGAAAATA TGAGCGACAA AGAAATTGAG CAAGTAAAAG       850
AAAAAGAAGG CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA ATCAACAGTC       900
ATTACATTAG AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG GATTGGCCCA       950
AGAATTGAAC CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT GTATTCGTCA      1000
TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG CAGTAACTAC      1050
GCACTATCAT TCAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA TGCGGGTTGT      1100
GTTAATTGAA CAAGTGTACA GAGCATTTAA GATTATGCGT GGAGAAGCAT      1150
ATCATAAATG ATGCGGTTTT TTCAGCCGCT TCATAAAGGG ATTTTGAATG      1200
TATCAGAACA TATGAGGTTT ATGTGAATTG CTGTTATGTT TTTAAGAAGC      1250
TTATCATAAG TAATGAGGTT CATGATTTTT GACATAGTTA GCCTCCGCAG      1300
TCTTTCATTT CAAGTAAATA ATAGCGAAAT ATTCTTTATA CTGAATACTT      1350
ATAGTGAAGC AAAGTTCTAG CTTTGAGAAA ATTCTTTCTG CAACTAAATA      1400
TAGTAAATTA CGGTAAAATA TAAATAAGTA CATATTGAAG AAAATGAGAC      1450
ATAATATATT TTATAATAGG AGGGAATTTC AAATGATAGA CAACTTTATG      1500
C                                                          1501
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 41

(i)

(A) LONGITUD: 2480 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: COL

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de Genome project

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 41

```
AAACCGTCTG GCAAACGAAT TAATGCTATT CAAATTTTAA ATAAAGAGAC      50
AGGTAAGTTT GAAAATATTG ATTTAAAACG TGTATATCAC GTAACGATGA     100
ATGACTTCAC AGCATCAGGT GGCGACGGAT ATAGTATGTT CGGTGGTCCT     150
AGAGAAGAAG GTATTTCATT AGATCAAGTA CTAGCAAGTT ATTTAAAAAC     200
AGCTAACTTA GCTAAGTATG ATACGACAGA ACCACAACGT ATGTTATTAG     250
GTAAACCAGC AGTAAGTGAA CAACCAGCTA AAGGACAACA AGGTAGCAAA     300
GGTAGTAAGT CTGGTAAAGA TACACAACCA ATTGGTGACG ACAAAGTGAT     350
GGATCCAGCG AAAAAACCAG CTCCAGGTAA AGTTGTATTG TTGCTAGCGC     400
ATAGAGGAAC TGTTAGTAGC GGTACAGAAG GTTCTGGTCG CACAATAGAA     450
GGAGCTACTG TATCAAGCAA GAGTGGGAAA CAATTGGCTA GAATGTCAGT     500
GCCTAAAGGT AGCGCGCATG AGAAACAGTT ACCAAAAACT GGAACTAATC     550
AAAGTTCAAG CCCAGAAGCG ATGTTTGTAT TATTAGCAGG TATAGGTTTA     600
ATCGCGACTG TACGACGTAG AAAAGCTAGC TAAAATATAT TGAAAATAAT     650
ACTACTGTAT TTCTTAAATA AGAGGTACGG TAGTGTTTTT TTATGAAAAA     700
AAGCGATAAC CGTTGATAAA TATGGGATAT AAAAACGAGG ATAAGTAATA     750
AGACATCAAG GTGTTTATCC ACAGAAATGG GGATAGTTAT CCAGAATTGT     800
GTACAATTTA AAGAGAAATA CCCACAATGC CCACAGAGTT ACCCACAAAT     850
ACACAGGTTA TACACTAAAA ATCGGGCATA AATGTCAGGA AAATATCAAA     900
AACTGCAAAA AATATTGGTA TAATAAGAGG GAACAGTGTG AACAAGTTAA     950
TAACTTGTGG ATAACTGGAA AGTTGATAAC AATTTGGAGG ACCAAACGAC    1000
ATGAAAATCA CCATTTTAGC TGTAGGGAAA CTAAAAGAGA AATATTGGAA    1050
GCAAGCCATA GCAGAATATG AAAAACGTTT AGGCCCATAC ACCAAGATAG    1100
ACATCATAGA AGTTCCAGAC GAAAAAGCAC CAGAAAATAT GAGTGACAAA    1150
GAAATTGAGC AAGTAAAAGA AAAAGAAGGC CAACGAATAC TAGCCAAAAT    1200
CAAACCACAA TCCACAGTCA TTACATTAGA AATACAAGGA AAGATGCTAT    1250
CTTCCGAAGG ATTGGCCCAA GAATTGAACC AACGCATGAC CCAAGGGCAA    1300
AGCGACTTTG TTTTCGTCAT TGGCGGATCA AACGGCCTGC ACAAGGACGT    1350
CTTACAACGC AGTAACTACG CACTATCATT CAGCAAAATG ACATTCCCAC    1400
ATCAAATGAT GCGGGTTGTG TTAATTGAAC AAGTGTACAG AGCATTTAAG    1450
ATTATGCGAG GAGAAGCTTA TCATAAGTAA TGAGGTTCAT GATTTTTGAC    1500
ATAGTTAGCC TCCGCAGTCT TTCATTTCAA GTAAATAATA GCGAAATATT    1550
CTTTATACTG AATACTTATA GTGAAGCAAA GTTCTAGCTT TGAGAAAATT    1600
CTTTCTGCAA CTAAATATAG TAAATTACGG TAAAATATAA ATAAGTACAT    1650
ATTGAAGAAA ATGAGACATA ATATATTTTA TAATAGGAGG GAATTTCAAA    1700
TGATAGACAA CTTTATGCAG GTCCTTAAAT TAATTAAAGA GAAACGTACC    1750
AATAATGTAG TTAAAAAATC TGATTGGGAT AAAGGTGATC TATATAAAAC    1800
TTTAGTCCAT GATAAGTTAC CCAAGCAGTT AAAAGTGCAT ATAAAAGAAG    1850
ATAAATATTC AGTTGTAGGG AAGGTTGCTA CTGGGAACTA TAGTAAAGTT    1900
CCTTGGATTT CAATATATGA TGAGAATATA ACAAAAGAAA CAAAGGATGG    1950
ATATTATTTG GTATATCTTT TTCATCCGGA AGGAGAAGGC ATATACTTAT    2000
CTTTGAATCA AGGATGGTCA AAGATAAGTG ATATGTTTCC GCGGGATAAA    2050
AATGCTGCAA AACAAAGAGC ATTAACTTTA TCTTCCGAAC TCAATAAATA    2100
TATTACATCA AATGAATTTA ATACTGGAAG ATTTTATTAC GCAGAAAATA    2150
AAGATTCATC TTATGATTTA AAAAATGATT ATCCATCAGG ATATTCTCAT    2200
GGATCAATAA GATTCAAATA TTATGATTTG AATGAAGGAT TCACAGAAGA    2250
AGATATGCTA GAGGATTTAA AGAAATTTTT AGAACTATTT AATGAATTAG    2300
CTTCAAAAGT TACAAAAACA TCCTATGATA GCTTGGTCAA TAGCATAGAC    2350
GAAATACAGG AAGACAGCGA AATTGAAGAA ATTAGAACAG CACAAAAAGA    2400
TAAGACACTC AAGGAAGTGG AAGCACCTAA AGGAATAATT CCAAAATATA    2450
AAAAAGGTGT ATCAAAGACT ACTAAAAATG                          2480
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 42

(i)

(A) LONGITUD: 1045 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: ATCC 33592

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 42

```
CCAGTTTTTT GTTTAATGAA CAAGGTAAAT TACGAGATAA TATTTGAAGA      50
AAACAATAAA GTAGAGATGG ATTTCCATAT CCTCTTTAGT AGCGGTTTTT     100
ATCTGTAAGG TTTATTAATA ATTAAATAAA TAGGCGGGAT AGTTATATAT     150
AGCTTATTAA TGAAAGAATA TGATTATTAA TTTAGTATTA TATTTTAATA     200
TTAAAAAGAA GATATGAAAT AATTATTCAT ACCTTCCACC TTACAATAAT     250
TAGTTTTCAA TCGAATATTA AGATTATTAG TAGTCTTAAA AGTTAAGACT     300
TCCTTATATT AATGACCTAA TTTATTATTT GCCTCATGAA TTATCTTTTT     350
ATTTCTTTGA TATGTCCCAA ACCACATCGT GATATACACT ACAATAAATA     400
TTATGATGAA ACTAATAATA TTCTCAAAGT TCAGATGGAA CCAACCTGCT     450
AGAATAGCGA GTGGGAAGAA TAGGATTATC ATCAATATAA AGTGAACTAC     500
AGTCTGTTTT GTTATACTCC AATCGGTATC TGTAAATATC AAATTACCAT     550
AAGTAAACAA AATTCCAATC AATGCCCATA GTGCTACACA TATTAGCATA     600
ATAACCGCTT CATTAAAGTT TTCATAATAA ATTTTACCCA TAAAAGAATC     650
TGGATATAGT GGTACATATT TATCCCTTGA AAAAAATAAG TGAAGTAATG     700
ACAGAAATCA TAAGACCAGT GAACGCACCT TTTTGAACAG CGTGGAATAA     750
TTTTTTCATA GTGAGATGGA CCATTCCATT TGTTTCTAAC TTCAAGTGAT     800
CAATGTAATT TAGATTGATA ATTTCTGATT TTGAAATACG CACGAATATT     850
GAACCGACAA GCTCTTCAAT TTGGTAAAGT CGCTGATAAA GTTTTAAAGC     900
TTTATTATTC ATTGTTATCG CATACCTGTT TATCTTCTAC TATGAACTGT     950
GCAATTTGTT CTAGATCAAT TGGGTAAACA TGATGGTTCT GTTGCAAAGT    1000
AAAAAAATAT AGCTAACCAC TAATTTATCA TGTCAGTGTT CGCTT         1045
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 43

(i)

(A) LONGITUD: 1118 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-8895

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 43

```
CAGAGCATTT AAGATTATGC GTGGAGAAGC GTACCACAAA TGATGCGGTT      50
TTTTATCCAG TTTTTTGTTT AATGAACAAG GTAAATTACG AGATAATATT     100
TGAAGAAAAC AATAAAGTAG AGATGGATTT CCATATCCTC TTTAGTAGCG     150
GTTTTTATCT GTAAGGTTTA TTAATAATTA AATAAATAGG CGGGATAGTT     200
ATATATAGCT TATTAATGAA AGAATATGAT TATTAATTTA GTATTATATT     250
TTAATATTAA AAAGAAGATA TGAAATAATT ATTCATACCT TCCACCTTAC     300
AATAATTAGT TTTCAATCGA ATATTAAGAT TATTAGTAGT CTTAAAAGTT     350
AAGACTTCCT TATATTAATG ACCTAATTTA TTATTTGCCT CATGAATTAT     400
CTTTTTATTT CTTTGATATG TCCCAAACCA CATCGTGATA TACACTACAA     450
TAAATATTAT GATGAAACTA ATAATATTCT CAAAGTTCAG ATGGAACCAA     500
CCTGCTAGAA TAGCGAGTGG GAAGAATAGG ATTATCATCA ATATAAAGTG     550
AACTACAGTC TGTTTTGTTA TACTCCAATC GGTATCTGTA AATATCAAAT     600
TACCATAAGT AAACAAAATT CCAATCAATG CCCATAGTGC TACACATATT     650
AGCATAATAA CCGCTTCATT AAAGTTTTCA TAATAAATTT TACCCATAAA     700
AGAATCTGGA TATAGTAGTA CATATTTATC CCTTGAAAAA AATAAGTGAA     750
GTAATGACAG AAATCATAAG ACCAGTGAAC GCACCTTTTT GAACAGCGTG     800
GAATAATTTT TTCATAGTGA GATGGACCAT TCCATTTGTT TCTAACTTCA     850
AGTGATCAAT GTAATTTAGA TTGATAATTT CTGATTTTGA AATACGCACG     900
AATATTGAAC CGACAAGCTC TTCAATTTGG TAAAGTCGCT GATAAAGTTT     950
TAAAGCTTTA TTATTCATTG TTATCGCATA CCTGTTTATC TTCTACTATG    1000
AACTGTGCAA TTTGTTCTAG ATCAATTGGG TAAACATGAT GGTTCTGTTG    1050
CAAAGTAAAA AAATATAGCT AACCACTAAT TTATCATGTC AGTGTTCGCT    1100
TAACTTGCTA GCATGATG                                      1118
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 44

(i)

(A) LONGITUD: 1118 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-8903

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 44

```
CAGAGCATTT AAGATTATGC GTGGAGAAGC GTACCACAAA TGATGCGGTT        50
TTTTATCCAG TTTTTTGTTT AATGAACAAG GTAAATTACG AGATAATATT       100
TGAAGAAAAC AATAAAGTAG AGATGGATTT CCATATCCTC TTTAGTAGCG       150
GTTTTTATCT GTAAGGTTTA TTAATAATTA AATAAATAGG CGGGATAGTT       200
ATATATAGCT TATTAATGAA AGAATATGAT TATTAATTTA GTATTATATT       250
TTAATATTAA AAAGAAGATA TGAAATAATT ATTCATACCT TCCACCTTAC       300
AATAATTAGT TTTCAATCGA ATATTAAGAT TATTAGTAGT CTTAAAAGTT       350
AAGACTTCCT TATATTAATG ACCTAATTTA TTATTTGCCT CATGAATTAT       400
CTTTTTATTT CTTTGATATG TCCCAAACCA CATCGTGATA TACACTACAA       450
TAAATATTAT GATGAAACTA ATAATATTCT CAAAGTTCAG ATGGAACCAA       500
CCTGCTAGAA TAGCGAGTGG GAAGAATAGG ATTATCATCA ATATAAAGTG       550
AACTACAGTC TGTTTTGTTA TACTCCAATC GGTATCTGTA AATATCAAAT       600
TACCATAAGT AAACAAAATT CCAATCAATG CCCATAGTGC TACACATATT       650
AGCATAATAA CCGCTTCATT AAAGTTTTCA TAATAAATTT TACCCATAAA       700
AGAATCTGGA TATAGTAGTA CATATTTATC CCTTGAAAAA AATAAGTGAA       750
GTAATGACAG AAATCATAAG ACCAGTGAAC GCACCTTTTT GAACAGCGTG       800
GAATAATTTT TTCATAGTGA GATGGACCAT TCCATTTGTT TCTAACTTCA       850
AGTGATCAAT GTAATTTAGA TTGATAATTT CTGATTTTGA AATACGCACG       900
AATATTGAAC CGACAAGCTC TTCAATTTGG TAAAGTCGCT GATAAAGTTT       950
TAAAGCTTTA TTATTCATTG TTATCGCATA CCTGTTTATC TTCTACTATG      1000
AACTGTGCAA TTTGTTCTAG ATCAATTGGG TAAACATGAT GGTTCTGTTG      1050
CAAAGTAAAA AAATATAGCT AACCACTAAT TTATCATGTC AGTGTTCGCT      1100
TAACTTGCTA GCATGATG                                        1118
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 45

(i)

(A) LONGITUD: 1113 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1324

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 45

```
AGCATTTAAG ATTATGCGTG GAGAAGCGTA CCACAAATGA TGCGGTTTTT        50
TATCCAGTTT TTTGTTTAAT GAACAAGGTA AATTACGAGA TAATATTTGA       100
AGAAAACAAT AAAGTAGAGA TGGATTTCCA TATCCTCTTT AGTAGCGGTT       150
TTTATCTGTA AGGTTTATTA ATAATTAAAT AAATAGGCGG GATAGTTATA       200
TATAGCTTAT TAATGAAAGA ATATGATTAT TAATTTAGTA TTATATTTTA       250
ATATTAAAAA GAAGATATGA AATAATTATT CATACCTTCC ACCTTACAAT       300
AATTAGTTTT CAATCGAATA TTAAGATTAT TAGTAGTCTT AAAAGTTAAG       350
ACTTCCTTAT ATTAATGACC TAATTTATTA TTTGCCTCAT GAATTATCTT       400
TTTATTTCTT TGATATGTCC CAAACCACAT CGTGATATAC ACTACAATAA       450
ATATTATGAT GAAACTAATA ATATTCTCAA AGTTCAGATG GAACCAACCT       500
GCTAGAATAG CGAGTGGGAA GAATAGGATT ATCATCAATA TAAAGTGAAC       550
TACAGTCTGT TTTGTTATAC TCCAATCGGT ATCTGTAAAT ATCAAATTAC       600
CATAAGTAAA CAAAATTCCA ATCAATGCCC ATAGTGCTAC ACATATTAGC       650
ATAATAACCG CTTCATTAAA GTTTTCATAA TAAATTTTAC CCATAAAAGA       700
ATCTGGATAT AGTGGTACAT ATTTATCCCT TGAAAAAAAT AAGTGAAGTA       750
```

```
ATGACAGAAA TCATAAGACC AGTGAACGCA CCTTTTTGAA CAGCGTGGAA      800
TAATTTTTTC ATAGTGAGAT GGACCATTCC ATTTGTTTCT AACTTCAAGT      850
GATCAATGTA ATTTAGATTG ATAATTTCTG ATTTTGAAAT ACGCACGAAT      900
ATTGAACCGA CAAGCTCTTC AATTTGGTAA AGTCGCTGAT AAAGTTTTAA      950
AGCTTTATTA TTCATTGTTA TCGCATACCT GTTTATCTTC TACTATGAAC     1000
TGTGCAATTT GTTCTAGATC AATTGGGTAA ACATGATGGT TCTGTTGCAA     1050
AGTAAAAAAA TATAGCTAAC CACTAATTTA TCATGTCAGT GTTCGCTTAA     1100
CTTGCTAGCA TGA                                            1113
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 46

(i)

(A) LONGITUD: 2153 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1331

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 46

```
CTGTAGGGAA ACTAAAAGAG AAATACTGGA AGCAAGCCAT AGCAGAATAT       50
GAAAAACGTT TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG AAGTTCCAGA      100
CGAAAAAGCA CCAGAAAATA TGAGCGACAA AGAAATCGAG CAAGTAAAAG      150
AAAAAGAAGG CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA ATCCACAGTC      200
ATTACATTAG AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG GATTGGCCCA      250
AGAATTGAAC CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT GTATTCGTCA      300
TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG CAGTAACTAC      350
GCACTATCAT TCAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA TGCGGGTTGT      400
GTTAATTGAA CAAGTGTACA GAGCATTTAA GATTATGCGT GGAGAAGCGT      450
ACCACAAATG ATGCGGTTTT TTATCCAGTT TTTTGTTTAA TGAACAAGGT      500
AAATTACGAG ATAATATTTG AAGAAAACAA TAAAGTAGAG ATGGATTTCC      550
ATATCCTCTT TAGTAGCGGT TTTTATCTGT AAGGTTTATT AATAATTAAA      600
TAAATAGGCG GGATAGTTAT ATATAGCTTA TTAATGAAAG AATATGATTA      650
TTAATTTAGT ATTATATTTT AATATTAAAA AGAAGATATG AAATAATTAT      700
TCATACCTTC CACCTTACAA TAATTAGTTT TCAATCGAAT ATTAAGATTA      750
TTAGTAGTCT TAAAAGTTAA GACTTCCTTA TATTAATGAC CTAATTTATT      800
ATTTGCCTCA TGAATTATCT TTTTATTTCT TTGATATGTC CCAAACCACA      850
TCGTGATATA CACTACAATA AATATTATGA TGAAACTAAT AATATTCTCA      900
AAGTTCAGAT GGAACCAACC TGCTAGAATA GCGAGTGGGA AGAATAGGAT      950
TATCATCAAT ATAAAGTGAA CTACAGTCTG TTTTGTTATA CTCCAATCGG     1000
TATCTGTAAA TATCAAATTA CCATAAGTAA ACAAAATTCC AATCAATGCC     1050
CATAGTGCTA CACATATTAG CATAATAACC GCTTCATTAA AGTTTTCATA     1100
ATAAATTTTA CCCATAAAAG AATCTGGATA TAGTGGTACA TATTTATCCC     1150
TTGAAAAAAA TAAGTGAAGT AATGACAGAA ATCATAAGAC CAGTGAACGC     1200
ACCTTTTTGA ACAGCGTGGA ATAATTTTTT CATAGTGAGA TGGACCATTC     1250
CATTTGTTTC TAACTTCAAG TGATCAATGT AATTTAGATT GATAATTTCT     1300
GATTTTGAAA TACGCACGAA TATTGAACCG ACAAGCTCTT CAATTTGGTA     1350
AAGTCGCTGA TAAAGTTTTA AAGCTTTATT ATTCATTGTT ATCGCATACC     1400
TGTTTATCTT CTACTATGAA CTGTGCAATT TGTTCTAGAT CAATTGGGTA     1450
AACATGATGG TTCTGTTGCA AAGTAAAAAA ATATAGCTAA CCACTAATTT     1500
ATCATGTCAG TGTTCGCTTA ACTTGCTAGC ATGATGCTAA TTTCGTGGCA     1550
```

```
TGGCGAAAAT CCGTAGATCT GATGAGACCT GCGGTTCTTT TTATATAGAG      1600
CGTAAATACA TTCAATACCT TTTAAAGTAT TCTTTGCTGT ATTGATACTT      1650
TGATACCTTG TCTTTCTTAC TTTAATATGA CGGTGATCTT GCTCAATGAG      1700
GTTATTCAAA TATTTCGATG TACAATGACA GTCAGGTTTA AGTTTAAAAG      1750
CTTTAATTAC TTTAGCCATT GCTACCTTCG TTGAAGGTGC CTGATCTGTA      1800
ATTACCTTTT GAGGTTTACC AAATTGTTTA ATGAGACGTT TAATAAACGC      1850
ATATGCTGAA TGATTATCTC GTTGCTTACG CAACCAAATA TCTAATGTAT      1900
GTCCCTCTGC ATCAATGGCA CGATATAAAT AGCTCCATTT TCCTTTTATT      1950
TTGATGTACG TCTCATCAAT ACGCCATTTG TAATAAGCTT TTTTATGCTT      2000
TTTCTTCCAA ATTTGATATA AAATTGGGGC ATATTCTTGA ACCCAACGGT      2050
AGACCGTTGA ATGATGAACG TTTACACCAC GTCCCCTTAA TATTTCAGAT      2100
ATATCACGAT AACTCAATGC ATATCTTAGA TAGTAGCCAA CGGCTACAGT      2150
GAT                                                        2153
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 47

(i)

(A) LONGITUD: 737 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1263

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 47

```
TTTAAGATTA TGCGTGGAGA AGCATATCAT AAATGATGCG GTTATTTCAG       50
CCGTAATTTT ATAATATAAA GCAGAGTTTA TTAAATTTTA ATGATTACTT      100
TTTATTAAGA ATTAATTCTA GTTGATATAT TATAATGTGA AACACAAAAT      150
AATAATTTGT AATTGTTAGT TTATAGGCAT CTGTATTTGG AATTTTTTGT      200
AGACTATTTA AAAAATAGTG TATATAAGTA TTGAGTTCAT GTATTAACTG      250
TCTTTTTTCA TCGTTCATCA AGTATAAGGA TGTAGAGATT TGTTGGATAA      300
TTTCTTCGGA TGTTTTTAAA ATTATCATTA AATTAGATGG TATCTGATCT      350
TGAGTTTTGT TTTTAGTGTA TGTATATTTT AAAAAATTTT TGATTGTTGT      400
TATTTGACTC TCTTTTAATT TGACACCCTC ATCAATAAAT GTGTTAAATA      450
TATCTTCATT TGTACTTAAA TCATCAAAAT TTGCCAACAA ATATTTGAAC      500
GTCTCTAAAT CATTATGTTT GAGTTCCGTT TTGCTATTCC ATAATTCCAA      550
ACCATTTGGT AGAAAGCCCA AGCTGTGATT TTGATCTCCC CATATAGCTG      600
AATTTAAATC AGTGAGTTGA TTAATTTTTT CAACACAGAA ATGTAATTTT      650
GGAATGAGGA ATCGAAGTTG TTCTTCTACT TGCTGTACTT TTCTTTTGTT      700
TTCAATAAAA TTTCTACACC ATACTGTTAT CAAACCG                    737
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 48

(i)

(A) LONGITUD: 1592 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1377

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 48

```
AACTAAAAGA GAAATATTGG AAGCAAGCCA TAGCAGAATA TGAAAAACGT        50
TTAGGCCCAT ACACCAAGAT AGACATCATA GAAGTTCCAG ACGAAAAAGC       100
ACCAGAAAAT ATGAGTGACA AAGAAATTGA GCAAGTAAAA GAAAAAGAAG       150
GCCAACGAAT ACTAGCCAAA ATCAAACCAC AATCCACAGT CATTACATTA       200
GAAATACAAG GAAAGATGCT ATCTTCCGAA GGATTGGCCC AAGAATTGAA       250
CCAACGCATG ACCCAAGGGC AAAGCGACTT TGTTTTCGTC ATTGGCGGAT       300
CAAACGGCCT GCACAAGGAC GTCTTACAAC GCAGTAACTA CGCACTATCA       350
TTCAGCAAAA TGACATTCCC ACATCAAATG ATGCGGGTTG TGTTAATTGA       400
ACAAGTGTAC AGAGCATTTA AGATTATGCG AGGAGAAGCA TATCATAAAT       450
GATGCGGTTA TTTCAGCCGT AATTTTATAA TATAAAGCAG AGTTTATTAA       500
ATTTTAATGA TTACTTTTTA TTAAGAATTA ATTCTAGTTG ATATATTATA       550
ATGTGAAACA CAAAATAATA ATTTGTAATT GTTAGTTTAT AGGCATCTGT       600
ATTTGGAATT TTTTGTAGAC TATTTAAAAA ATAGTGTATA TAAGTATTGA       650
GTTCATGTAT TAACTGTCTT TTTTCATCGT TCATCAAGTA TAAGGATGTA       700
GAGATTTGTT GGATAATTTC TTCGGATGTT TTTAAAATTA TCATTAAATT       750
AGATGGTATC TGATCTTGAG TTTTGTTTTT AGTGTATGTA TATTTTAAAA       800
AATTTTTGAT TGTTGTTATT TGACTCTCTT TTAATTTGAC ACCCTCATCA       850
ATAAATGTGT TAAATATATC TTCATTTGTA CTTAAATCAT CAAAATTTGC       900
CAACAAATAT TTGAACGTCT CTAAATCATT ATGTTTGAGT TCCGTTTTGC       950
TATTCCATAA TTCCAAACCA TTTGGTAGAA AGCCCAAGCT GTGATTTTGA      1000
TCTCCCCATA TAGCTGAATT TAAATCAGTG AGTTGATTAA TTTTTTCAAC      1050
ACAGAAATGT AATTTTGGAA TGAGGAATCG AAGTTGTTCT TCTACTTGCT      1100
GTACTTTTCT TTTGTTTTCA ATAAAATTTC TACACCATAC TGTTATCAAA      1150
CCGCCAATTA TTGTGCACAA TCCTCCAATG ATTGTAGATA AAATTGACAA      1200
TATATTACAC ACCTTTCTTA GAGGTTTATT AACATCTATT TTTGAATTTA      1250
AAATTATTAC TTTGGTAGCG TTATAACCTA TTTAACAGAT TAGAGAAAAA      1300
TTGAATGATC GATTGAAGAA TTTCCAAAAT ACCGTCCCAT ATGCGTTGAA      1350
GGAGATTTCT ATTTTCTTCT GTATTCAAAT CTTTGGCTTT ATCCTTTGCT      1400
TTATTCAATA AATCATCTGA GTTTTTTTCA ATATTTTTTA ATACATCTTT      1450
GGCATTTTGT TTAAATACTT TAGGATCGGA AGTTAGGGCA TTAGAGTTTG      1500
CCACATTAAT CATATTATTA TTAATCATTT GAATTTGATT ATCTGATAAT      1550
ATCTCTGATA ACCTACGCTC ATCGAGGACT TTATTAACAG TG              1592
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 49

(i)

(A) LONGITUD: 730 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1311

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 49

```
AGCATTTAAG ATTATGCGTG GAGAAGCATA TCATAAATGA TGCGGTTATT        50
TCAGCCGTAA TTTTATAATA TAAAGCAGAG TTTATTAAAT TTTAATGATT       100
ACTTTTTATT AAGAATTAAT TCTAGTTGAT ATATTATAAT GTGAAACACA       150
AAATAATAAT TTGTAATTGT TAGTTTATAG GCATCTGTAT TTGGAATTTT       200
TTGTAGACTA TTTAAAAAAT AGTGTATATA AGTATTGAGT TCATGTATTA       250
ACTGTCTTTT TTCATCGTTC ATCAAGTATA AGGATGTAGA GATTTGTTGG       300
ATAATTTCTT CGGATGTTTT TAAAATTATC ATTAAATTAG ATGGTATCTG       350
ATCTTGAGTT TTGTTTTTAG TGTATGTATA TTTTAAAAAA TTTTTGATTG       400
TTGTTATTTG ACTCTCTTTT AATTTGACAC CCTCATCAAT AAATGTGTTA       450
AATATATCTT CATTTGTACT TAAATCATCA AAATTTGCCA ACAAATATTT       500
GAACGTCTCT AAATCATTAT GTTTGAGTTC CGTTTTGCTA TTCCATAATT       550
CCAAACCATT TGGTAGAAAG CCCAAGCTGT GATTTTGATC TCCCCATATA       600
GCTGAATTTA AATCAGTGAG TTGATTAATT TTTTCAACAC AGAAATGTAA       650
TTTTGGAATG AGGAATCGAA GTTGTTCTTC TACTTGCTGT ACTTTTCTTT       700
TGTTTTCAAT AAAATTTCTA CACCATACTG                             730
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 50

(i)

(A) LONGITUD: 1696 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-2025

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 50

```
AAAGAGAAAT ATTGGAAGCA AGCCATAGCA GAATATGAAA AACGTTTAGG        50
CCCATACACC AAGATAGACA TCATAGAAGT TCCAGACGAA AAAGCACCAG       100
AAAATATGAG TGACAAAGAA ATTGAGCAAG TAAAAGAAAA AGAAGGCCAA       150
CGAATACTAG CCAAAATCAA ACCACAATCC ACAGTCATTA CATTAGAAAT       200
ACAAGGAAAG ATGCTATCTT CCGAAGGATT GGCCCAAGAA TTGAACCAAC       250
GCATGACCCA AGGGCAAAGC GACTTTGTTT TCGTCATTGG CGGATCAAAC       300
GGCCTGCACA AGGACGTCTT ACAACGCAGT AACTACGCAC TATCATTCAG       350
CAAAATGACA TTCCCACATC AAATGATGCG GGTTGTGTTA ATTGAACAAG       400
TGTACAGAGC ATTTAAGATT ATGCGAGGAG AAGCATATCA TAAATGATGC       450
GGTTATTTCA GCCGTAATTT TATAATATAA AGCAGAGTTT ATTAAATTTT       500
AATGATTACT TTTTATTAAG AATTAATTCT AGTTGATATA TTATAATGTG       550
AAACACAAAA TAATAATTTG TAATTGTTAG TTTATAGGCA TCTGTATTTG       600
GAATTTTTTG TAGACTATTT AAAAAATAGT GTATATAAGT ATTGAGTTCA       650
TGTATTAACT GTCTTTTTTC ATCGTTCATC AAGTATAAGG ATGTAGAGAT       700
TTGTTGGATA ATTTCTTCGG ATGTTTTTAA AATTATCATT AAATTAGATG       750
GTATCTGATC TTGAGTTTTG TTTTTAGTGT ATGTATATTT TAAAAAATTT       800
TTGATTGTTG TTATTTGACT CTCTTTTAAT TTGACACCCT CATCAATAAA       850
TGTGTTAAAT ATATCTTCAT TTGTACTTAA ATCATCAAAA TTTGCCAACA       900
AATATTTGAA CGTCTCTAAA TCATTATGTT TGAGTTCCGT TTTGCTATTC       950
CATAATTCCA AACCATTTGG TAGAAAGCCC AAGCTGTGAT TTTGATCTCC      1000
CCATATAGCT GAATTTAAAT CAGTGAGTTG ATTAATTTTT TCAACACAGA      1050
AATGTAATTT TGGAATGAGG AATCGAAGTT GTTCTTCTAC TTGCTGTACT      1100
TTTCTTTTGT TTTCAATAAA ATTTCTACAC CATACTGTTA TCAAACCGCC      1150
AATTATTGTG CACAATCCTC CAATGATTGT AGATAAAATT GACAATATAT      1200
TACACACCTT TCTTAGAGGT TTATTAACAT CTATTTTTGA ATTTAAAATT      1250
ATTACTTTGG TAGCGTTATA ACCTATTTAA CAGATTAGAG AAAAATTGAA      1300
TGATCGATTG AAGAATTTCC AAAATACCGT CCCATATGCG TTGAAGGAGA      1350
TTTCTATTTT CTTCTGTATT CAAATCTTTG GCTTTATCCT TTGCTTTATT      1400
CAATAAATCA TCTGAGTTTT TTTCAATATT TTTTAATACA TCTTTGGCAT      1450
TTTGTTTAAA TACTTTAGGA TCGGAAGTTA GGGCATTAGA GTTTGCCACA      1500
TTAATCATAT TATTATTAAT CATTTGAATT TGATTATCTG ATAATATCTC      1550
TGATAACCTA CGCTCATCGA GGACTTTATT AACAGTGTCT TCAACTTGTT      1600
GTTGTGTGAT TTGTTTATCT TGATTTTGTT TAATATCTGC AAGTTGTTCT      1650
TTAATATCTG CTATAGAAGC ATTTAAAGCT TCATCTGAAT ACCCAT         1696
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 51

(i)

(A) LONGITUD: 2122 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9504

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 51

```
GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG CCATAGCAGA ATATGAAAAA      50
CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC ATAGAAGTTC CAGACGAAAA     100
AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT TGAGCAAGTA AAAGAAAAAG     150
AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC CACAATCAAC AGTCATTACA     200
TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC GAAGGATTGG CCCAAGAATT     250
GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA CTTTGTATTC GTCATTGGCG     300
GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC AACGCAGTAA CTACGCACTA     350
TCATTCAGCA AAATGACATT CCCACATCAA ATGATGCGGG TTGTGTTAAT     400
TGAACAAGTG TACAGAGCAT TTAAGATTAT GCGTGGAGAA GCGTACCACA     450
AATGATGCGG TTTTTTATCC AGTTTTTTGT TTAATGAACA AGGTAAATTA     500
CGAGATAATA TTTGAAGAAA ACAATAAAGT AGAGATGGAT TTCCATATCC     550
TCTTTAGTAG CGGTTTTTAT CTGTAAGGTT TATTAATAAT TAAATAAATA     600
GGCGGGATAG TTATATATAG CTTATTAATG AAAGAATATG ATTATTAATT     650
TAGTATTATA TTTTAATATT AAAAAGAAGA TATGAAATAA TTATTCATAC     700
CTTCCACCTT ACAATAATTA GTTTTCAATC GAATATTAAG ATTATTAGTA     750
GTCTTAAAAG TTAAGACTTC CTTATATTAA TGACCTAATT TATTATTTGC     800
CTCATGAATT ATCTTTTTAT TTCTTTGATA TGTCCCAAAC CACATCGTGA     850
TATACACTAC AATAAATATT ATGATGAAAC TAATAATATT CTCAAAGTTC     900
AGATGGAACC AACCTGCTAG AATAGCGAGT GGGAAGAATA GGATTATCAT     950
CAATATAAAG TGAACTACAG TCTGTTTTGT TATACTCCAA TCGGTATCTG    1000
TAAATATCAA ATTACCATAA GTAAACAAAA TTCCAATCAA TGCCCATAGT    1050
GCTACACATA TTAGCATAAT AACCGCTTCA TTAAAGTTTT CATAATAAAT    1100
TTTACCCATA AAAGAATCTG GATATAGTGG TACATATTTA TCCCTTGAAA    1150
AAAATAAGTG AAGTAATGAC AGAAATCATA AGACCAGTGA ACGCACCTTT    1200
TTGAACAGCG TGGAATAATT TTTTCATAGT GAGATGGACC ATTCCATTTG    1250
TTTCTAACTT CAAGTGATCA ATGTAATTTA GATTGATAAT TTCTGATTTT    1300
GAAATACGCA CGAATATTGA ACCGACAAGC TCTTCAATTT GGTAAAGTCG    1350
CTGATAAAGT TTTAAAGCTT TATTATTCAT TGTTATCGCA TACCTGTTTA    1400
TCTTCTACTA TGAACTGTGC AATTTGTTCT AGATCAATTG GGTAAACATG    1450
ATGGTTCTGT TGCAAAGTAA AAAAATATAG CTAACCACTA ATTTATCATG    1500
TCAGTGTTCG CTTAACTTGC TAGCATGATG CTAATTTCGT GGCATGGCGA    1550
AAATCCGTAG ATCTGATGAG ACCTGCGGTT CTTTTTATAT AGAGCGTAAA    1600
TACATTCAAT ACCTTTTAAA GTATTCTTTG CTGTATTGAT ACTTTGATAC    1650
CTTGTCTTTC TTACTTTAAT ATGACGGTGA TCTTGCTCAA TGAGGTTATT    1700
CAGATATTTC GATGTACAAT GACAGTCAGG TTTAAGTTTA AAAGCTTTAA    1750
TTACTTTAGC CATTGCTACC TTCGTTGAAG GTGCCTGATC TGTAATTACC    1800
TTTTGAGGTT TACCAAATTG TTTAATGAGA CGTTTGATAA ACGCATATGC    1850
TGAATGATTA TCTCGTTGCT TACGCAACCA AATATCTAAT GTATGTCCCT    1900
CTGCATCAAT GGCACGATAT AAATAGCTCC ATTTTCCTTT TATTTTGATG    1950
TACGTCTCAT CAATACGCCA TTTGTAATAA GCTTTTTTAT GCTTTTTCTT    2000
CCAAATTTGA TACAAAATTG GGGCATATTC TTGAACCCAA CGGTAGACCG    2050
TTGAATGATG AACGTTTACA CCACGTTCCC TTAATATTTC AGATATATCA    2100
CGATAACTCA ATGTATATCT TA                                  2122
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 52

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 52

GATAGACTAA TTATCTTCAT C 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 53

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 53

CAGACTGTGG ACAAACTGAT T 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 54

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 54

TGAGATCATC TACATCTTTA 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 55

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 55

GGATCAAAAG CTACTAAATC 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 56

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 56

ATGCTCTTTG TTTTGCAGCA 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 57

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 57

ATGAAAGACT GCGGAGGCTA ACT 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 58

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 58

ATATTCTAGA TCATCAATAG TTG 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 59

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 59

AAGAATTGAA CCAACGCATG A 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 60

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 60

GTTCAAGCCC AGAAGCGATG T 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 61

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 61

TCGGGCATAAATGTCAGGAAAAT 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 62

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 62

AAACGACATG AAAATCACCA T 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 63

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 33 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 63

TTATTAGGTA AACCAGCAGT AAGTGAACAA CCA 33

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 64

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 19 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 64

GGATCAAACG GCCTGCACA 19

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 65

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 26 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 65

CACAGAAATG TAATTTTGGA ATGAGG 26

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 66

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 66

GTCAAAAATC ATGAACCTCA TTACTTATG 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 67

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 67

ATTTCATATA TGTAATTCCT CCACATCTC 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 68

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 68

TCTACGGATT TTCGCCATGC 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 69

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 69

AACAGGTGAA TTATTAGCAC TTGTAAG 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 70

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 70

ATCAAATGAT GCGGGTTGTG T 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 71

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 19 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 71

TCATTGGCGG ATCAAACGG 19

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 72

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 72

ACAACGCAGT AACTACGCAC TA 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 73

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 73

TAACTACGCA CTATCATTCA GC 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 74

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 74

ACATCAAATG ATGCGGGTTG TG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 75

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 75

TCAAATGATG CGGGTTGTGT TA 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 76

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 24 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 76

CAAATGATGC GGGTTGTGTT AATT 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 77

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 26 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 77

CTACTATGAA CTGTGCAATT TGTTCT 26

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 78

(i)

(A) LONGITUD: 2007 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: NCTC 8325

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de X52593

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 78

```
ATGAAAAAGA TAAAAATTGT TCCACTTATT TTAATAGTTG TAGTTGTCGG       50
GTTTGGTATA TATTTTTATG CTTCAAAAGA TAAAGAAATT AATAATACTA      100
TTGATGCAAT TGAAGATAAA AATTTCAAAC AAGTTTATAA AGATAGCAGT      150
TATATTTCTA AAAGCGATAA TGGTGAAGTA GAAATGACTG AACGTCCGAT      200
AAAAATATAT AATAGTTTAG GCGTTAAAGA TATAAACATT CAGGATCGTA      250
AAATAAAAAA AGTATCTAAA AATAAAAAAC GAGTAGATGC TCAATATAAA      300
ATTAAAACAA ACTACGGTAA CATTGATCGC AACGTTCAAT TTAATTTTGT      350
TAAAGAAGAT GGTATGTGGA AGTTAGATTG GGATCATAGC GTCATTATTC      400
CAGGAATGCA GAAAGACCAA AGCATACATA TTGAAAATTT AAAATCAGAA      450
CGTGGTAAAA TTTTAGACCG AAACAATGTG GAATTGGCCA ATACAGGAAC      500
ACATATGAGA TTAGGCATCG TTCCAAAGAA TGTATCTAAA AAAGATTATA      550
AAGCAATCGC TAAAGAACTA AGTATTTCTG AAGACTATAT CAACAACAAA      600
```

```
TGGATCAAAA TTGGGTACAA GATGATACCT TCGTTCCACT TTAAAACCGT      650
TAAAAAAATG GATGAATATT TAAGTGATTT CGCAAAAAAA TTTCATCTTA      700
CAACTAATGA AACAGAAAGT CGTAACTATC CTCTAGAAAA AGCGACTTCA      750
CATCTATTAG GTTATGTTGG TCCCATTAAC TCTGAAGAAT TAAAACAAAA      800
AGAATATAAA GGCTATAAAG ATGATGCAGT TATTGGTAAA AAGGGACTCG      850
AAAAACTTTA CGATAAAAAG CTCCAACATG AAGATGGCTA TCGTGTCACA      900
ATCGTTGACG ATAATAGCAA TACAATCGCA CATACATTAA TAGAGAAAAA      950
GAAAAAAGAT GGCAAAGATA TTCAACTAAC TATTGATGCT AAAGTTCAAA     1000
AGAGTATTTA TAACAACATG AAAAATGATT ATGGCTCAGG TACTGCTATC     1050
CACCCTCAAA CAGGTGAATT ATTAGCACTT GTAAGCACAC CTTCATATGA     1100
CGTCTATCCA TTTATGTATG GCATGAGTAA CGAAGAATAT AATAAATTAA     1150
CCGAAGATAA AAAAGAACCT CTGCTCAACA AGTTCCAGAT TACAACTTCA     1200
CCAGGTTCAA CTCAAAAAAT ATTAACAGCA ATGATTGGGT TAAATAACAA     1250
AACATTAGAC GATAAAACAA GTTATAAAAT CGATGGTAAA GGTTGGCAAA     1300
AAGATAAATC TTGGGGTGGT TACAACGTTA CAAGATATGA AGTGGTAAAT     1350
GGTAATATCG ACTTAAAACA AGCAATAGAA TCATCAGATA ACATTTTCTT     1400
TGCTAGAGTA GCACTCGAAT TAGGCAGTAA GAAATTTGAA AAAGGCATGA     1450
AAAAACTAGG TGTTGGTGAA GATATACCAA GTGATTATCC ATTTTATAAT     1500
GCTCAAATTT CAAACAAAAA TTTAGATAAT GAAATATTAT TAGCTGATTC     1550
AGGTTACGGA CAAGGTGAAA TACTGATTAA CCCAGTACAG ATCCTTTCAA     1600
TCTATAGCGC ATTAGAAAAT AATGGCAATA TTAACGCACC TCACTTATTA     1650
AAAGACACGA AAAACAAAGT TTGGAAGAAA AATATTATTT CCAAAGAAAA     1700
TATCAATCTA TTAAATGATG GTATGCAACA AGTCGTAAAT AAAACACATA     1750
AAGAAGATAT TTATAGATCT TATGCAAACT TAATTGGCAA ATCCGGTACT     1800
GCAGAACTCA AAATGAAACA AGGAGAAAGT GGCAGACAAA TTGGGTGGTT     1850
TATATCATAT GATAAAGATA ATCCAAACAT GATGATGGCT ATTAATGTTA     1900
AAGATGTACA AGATAAAGGA ATGGCTAGCT ACAATGCCAA AATCTCAGGT     1950
AAAGTGTATG ATGAGCTATA TGAGAACGGT AATAAAAAAT ACGATATAGA     2000
TGAATAA                                                   2007
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 79

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 79

CAAATATTAT CTCGTAATTT ACCTTGTTC 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 80

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 80

CTCTGCTTTA TATTATAAAA TTACGGCTG 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 81

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 81

ATTGCTGTTA ATATTTTTTG AGTTGAA 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 82

(i)

(A) LONGITUD: 2007 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: NCTC 10442

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AB033763

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 82

```
ATGAAAAAGA TAAAAATTGT TCCACTTATT TTAATAGTTG TAGTTGTCGG        50
GTTTGGTATA TATTTTTATG CTTCAAAAGA TAAAGAAATT AATAATACTA       100
TTGATGCAAT TGAAGATAAA AATTTCAAAC AAGTTTATAA AGATAGCAGT       150
TATATTTCTA AAAGCGATAA TGGTGAAGTA GAAATGACTG AACGTCCGAT       200
AAAAATATAT AATAGTTTAG GCGTTAAAGA TATAAACATT CAGGATCGTA       250
AAATAAAAAA AGTATCTAAA AATAAAAAAC GAGTAGATGC TCAATATAAA       300
ATTAAAACAA ACTACGGTAA CATTGATCGC AACGTTCAAT TTAATTTTGT       350
TAAAGAAGAT GGTATGTGGA AGTTAGATTG GGATCATAGC GTCATTATTC       400
CAGGAATGCA GAAAGACCAA AGCATACATA TTGAAAATTT AAAATCAGAA       450
CGTGGTAAAA TTTTAGACCG AAACAATGTG GAATTGGCCA ATACAGGAAC       500
AGCATATGAG ATAGGCATCG TTCCAAAGAA TGTATCTAAA AAAGATTATA       550
AAGCAATCGC TAAAGAACTA AGTATTTCTG AAGACTATAT CAAACAACAA       600
ATGGATCAAA ATTGGGTACA AGATGATACC TTCGTTCCAC TTAAAACCGT       650
TAAAAAAATG GATGAATATT TAAGTGATTT CGCAAAAAAA TTTCATCTTA       700
CAACTAATGA AACAGAAAGT CGTAACTATC CTCTAGAAAA AGCGACTTCA       750
```

```
CATCTATTAG GTTATGTTGG TCCCATTAAC TCTGAAGAAT TAAAACAAAA      800
AGAATATAAA GGCTATAAAG ATGATGCAGT TATTGGTAAA AAGGGACTCG      850
AAAAACTTTA CGATAAAAAG CTCCAACATG AAGATGGCTA TCGTGTCACA      900
ATCGTTGACG ATAATAGCAA TACAATCGCA CATACATTAA TAGAGAAAAA      950
GAAAAAAGAT GGCAAAGATA TTCAACTAAC TATTGATGCT AAAGTTCAAA     1000
AGAGTATTTA TAACAACATG AAAAATGATT ATGGCTCAGG TACTGCTATC     1050
CACCCTCAAA CAGGTGAATT ATTAGCACTT GTAAGCACAC CTTCATATGA     1100
CGTCTATCCA TTTATGTATG GCATGAGTAA CGAAGAATAT AATAAATTAA     1150
CCGAAGATAA AAAAGAACCT CTGCTCAACA AGTTCCAGAT TACAACTTCA     1200
CCAGGTTCAA CTCAAAAAAT ATTAACAGCA ATGATTGGGT TAAATAACAA     1250
AACATTAGAC GATAAAACAA GTTATAAAAT CGATGGTAAA GGTTGGCAAA     1300
AAGATAAATC TTGGGGTGGT TACAACGTTA CAAGATATGA AGTGGTAAAT     1350
GGTAATATCG ACTTAAAACA AGCAATAGAA TCATCAGATA ACATTTTCTT     1400
TGCTAGAGTA GCACTCGAAT TAGGCAGTAA GAAATTTGAA AAAGGCATGA     1450
AAAAACTAGG TGTTGGTGAA GATATACCAA GTGATTATCC ATTTTATAAT     1500
GCTCAAATTT CAAACAAAAA TTTAGATAAT GAAATATTAT TAGCTGATTC     1550
AGGTTACGGA CAAGGTGAAA TACTGATTAA CCCAGTACAG ATCCTTTCAA     1600
TCTATAGCGC ATTAGAAAAT AATGGCAATA TTAACGCACC TCACTTATTA     1650
AAAGACACGA AAAACAAAGT TTGGAAGAAA AATATTATTT CCAAAGAAAA     1700
TATCAATCTA TTAACTGATG GTATGCAACA AGTCGTAAAT AAAACACATA     1750
AAGAAGATAT TTATAGATCT TATGCAAACT TAATTGGCAA ATCCGGTACT     1800
GCAGAACTCA AAATGAAACA AGGAGAAACT GGCAGACAAA TTGGGTGGTT     1850
TATATCATAT GATAAAGATA ATCCAAACAT GATGATGGCT ATTAATGTTA     1900
AAGATGTACA AGATAAAGGA ATGGCTAGCT ACAATGCCAA AATCTCAGGT     1950
AAAGTGTATG ATGAGCTATA TGAGAACGGT AATAAAAAAT ACGATATAGA     2000
TGAATAA                                                   2007
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 83

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 36 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 83

CCCACCCCAC ATCAAATGAT GCGGGTTGTG GGTGGG 36

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 84

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 37 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 84

CCCGCGCGTA GTTACTGCGT TGTAAGACGT CCGCGGG 37

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 85

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 85

GTTTTTATCA CCATATTGAA TTTATAC 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 86

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 25 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 86

ATTTACTTGA AAGACTGCGG AGGAG 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 87

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 24 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 87

TGTTTGAGCT TCCACAGCTA TTTC 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 88

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 88

CCCTATAATT CCAATTATTG CACTAAC 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 89

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 25 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 89

ATGAGGAGAT AATAATTTGG AGGGT 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 90

(i)

(A) LONGITUD: 2007 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: N315

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de D86934

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 90

```
ATGAAAAAGA TAAAAATTGT TCCACTTATT TTAATAGTTG TAGTTGTCGG      50
GTTTGGTATA TATTTTTATG CTTCCAAAGA TAAAGAAATT AATAATACTA     100
TTGATGCAAT TGAAGATAAA AATTTCAAAC AAGTTTATAA AGATAGCAGT     150
TATATTTCTA AAAGCGATAA TGGTGAAGTA GAAATGACTG AACGTCCGAT     200
AAAAATATAT AATAGTTTAG GCGTTAAAGA TATAAACATT CAGGATCGTA     250
AAATAAAAAA AGTATCTAAA AATAAAAAAC GAGTAGATGC TCAATATAAA     300
ATTAAAACAA ACTACGGTAA CATTGATCGC AACGTTCAAT TTAATTTTGT     350
TAAAGAAGAT GGTATGTGGA AGTTAGATTG GGATCATAGC GTCATTATTC     400
CAGGAATGCA GAAAGACCAA AGCATACATA TTGAAAATTT AAAATCAGAA     450
CGTGGTAAAA TTTTAGACCG AAACAATGTG GAATTGGCCA ATACAGGAAC     500
AGCATATGAG ATAGGCATCG TTCCAAAGAA TGTATCTAAA AAAGATTATA     550
AAGCAATCGC TAAAGAACTA AGTATTTCTG AAGACTATAT CAAACAACAA     600
ATGGATCAAA ATTGGGTACA AGATGATACC TTCGTTCCAC TTAAAACCGT     650
TAAAAAAATG GATGAATATT TAAGTGATTT CGCAAAAAAA TTTCATCTTA     700
CAACTAATGA AACAGAAAGT CGTAACTATC CTCTAGGAAA AGCGACTTCA     750
CATCTATTAG GTTATGTTGG TCCCATTAAC TCTGAAGAAT TAAAACAAAA     800
AGAATATAAA GGCTATAAAG ATGATGCAGT TATTGGTAAA AAGGGACTCG     850
AAAAACTTTA CGATAAAAAG CTCCAACATG AAGATGGCTA TCGTGTCACA     900
ATCGTTGACG ATAATAGCAA TACAATCGCA CATACATTAA TAGAGAAAAA     950
GAAAAAAGAT GGCAAAGATA TTCAACTAAC TATTGATGCT AAAGTTCAAA    1000
AGAGTATTTA TAACAACATG AAAAATGATT ATGGCTCAGG TACTGCTATC    1050
CACCCTCAAA CAGGTGAATT ATTAGCACTT GTAAGCACAC CTTCATATGA    1100
CGTCTATCCA TTTATGTATG GCATGAGTAA CGAAGAATAT AATAAATTAA    1150
CCGAAGATAA AAAAGAACCT CTGCTCAACA AGTTCCAGAT TACAACTTCA    1200
CCAGGTTCAA CTCAAAAAAT ATTAACAGCA ATGATTGGGT TAAATAACAA    1250
AACATTAGAC GATAAAACAA GTTATAAAAT CGATGGTAAA GGTTGGCAAA    1300
AAGATAAATC TTGGGGTGGT TACAACGTTA CAAGATATGA AGTGGTAAAT    1350
GGTAATATCG ACTTAAAACA AGCAATAGAA TCATCAGATA ACATTTTCTT    1400
TGCTAGAGTA GCACTCGAAT TAGGCAGTAA GAAATTTGAA AAAGGCATGA    1450
AAAAACTAGG TGTTGGTGAA GATATACCAA GTGATTATCC ATTTTATAAT    1500
GCTCAAATTT CAAACAAAAA TTTAGATAAT GAAATATTAT TAGCTGATTC    1550
AGGTTACGGA CAAGGTGAAA TACTGATTAA CCCAGTACAG ATCCTTTCAA    1600
TCTATAGCGC ATTAGAAAAT AATGGCAATA TTAACGCACC TCACTTATTA    1650
AAAGACACGA AAAACAAAGT TTGGAAGAAA AATATTATTT CCAAAGAAAA    1700
TATCAATCTA TTAACTGATG GTATGCAACA AGTCGTAAAT AAAACACATA    1750
AAGAAGATAT TTATAGATCT TATGCAAACT TAATTGGCAA ATCCGGTACT    1800
GCAGAACTCA AAATGAAACA AGGAGAAACT GGCAGACAAA TTGGGTGGTT    1850
TATATCATAT GATAAAGATA ATCCAAACAT GATGATGGCT ATTAATGTTA    1900
AAGATGTACA AGATAAAGGA ATGGCTAGCT ACAATGCCAA AATCTCAGGT    1950
AAAGTGTATG ATGAGCTATA TGAGAACGGT AATAAAAAAT ACGATATAGA    2000
TGAATAA                                                  2007
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 91

(i)

(A) LONGITUD: 2007 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2082

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AB037671

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 91

```
ATGAAAAAGA TAAAAATTGT TCCACTTATT TTAATAGTTG TAGTTGTCGG       50
GTTTGGTATA TATTTTTATG CTTCAAAAGA TAAAGAAATT AATAATACTA      100
TTGATGCAAT TGAAGATAAA AATTTCAAAC AAGTTTATAA AGATAGCAGT      150
TATATTTCTA AAAGCGATAA TGGTGAAGTA GAAATGACTG AACGTCCGAT      200
AAAAATATAT AATAGTTTAG GCGTTAAAGA TATAAACATT CAGGATCGTA      250
AAATAAAAAA AGTATCTAAA AATAAAAAAC GAGTAGATGC TCAATATAAA      300
ATTAAAACAA ACTACGGTAA CATTGATCGC AACGTTCAAT TTAATTTTGT      350
TAAAGAAGAT GGTATGTGGA AGTTAGATTG GGATCATAGC GTCATTATTC      400
CAGGAATGCA GAAAGACCAA AGCATACATA TTGAAAATTT AAAATCAGAA      450
CGTGGTAAAA TTTTAGACCG AAACAATGTG GAATTGGCCA ATACAGGAAC      500
AGCATATGAG ATAGGCATCG TTCCAAAGAA TGTATCTAAA AAAGATTATA      550
AAGCAATCGC TAAAGAACTA AGTATTTCTG AAGACTATAT CAAACAACAA      600
ATGGATCAAA AGTGGGTACA AGATGATACC TTCGTTCCAC TTAAAACCGT      650
TAAAAAAATG GATGAATATT TAAGTGATTT CGCAAAAAAA TTTCATCTTA      700
CAACTAATGA AACAGAAAGT CGTAACTATC CTCTAGAAAA AGCGACTTCA      750
CATCTATTAG GTTATGTTGG TCCCATTAAC TCTGAAGAAT TAAAACAAAA      800
AGAATATAAA GGCTATAAAG ATGATGCAGT TATTGGTAAA AAGGGACTCG      850
AAAAACTTTA CGATAAAAAG CTCCAACATG AAGATGGCTA TCGTGTCACA      900
ATCGTTGACG ATAATAGCAA TACAATCGCA CATACATTAA TAGAGAAAAA      950
GAAAAAAGAT GGCAAAGATA TTCAACTAAC TATTGATGCT AAAGTTCAAA     1000
AGAGTATTTA TAACAACATG AAAAATGATT ATGGCTCAGG TACTGCTATC     1050
CACCCTCAAA CAGGTGAATT ATTAGCACTT GTAAGCACAC CTTCATATGA     1100
CGTCTATCCA TTTATGTATG GCATGAGTAA CGAAGAATAT AATAAATTAA     1150
CCGAAGATAA AAAAGAACCT CTGCTCAACA AGTTCCAGAT TACAACTTCA     1200
CCAGGTTCAA CTCAAAAAAT ATTAACAGCA ATGATTGGGT TAAATAACAA     1250
AACATTAGAC GATAAAACAA GTTATAAAAT CGATGGTAAA GGTTGGCAAA     1300
AAGATAAATC TTGGGGTGGT TACAACGTTA CAAGATATGA AGTGGTAAAT     1350
GGTAATATCG ACTTAAAACA AGCAATAGAA TCATCAGATA ACATTTTCTT     1400
TGCTAGAGTA GCACTCGAAT TAGGCAGTAA GAAATTTGAA AAAGGCATGA     1450
AAAAACTAGG TGTTGGTGAA GATATACCAA GTGATTATCC ATTTTATAAT     1500
GCTCAAATTT CAAACAAAAA TTTAGATAAT GAAATATTAT TAGCTGATTC     1550
AGGTTACGGA CAAGGTGAAA TACTGATTAA CCCAGTACAG ATCCTTTCAA     1600
TCTATAGCGC ATTAGAAAAT AATGGCAATA TTAACGCACC TCACTTATTA     1650
AAAGACACGA AAAACAAAGT TTGGAAGAAA AATATTATTT CCAAAGAAAA     1700
TATCAATCTA TTAACTGATG GTATGCAACA AGTCGTAAAT AAAACACATA     1750
AAGAAGATAT TTATAGATCT TATGCAAACT TAATTGGCAA ATCCGGTACT     1800
GCAGAACTCA AAATGAAACA AGGAGAAACT GGCAGACAAA TTGGGTGGTT     1850
TATATCATAT GATAAAGATA ATCCAAACAT GATGATGGCT ATTAATGTTA     1900
AAGATGTACA AGATAAAGGA ATGGCTAGCT ACAATGCCAA AATCTCAGGT     1950
AAAGTGTATG ATGAGCTATA TGAGAACGGT AATAAAAAAT ACGATATAGA     2000
TGAATAA                                                   2007
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 92

(i)

(A) LONGITUD: 675 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: NCTC 10442

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AB033763

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 92

```
ATGAACTATT TCAGATATAA ACAATTTAAC AAGGATGTTA TCACTGTAGC      50
CGTTGGCTAC TATCTAAGAT ATACATTGAG TTATCGTGAT ATATCTGAAA     100
TATTAAGGGA ACGTGGTGTA AACGTTCATC ATTCAACGGT CTACCGTTGG     150
GTTCAAGAAT ATGCCCCAAT TTTGTATCAA ATTTGGAAGA AAAAGCATAA     200
AAAAGCTTAT TACAAATGGC GTATTGATGA GACGTACATC AAAATAAAAG     250
GAAAATGGAG CTATTTATAT CGTGCCATTG ATGCAGAGGG ACATACATTA     300
GATATTTGGT TGCGTAAGCA ACGAGATAAT CATTCAGCAT ATGCGTTTAT     350
CAAACGTCTC ATTAAACAAT TTGGTAAACC TCAAAAGGTA ATTACAGATC     400
AGGCACCTTC AACGAAGGTA GCAATGGCTA AAGTAATTAA AGCTTTTAAA     450
CTTAAACCTG ACTGTCATTG TACATCGAAA TATCTGAATA ACCTCATTGA     500
GCAAGATCAC CGTCATATTA AAGTAAGAAA GACAAGGTAT CAAAGTATCA     550
ATACAGCAAA GAATACTTTA AAAGGTATTG AATGTATTTA CGCTCTATAT     600
AAAAAGAACC GCAGGTCTCT TCAGATCTAC GGATTTTCGC CATGCCACGA     650
AATTAGCATC ATGCTAGCAA GTTAA                                675
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 93

(i)

(A) LONGITUD: 675 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: N315

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de D86934

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 93

```
ATGAACTATT TCAGATATAA ACAATTTAAC AAGGATGTTA TCACTGTAGC      50
CGTTGGCTAC TATCTAAGAT ATACATTGAG TTATCGTGAT ATATCTGAAA     100
TATTAAGGGA ACGTGGTGTA AACGTTCATC ATTCAACGGT CTACCGTTGG     150
GTTCAAGAAT ATGCCCCAAT TTTGTATCAA ATTTGGAAGA AAAAGCATAA     200
AAAAGCTTAT TACAAATGGC GTATTGATGA GACGTACATC AAAATAAAAG     250
GAAAATGGAG CTATTTATAT CGTGCCATTG ATGCAGAGGG ACATACATTA     300
GATATTTGGT TGCGTAAGCA ACGAGATAAT CATTCAGCAT ATGCGTTTAT     350
CAAACGTCTC ATTAAACAAT TTGGTAAACC TCAAAAGGTA ATTACAGATC     400
AGGCACCTTC AACGAAGGTA GCAATGGCTA AAGTAATTAA AGCTTTTAAA     450
CTTAAACCTG ACTGTCATTG TACATCGAAA TATCTGAATA ACCTCATTGA     500
GCAAGATCAC CGTCATATTA AAGTAAGAAA GACAAGGTAT CAAAGTATCA     550
ATACAGCAAA GAATACTTTA AAAGGTATTG AATGTATTTA CGCTCTATAT     600
AAAAAGAACC GCAGGTCTCT TCAGATCTAC GGATTTTCGC CATGCCACGA     650
AATTAGCATC ATGCTAGCAA GTTAA                                675
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 94

(i)

(A) LONGITUD: 675 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: HUC19

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AF181950

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 94

```
ATGAACTATT TCAGATATAA ACAATTTAAC AAGGATGTTA TCACTGTAGC        50
CGTTGGCTAC TATCTAAGAT ATACATTGAG TTATCGTGAT ATATCTGAAA       100
TATTAAGGGA ACGTGGTGTA AACGTTCATC ATTCAACGGT CTACCGTTGG       150
GTTCAAGAAT ATGCCCCAAT TTTGTATCAA ATTTGGAAGA AAAAGCATAA       200
AAAAGCTTAT TACAAATGGC GTATTGATGA GACGTACATC AAAATAAAAG       250
GAAAATGGAG CTATTTATAT CGTGCCATTG ATGCAGAGGG ACATACATTA       300
GATATTTGGT TGCGTAAGCA ACGAGTTAAT CATTCAGCAT ATGCGTTTAT       350
CAAACGTCTC ATTAAACAAT TTGGTAAACC TCAAAAGGTA ATTACAGATC       400
AGGCACCTTC AACGAAGGTA GCAATGGCTA AAGTAATTAA AGCTTTTAAA       450
CTTAAACCTG ACTGTCATTG TACATCGAAA TATCTGAATA ACCTCATTGA       500
GCAAGATCAC CGTCATATTA AAGTAAGAAA GACAAGGTAT CAAAGTATCA       550
ATACAGCAAA GAATACTTTA AAAGGTATTG AATGTATTCA CGCTCTATAT       600
AAAAAGAACC GCAGGTCTCT TCAGATCTAC GGATTTTCGC CATGCCACGA       650
AATTAGCATC ATGCTAGCAA GTTAA                                  675
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 95

(i)

(A) LONGITUD: 675 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: NCTC 8325

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de X53818

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 95

```
ATGAACTATT TCAGATATAA ACAATTTAAC AAGGATGTTA TCACTGTAGC        50
CGTTGGCTAC TATCTAAGAT ATACATTGAG TTATCGTGAT ATATCTGAAA       100
TATTAAGGGA ACGTGGTGTA AACGTTCATC ATTCAACGGT CTACCGTTGG       150
GTTCAAGAAT ATGCCCCAAT TTTGTATCAA ATTTGGAAGA AAAAGCATAA       200
AAAAGCTTAT TACAAATGGC GTATTGATGA GACGTACATC AAAATAAAAG       250
GAAAATGGAG CTATTTATAT CGTGCCATTG ATGCAGAGGG ACATACATTA       300
GATATTTGGT TGCGTAAGCA ACGAGATAAT CATTCAGCAT ATGCGTTTAT       350
CAAACGTCTC ATTAAACAAT TTGGTAAACC TCAAAAGGTA ATTACAGATC       400
AGGCACCTTC AACGAAGGTA GCAATGGCTA AAGTAATTAA AGCTTTTAAA       450
```

```
CTTAAACCTG ACTGTCATTG TACATCGAAA TATCTGAATA ACCTCATTGA      500
GCAAGATCAC CGTCATATTA AAGTAAGAAA GACAAGGTAT CAAAGTATCA      550
ATACAGCAAA GAATACTTTA AAAGGTATTG AATGTATTTA CGCTCTATAT      600
AAAAAGAACC GCAGGTCTCT TCAGATCTAC GGATTTTCGC CATGCCACGA      650
AATTAGCATC ATGCTAGCAA GTTAA                                 675
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 96

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 28 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 96

GTAAAGTGTATGATGAGCTATATGAGAA 28

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 97

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 97

GCTGAAAAAA CCGCATCATT TRTGRTA 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 98

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 98

TTTAGTTTTA TTTATGATAC GCTTCTCCA 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 99

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 99

GCTGAAAAAA CCGCATCATT TATGATA 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 100

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 28 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 100

CTATGTCAAA AATCATGAAC CTCATTAC 28

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 101

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 101

GGAGGCTAAC TATGTCAAAA ATC 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 102

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 25 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 102

CTCTATAAAC ATCGTATGAT ATTGC 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 103

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 103

ACCAAACGAC ATGAAAATCA 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 104

(i)

(A) LONGITUD: 1256 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2082

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AB037671

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 104

```
TTCAGAAAAA TGATTAATGT GTTTCAATAA AATCTCTCCT TCTTTGTGAA      50
CATATTCATT TTTATACTAA TTAATATAAT TTCCAAAAAA GTTTCTGTTT     100
AAAAGTGAAA AATATTATTT ACCGTTTGAC TTAAATCTTC AATATATAGG     150
TGTTTATATG TATCATTTTG CGCCAATTTG AATAAACGGG AATCAAGTCT     200
GTTTCTGAGT TTATTTCAAC TTTCTTATAG TAAACATTGT CTTAATATGA     250
TGAACTTCAA TAAAACTTTC CCTATGCCCC ATAAAATTTT CTCAAAATCA     300
AAAATAACAT ACCTTACAAC TTTTACCGTC GATATCAATT GCTCTTTTCT     350
TAATTTAGGA TTGCTTTCAA ATTTTGTACT ATAACGTGAA ACTACTTTTC     400
CTTCTTTATA ATTAAAATTT ACTAATTCAC AATCATTTTT ACTTCCATTT     450
ACAAAAACAT CCACTGTTTC TAACACAAAA TCTAATAAAC TTCCTTTTAT     500
TAATCGTAGG CATTGTATAT TTCCTTTCAT TCTTTCTTGA TTCCATTAGT     550
TTAAATTTAA AATTTCATCC ATCAATTTCT TAATTTAATT GTAGTTCCAT     600
AATCAATATA ATTTGTACAG TTATTATATA TTCTAGATCA TCAATAGTTG     650
AAAAATGGTT TATTAAACAC TCTATAAACA TCGTATGATA TTGCAAGGTA     700
TAATCCAATA TTTCATATAT GTAATTCCTC CACATCTCAT TAAATTTTTA     750
AATTATACAC AACCTAATTT TTAGTTTTAT TTATGATACG CTTCTCCACG     800
CATAATCTTA AATGCTCTGT ACACTTGTTC AATTAACACA ACCCGCATCA     850
TTTGATGTGG GAATGTCATT TTGCTGAATG ATAGTGCGTA GTTACTGCGT     900
TGTAAGACGT CCTTGTGCAG GCCGTTTGAT CCGCCAATGA CGAATACAAA     950
GTCGCTTTGC CCTTGGGTCA TGCGTTGGTT CAATTCTTGG GCCAATCCTT    1000
CGGAAGATAG CATCTTTCCT TGTATTTCTA ATGTAATGAC TGTTGATTGT    1050
GGTTTGATTT TGGCTAGTAT TCGTTGGCCT TCTTTTTCTT TTACTTGCTC    1100
AATTTCTTTG TCGCTCATAT TTTCTGGTGC TTTTTCGTCT GGAACTTCTA    1150
TGATGTCTAT CTTGGTGTAT GGGCCTAAAC GTTTTTCATA TTCTGCTATG    1200
GCTTGCTTCC AATATTTCTC TTTTAGTTTC CCTACAGCTA AAATGGTGAT    1250
TTTCAT                                                   1256
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 105

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 28 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 105

TCATGAACCT CATTACTTAT GATAAGIT 28

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 106

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 28 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 106

GAAAAAACCG CATCATTTAT GATATGIT 28

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 107

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 30 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 107

CCTAATTTTT AGTTTTATTT ATGATACGIT 30

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 108

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 35 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 108

CACAACCTAA TTTTTAGTTT TATTTATGAT ACGIT 35

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 109

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 24 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 109

TGATAAGCCA TTCATTCACC CTAA 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 110

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 27 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 110

AAGGACTCCT AATTTATGTC TAATTCC 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 111

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 24 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 111

ATGGGAGTCC TTCGCTATTC TGTG 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 112

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 27 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 112

CACTTTTTAT TCTTCAAAGA TTTGAGC 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 113

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 28 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 113

ATGGAAATTC TTAATCTTTA CTTGTACC 28

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 114

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 24 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 114

AGCATCTTCT TTACATCGCT TACT 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 115

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 23 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 115

CAGCAATTCW CATAAACCTC ATA 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 116

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 27 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 116

ACAAACTTTG AGGGGATTTT TAGTAAA 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 117

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 22 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 117

TATATTGTGG CATGATTTCT TC 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 118

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 118

CGAATGGACT AGCACTTTCT AAA 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 119

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 119

TTGAGGATCA AAAGTTGTTG C 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 120

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 120

CGATGATTTT ATAGTAGGAG A 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 121

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 28 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 121

TTCAATCTCT AAATCTAAAT CAGTTTTG 28

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 122

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 24 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 122

AGGCGAGAAA ATGGAACATA TCAA 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 123

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 26 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 123

GGTACAAGTA AAGATTAAGA ATTTCC 26

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 124

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 124

AGACAACTTT ATGCAGGTCC TT 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 125

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 125

TAACTGCTTG GGTAACCTTA TC 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 126

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 126

TATTGCAGGT TTCGATGTTG A 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 127

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 127

TGACCCATAT CGCCTAAAAT AC 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 128

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 128

AAAGGACAAC AAGGTAGCAA AG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 129

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 129

TCTGTGGATA AACACCTTGA TG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 130

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 18 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 130

GTTTGATCCG CCAATGAC 18

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 131

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 131

GGCATAAATG TCAGGAAAAT ATC 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 132

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 132

GAGGACCAAA CGACATGAAA ATC 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 133

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 133

TTCGAGGTTG ATGGGAAGCA 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 134

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 18 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 134

CGCTCGACTC AGGGTGTT 18

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 135

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 18 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 135

CGTTGAAGAT GCCTTTGA 18

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 136

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 18 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 136

TTTTGCAACA GCCATTCG 18

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 137

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 21 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 137

GCACACATGT TGTAAGTTTG C 21

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 138

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 22 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 138

ACGCAAACTT ACAACATGTG TG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 139

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 22 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 139

CGTTTGTCTG ATTTGGAGGA AG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 140

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 140

TTTCTTCATC ATCGGTCATA AAAT 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 141

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 23 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 141

CTACGTGAAT CAAAAACAAT GGA 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 142

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 22 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 142

TACTGCAAAG TCTCGTTCAT CC 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 143

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 143

CATACCATTT TGAACGATGA CCTC 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 144

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 23 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 144

ATGTCTGGTC AACTTTCCGA CTC 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 145

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 25 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 145

CAATCGGTAT CTGTAAATAT CAAAT 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 146

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 146

TCGCATACCT GTTTATCTTC TACT 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 147

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 22 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 147

TTGGTTCCAT CTGAACTTTG AG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 148

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 148

AATGGCTTAT CAAAGTGAAT ATGC 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 149

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 149

TAATTTCCTT TTTTTCCATT CCTC 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 150

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 25 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 150

ACTAGAATCT CCAAATGAAT CCAGT 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 151

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 151

TGGAGTTAAT CTACGTCTCA TCTC 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 152

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 152

GTTCATACAG AAGACTCCTT TTTG 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 153

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 25 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 153

AGTTTTGATT ATCCGAATAA ATGCT 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 154

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 154

TTTAAATTCA GCTATATGGG GAGA 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 155

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 22 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 155

TTCCGTTTTG CTATTCCATA AT 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 156

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 24 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 156

CCTCTGATAA AAAACTTGTG AAAT 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 157

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 24 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 157

ACTACTCCTG GAATTACAAA CTGG 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 158

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 23 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 158

GCCAAAATTA AACCACAATC CAC 23

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 159

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 24 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 159

CATTTTGCTG AATGATAGTG CGTA 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 160

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 48 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 160

CGACCGGATT CCCACATCAA ATGATGCGGG TTGTGTTAAT TCCGGTCG 48

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 161

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 37 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 161

CCCGCGCRTA GTTACTRCGT TGTAAGACGT CCGCGGG 37

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 162

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 29 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 162

CCCCGTAGTT ACTGCGTTGT AAGACGGGG 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 163

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 37 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 163

CCCGCGCATA GTTACTGCGT TGTAAGACGT CCGCGGG 37

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 164

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 37 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 164

CCCGCGCGTA GTTACTACGT TGTAAGACGT CCGCGGG 37

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 165

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1282 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9583

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 165

```
ACCATTTTAG CTGTAGGGAA ACTAAAAGAG AAATATTGGA AGCAAGCCAT      50
AGCAGAATAT GAAAAACGTT TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG     100
AAGTTCCAGA CGAAAAAGCA CCAGAAAATA TGAGCGACAA AGAAATTGAG     150
CAAGTAAAAG AAAAAGAAGG CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA     200
ATCCACAGTC ATTACATTAG AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG     250
GATTGGCCCA AGAATTGAAC CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT     300
GTATTCGTCA TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG     350
CAGTAACTAT GCACTATCAT TTAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA     400
TGCGGGTTGT GTTAATTGAA CAAGTGTATA GAGCATTTAA GATTATGCGT     450
GGAGAAGCGT ACCACAAATA AAACTAAAAA ATATGAGAAA ATTATTAAAT     500
TAGCTCAAAT CTTTGAAGAA TAAAAAGTGA ATATTAAGTT TGATAATTTA     550
GGTACAAGTA AAGATTAAGA ATTTCCATTA TTTAATACAT GGTGTGTAAA     600
TCGACTTCTT TTTGTATTAG ATGTTTGCAG TAAGCGATGT AAAGAAGATG     650
CTAATAAATA TGTGAGGAAT GATTACGATA CTAGATAAGC GGCTAATGAA     700
ATTTTTTAAA GTACATATAT AGACATATTT TTCATTTAGT AAAATTTTGA     750
ATTTCACTTT GCTAAGACTA GTGTCTAGAA ATTTATAATG ATTTATTAAC     800
ACCTATTTGA AACTTAAGTA TAATAAATGA TTCGGATTTT ATTTTTAATA     850
AAGACAAACT TGAACGTAGC AAAGTAGTTT TTATGATAAA TAATAAGTTT     900
TAATAATGTG ACGCTTTTAT ATAAGCACAT TATTATGAAC AATGTGAATT     950
GAGCATCTAC AATTACATTA ATAAATATAT AAATGATGAT TTAAATTCAC    1000
ATATATTTAT AATACACATA CTATATGAAA GTTTTGATTA TCCGAATAAA    1050
TGCTAAAATT AATAAAATAA TTAAAGGAAT CATACTTATT ATACGTATAC    1100
GTTTAGCTAC TGAACTACTG GATTCATTTG GAGATTCTAG TAGTTCTTTT    1150
TCAATCTCTA AATCTAAATC AGTTTTGTAA TAACCATTAA TTCCTAATCT    1200
TTCATCTAGC TCTGTACTTT TTTCATCATT TTTATCTTTG TTGATATGTT    1250
CCATTTTCTC GCCTCTTTTT AATCAAGTAG AA                       1282
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 166

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1108 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9589

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 166

```
ACCATTTTAG CTGTAGGGAA ACTAAAAGAG AAATATTGGA AGCAAGCCAT      50
AGCAGAATAT GAAAAACGTT TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG     100
AAGTTCCAGA CGAAAAAGCA CCAGAAAATA TGAGCGACAA AGAAATTGAG     150
CAAGTAAAAG AAAAAGAAGG CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA     200
ATCCACAGTC ATTACATTAG AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG     250
GATTGGCCCA AGAATTGAAC CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT     300
GTATTCGTCA TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG     350
CAGTAACTAT GCACTATCAT TTAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA     400
TGCGGGTTGT GTTAATTGAA CAAGTGTATA GAGCATTTAA GATTATGCGT     450
GGAGAAGCGT ACCACAAATA AAACTAAAAA ATATGAGAAA ATTATTAAAT     500
TAGCTCAAAT CTTTGAAGAA TAAAAAGTGA ATATTAAGTT TGATAATTTA     550
GGTACAAGTA AAGATTAAGA ATTTCCATTA TTTAATACAT GGTGTGTAAA     600
TCGACTTCTT TTTGTATTAG ATGTTTGCAG TAAGCGATGT AAAGAAGATG     650
CTAATAAATA TGTGAGGAAT GATTACGATA CTAGATAAGC GGCTAATGAA     700
ATTTTTTAAA GTACATATAT AGACATATTT TTCATTTAGT AAAATTTTGA     750
ATTTCACTTT GCTAAGACTA GTGTCTAGAA ATTTATAATG ATTTATTAAC     800
ACCTATTTGA AACTTAAGTA TAATAAATGA TTCGGATTTT ATTTTTAATA     850
AAGACAAACT TGAACGTAGC AAAGTAGTTT TTATGATAAA TAATAAGTTT     900
TAATAATGTG ACGCTTTTAT ATAAGCACAT TATTATGAAC AATGTGAATT     950
GAGCATCTAC AATTACATTA ATAAATATAT AAATGATGAT TTAAATTCAC    1000
ATATATTTAT AATACACATA CTATATGAAA GTTTTGATTA TCCGAATAAA    1050
TGCTAAAATT AATAAAATAA TTAAAGGAAT CATACTTATT ATACGTATAC    1100
GTTTAGCT                                                 1108
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 167

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1530 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9860

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 167

```
TTAGCTGTAG GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG CCATAGCAGA      50
ATATGAAAAA CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC ATAGAAGTTC     100
CAGACGAAAA AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT TGAGCAAGTA     150
AAAGAAAAAG AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC CACAATCCAC     200
AGTCATTACA TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC GAAGGATTGG     250
CCCAAGAATT GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA CTTTGTATTC     300
GTCATTGGCG GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC AACGCAGTAA     350
CTATGCACTA TCATTTAGCA AAATGACATT CCCACATCAA ATGATGCGGG     400
TTGTGTTAAT TGAACAAGTG TATAGAGCAT TTAAGATTAT GCGTGGAGAA     450
GCATATCATA AATGATGCGG TTTTTTCAGC CGCTTCATAA AGGGGGGTGA     500
TCATATCGGA ACGTATGAGG TTTATGAGAA TTGCTGCTAT GTTTTTATGA     550
AGCGTATCAT AAATGATGCA GTTTTTGATA ATTTTTTCTT TATCAGAGAT     600
TTTACTAAAA ATCCCCTCAA AGTTTGTTTT TTTCAACTTC AACTTTGAAG     650
GGAATAAATA AGGAACTTAT TTATATTTAT CCTTTATCTC ATTAATATCT     700
ATTTTTTTAT TAATAATATT ATAAATATTA AATTCTTTAG AAAAGTCACT     750
ATCACTCTTA TTCTTCATAC TAAACGTTAT TAATCTAATA ATATCAGCTA     800
CTATTTCTTT AAATTCTATT GCATCTTCTT TTTTATAAGT AGCGCCTGTA     850
TGAACAATTT TATTTCTCAT ACCATAGTAA TCTTTCATAT ATTTTTTTAC     900
```

```
ACAATTTTTA ATTTCATTAG AATTATCCAA ATCTAGATTA TCAATTGTCT      950
TTAATAAATG ATCATTAACA ACATTAGCAT ACCCACATCC AAGCTTCTTT     1000
TTTATCTCTT CATCACTTAA ATTTTCATCT AATTTATAAT ATCTTTCTAA     1050
AAAATTTGTG ATAAAAACTT CTAATGCAGT CTGAATTTGT ACAATTGCTA     1100
AATTATAGTC AGATTTATAA AAAGAACGTT CACCTTTTCT CATAGCCAAA     1150
ACATAAATAT TGCTAGGATG ATTATTGAAA ATATTATAAT TTTTTTTAAT     1200
ATTTAATAAA TCACTTTTTT TGATAGATGA ATACTGATCT TCTTCTATCT     1250
TTCCAGGCAT GTCAATCATG AAAATACTCA TCTCTTTTAT ATTTCCATCT     1300
ATAGTATATA TTATATAATA TGGAATACTT AATATATCCC CTAATGATAG     1350
CTGGTATATA TTATGATACT GATATTTAAC GCTAATAATT TTAATAAGAT     1400
TATTTAGACA ATTAAATTGC TTATTAAAAA TTTTCGTTAG ACTATTACTT     1450
TTCTTTGATT CCCTAGAAGT AGAATTTGAT TTCAATTTTT TAAACTGATT     1500
GTGCTTGATT ATTGAAGTTA TTTCAACATA                           1530
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 168

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1256 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9681

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 168

```
GCTGTAGGGA AACTAAAAGA GAAATATTGG AAGCAAGCCA TAGCAGAATA       50
TGAAAAACGT TTAGGCCCAT ACACCAAGAT AGACATCATA GAAGTTCCAG      100
ACGAAAAAGC ACCAGAAAAT ATGAGCGACA AAGAAATTGA GCAAGTAAAA      150
GAAAAAGAAG GCCAACGAAT ACTAGCCAAA ATTAAACCAC AATCCACAGT      200
CATTACATTA GAAATACAAG GAAAGATGCT ATCTTCCGAA GGATTGGCCC      250
AAGAATTGAA CCAACGCATG ACCCAAGGGC AAAGCGACTT TGTATTCGTC      300
ATTGGCGGAT CAAACGGCCT GCACAAGGAC GTCTTACAAC GCAGTAACTA      350
CGCACTATCA TTCAGCAAAA TGACATTCCC ACATCAAATG ATGCGGGTTG      400
TGTTAATTGA GCAAGTGTAT AGAGCATTTA AGATTATGCG TGGAGAAGCA      450
TATCATAAAT GATGCGGTTT TTTCAGCCGC TTCATAAAGG GATTTTGAAT      500
GTATCAGAAC ATATGAGGTT TATGTGAATT GCTGTTATGT TTTTAAGAAG      550
CATATCATAA GTGATGCGGT TTTTATTAAT TAGTTGCTAA AAAATGAAGT      600
ATGCAATATT AATTATTATT AAATTTTGAT ATATTTAAAG AAAGATTAAG      650
TTTAGGGTGA ATGAATGGCT TATCAAAGTG AATATGCATT AGAAAATGAA      700
GTACTTCAAC AACTTGAGGA ATTGAACTAT GAAAGAGTAA ATATACATAA      750
TATTAAATTA GAAATTAATG AATATCTCAA AGAACTAGGA GTGTTGAAAA      800
ATGAATAAGC AGACAAATAC TCCAGAACTA AGATTTCCAG AGTTTGATGA      850
GGAATGGAAA AAAAGGAAAT TAGGTGAAGT AGTAAATTAT AAAAATGGTG      900
GTTCATTTGA AAGTTTAGTG AAAAACCATG GTGTATATAA ACTCATAACT      950
CTTAAATCTG TTAATACAGA AGGAAAGTTG TGTAATTCTG GAAAATATAT     1000
CGATGATAAA TGTGTTGAAA CATTGTGTAA TGATACTTTA GTAATGATAC     1050
TGAGCGAGCA AGCACCAGGA CTAGTTGGAA TGACTGCAAT TATACCTAAT     1100
AATAATGAGT ATGTACTAAA TCAACGAGTA GCAGCACTAG TGCCTAAACA     1150
ATTTATAGAT AGTCAATTTC TATCTAAGTT AATTAATAGA AACCAGAAAT     1200
ATTTCAGTGT GAGATCTGCT GGAACAAAAG TGAAAAATAT TTCTAAAGGA     1250
CATGTA                                                    1256
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 169

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 846 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9887

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 169

```
TTACATTAGA AATACAAGGA AAGATGCTAT CTTCCGAAGG ATTGGCCCAA      50
GAATTGAACC AACGCATGAC CCAAGGGCAA AGCGACTTTG TTTTCGTCAT     100
TGGCGGATCA AACGGCCTGC ACAAGGACGT CTTACAACGC AGTAACTACG     150
CACTATCATT CAGCAAAATG ACATTCCCAC ATCAAATGAT GCGGGTTGTG     200
TTAATTGAAC AAGTGTACAG AGCATTTAAG ATTATGCGAG GAGAAGCTTA     250
TCATAAGTAA TGAGGTTCAT GATTTTTGAC ATAGTTAGCC TCCGCAGTCT     300
TTCATTTCAA GTAAATAATA GCGAAATATT CTTTATACTG AATACTTATA     350
GTGAAGCAAA GTTCTAGCTT TGAGAAAATT CTTTCTGCAA CTAAATATAG     400
TAAATTACGG TAAAATATAA ATAAGTACAT ATTGAAGAAA ATGAGACATA     450
ATATATTTTA TAATAGGAGG GAATTTCAAA TGATAGACAA CTTTATGCAG     500
GTCCTTAAAT TAATTAAAGA GAAACGTACC AATAATGTAG TTAAAAAATC     550
TGATTGGGAT AAAGGTGATC TATATAAAAC TTTAGTCCAT GATAAGTTAC     600
CCAAGCAGTT AAAAGTGCAT ATAAAAGAAG ATAAATATTC AGTTGTAGGG     650
AAGGTTGCTA CTGGGAACTA TAGTAAAGTT CCTTGGATTT CAATATATGA     700
TGAGAATATA ACAAAAGAAA CAAAGGATGG ATATTATTTG GTATATCTTT     750
TTCATCCGGA AGGAGAAGGC ATATACTTAT CTTTGAATCA AGGATGGTCA     800
AAGATAAGTG ATATGTTTCC GCGGGATAAA AATGCTGCAA AACAAA         846
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 170

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1270 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9772

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 170

```
CATTAGAAAT ACAAGGAAAG ATGCTATCTT CCGAAGGATT GGCCCAAGAA      50
TTGAACCAAC GCATGACCCA AGGGCAAAGC GACTTTGTAT TCGTCATTGG     100
CGGATCAAAC GGCCTGCACA AGGACGTCTT ACAACGCAGT AACTATGCAC     150
TATCATTTAG CAAAATGACA TTCCCACATC AAATGATGCG GGTTGTGTTA     200
ATTGAACAAG TGTATAGAGC ATTTAAGATT ATGCGTGGAG AAGCATATCA     250
TAAATGATGC GGTTTTTTCA GCCGCTTCAT AAAGGGATTT TGAATGTATC     300
AGAACATATG AGGTTTATGT GAATTGCTGT TATGTTTTTA AGAAGCTTAT     350
CATAAGTAAT GAGGTTCATG ATTTTTGACA TAGTTAGCCT CCGCAGTCTT     400
TCATTTCAAG TAAATAATAG CGAAATATTC TTTATACTGA ATACTTATAG     450
TGAAGCAAAG TTCTAGCTTT GAGAAAATTC TTTCTGCAAC TAAATATAGT     500
AAATTACGGT AAAATATAAA TAAGTACATA TTGAAGAAAA TGAGACATAA     550
TATATTTTAT AATAGGAGGG AATTTCAAAT GATAGACAAC TTTATGCAGG     600
TCCTTAAATT AATTAAAGAG AAACGTACCA ATAATGTAGT TAAAAAATCT     650
GATTGGGATA AAGGTGATCT ATATAAAACT TTAGTCCATG ATAAGTTACC     700
CAAGCAGTTA AAAGTGCATA TAAAAGAAGA TAAATATTCA GTTGTAGGGA     750
AGGTTGCTAC TGGGAACTAT AGTAAAGTTC CTTGGATTTC AATATATGAT     800
GAGAATATAA CAAAAGAAAC AAAGGATGGA TATTATTTGG TATATCTTTT     850
TCATCCGGAA GGAGAAGGCA TATACTTATC TTTGAATCAA GGATGGTCAA     900
AGATAAGTGA TATGTTTCCG CGGGATAAAA ATGCTGCAAA ACAAAGAGCA     950
TTAACTTTAT CTTCCGAACT CAATAAATAT ATTACATCAA ATGAATTTAA    1000
TACTGGAAGA TTTTATTACG CAGAAAATAA AGATTCATCT TATGATTTAA    1050
AAAATGATTA TCCATCAGGA TATTCTCATG GATCAATAAG ATTCAAATAT    1100
TATGATTTGA ATGAAGGATT CACAGAAGAA GATATGCTAG AGGATTTAAA    1150
GAAATTTTTA GAACTATTTA ATGAATTAGC TTCAAAAGTT ACAAAAACAT    1200
CCTATGATAG CTTGGTCAAT AGCATAGACG AAATACAGGA AGACAGCGAA    1250
ATTGAAGAAA TTAGAACAGC                                     1270
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 171

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 991 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9208

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 171

```
ACCATTTTAG CTGTAGGGAA ACTAAAAGAG AAATACTGGA AGCAAGCCAT      50
AGCAGAATAT GAAAAACGTT TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG     100
AAGTTCCAGA CGAAAAAGCA CCAGAAAATA TGAACTACAA AGAAATTGAG     150
CAAGTAAAAG AAAAAGAAGG CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA     200
ATCAACAGTC ATTACATTAG AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG     250
GATTGGCCCA AGAATTGAAC CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT     300
GTATTCGTCA TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG     350
CAGTAACTAC GCACTATCAT TCAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA     400
TGCGGGTTGT GTTAATTGAA CAAGTGTACA GAGCATTTAA GATTATGCGA     450
GGAGAAGCGT ATCATAAGTG ATGGTAAAAA ATATGAGTAA GTAGATGAAG     500
AGTGAAAATC AGATTAATTA ATAATAATGT ATCAAATTTA AATAAAGGGG     550
TTTTTAAGTA TGAATTTAAG AGGTCATGAA AATAGACTTA AATTTCATGC     600
GAAATATGAT GTGACACCTA TATCACATTT AAAATTATTA GAAGGTCAAA     650
AGAAAGACGG TGAAGGCGGC ATACTGACAG ATAGCTATTA CTGTTTTTCA     700
TACAGCTTAA AAGGTAATTC TAAAAAAGTT TTAGGTACGT TTAATTGTGG     750
TTATCATATT GCTGAAGATT TACTAAAATT ATCAAATCAA GATAAATTAC     800
CTTTATTTAA CCCGTTTAAA GTAATTAATG AAGGTAATCA ATTGCAGGGC     850
GTAACGAATA AAGGTAATTT AAATATTAAT AGGCAAAGAA AACAGTATAA     900
TGAAGTGGCT TTACAGCTTT CAAATGCTAT TAATTTAATC ATAATTTGTT     950
ATGAGGATAA TATTAAAGAA CCACTTTCAA CGATAAAATA C              991
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 172

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 748 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9770

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 172

```
ATCGTTTAAC GTGTCACATG ATGCGATAGA TCCGCAATTT TATATTTTCC      50
ATAATAACTA TAAGAAGTTT ACGATTTTAA CAGATACGGG TTACGTGTCT     100
GATCGTATGA AAGGTATGAT ACGTGGCAGC GATGCATTTA TTTTTGAGAG     150
TAATCATGAC GTCGATATGT TGAGAATGTG TCGTTATCCA TGGAAGACGA     200
AACAACGCAT TTTAGGCGAT ATGGGTCATG TATCTAATGA GGATGCGGGT     250
CATGCGATGA CAGACGTGAT TACAGGTAAC ACGAAACGTA TTTACTTATC     300
GCATTTATCA CAAGATAATA ATATGAAAGA TTTGGCGCGT ATGAGTGTTG     350
GCCAAGTATT GAACGAACAC GATATTGATA CGGAAAAAGA AGTATTGCTA     400
TGTGATACGG ATAAAGCTAT TCCAACACCA ATATATACAA TATAAATGAG     450
AGTCATCCGA TAAAGTTCCG CACTGCTGTG AAACGACTTT ATCGGGTGCT     500
TTTTTATGTT GTTGGTGGGA AATGGCTGTT GTTGAGTTGA ATCGGATTGA     550
TTGAAATGTG TAAAATAATT CGATATTAAA TGTAATTTAT AAATAATTTA     600
CATAAAATCA AACATTTTAA TATAAGGATT ATGATAATAT ATTGGTGTAT     650
GACAGTTAAT GGAGGGAACG AAATGAAAGC TTTATTACTT AAAACAAGTG     700
TATGGCTCGT TTTGCTTTTT AGTGTGATGG GATTATGGCA TGTCTCGA       748
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 173

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 917 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9864

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 173

```
AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG GATTGGCCCA AGAATTGAAC      50
CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT GTATTCGTCA TTGGCGGATC     100
AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG TAGTAACTAC GCACTATCAT     150
TCAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA TGCGGGTTGT GTTAATTGAG     200
CAAGTGTATA GAGCATTTAA GATTATGCGT GGAGAAGCAT ATCATAAATG     250
ATGCGGTTTT TTCAGCCGCT TCATAAAGGG ATTTTGAATG TATCAGAACA     300
TATGAGGTTT ATGTGAATTG CTGTTATGTT TTTAAGAAGC TTATCATAAG     350
TAATGAGGTT CATGATTTTT GACATAGTTA GCCTCCGCAG TCTTTCATTT     400
CAAGTAAATA ATAGCGAAAT ATTCTTTATA CTGAATACTT ATAGTGAAGC     450
AAAGTTCTAG CTTTGAGAAA ATTCTTTCTG CAACTAAATA TAGTAAATTA     500
CGGTAAAATA TAAATAAGTA CATATTGAAG AAAATGAGAC ATAATATATT     550
TTATAATAGG AGGGAATTTC AAATGATAGA CAACTTTATG CAGGTCCTTA     600
AATTAATTAA AGAGAAACGT ACCAATAATG TAGTTAAAAA ATCTGATTGG     650
GATAAAGGTG ATCTATATAA AACTTTAGTC CATGATAAGT TACCCAAGCA     700
GTTAAAAGTG CATATAAAAG AAGATAAATA TTCAGTTGTA GGGAAGGTTG     750
CTACTGGGAA CTATAGTAAA GTTCCTTGGA TTTCAATATA TGATGAGAAT     800
ATAACAAAAG AAACAAAGGA TGGATATTAT TTGGTATATC TTTTTCATCC     850
GGAAGGAGAA GGCATATACT TATCTTTGAA TCAAGGATGG TCAAAGATAA     900
GTGATATGTT TCCGCGG                                        917
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 174

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1132 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9865

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 174

```
GCTGTAGGGA AACTAAAAGA GAAATATTGG AAGCAAGCCA TAGCAGAATA      50
TGAAAAACGT TTAGGCCCAT ACACCAAGAT AGACATCATA GAAGTTCCAG     100
ACGAAAAAGC ACCAGAAAAT ATGAGCGACA AAGAAATTGA GCAAGTAAAA     150
GAAAAAGAAG GCCAACGAAT ACTAGCCAAA ATCAAACCAC AATCAACAGT     200
CATTACATTA GAAATACAAG GAAAGATGCT ATCTTCCGAA GGATTGGCCC     250
AAGAATTGAA CCAACGCATG ACCCAAGGGC AAAGCGACTT TGTATTCGTC     300
ATTGGCGGAT CAAACGGCCT GCACAAGGAC GTCTTACAAC GTAGTAACTA     350
CGCACTATCA TTCAGCAAAA TGACATTCCC ACATCAAATG ATGCGGGTTG     400
TGTTAATTGA GCAAGTGTAT AGAGCATTTA AGATTATGCG TGGAGAAGCA     450
TATCATAAAT GATGCGGTTT TTTCAGCCGC TTCATAAAGG GATTTTGAAT     500
GTATCAGAAC ATATGAGGTT TATGTGAATT GCTGTTATGT TTTTAAGAAG     550
CTTATCATAA GTAATGAGGT TCATGATTTT TGACATAGTT AGCCTCCGCA     600
GTCTTTCATT TCAAGTAAAT AATAGCGAAA TATTCTTTAT ACTGAATACT     650
TATAGTGAAG CAAAGTTCTA GCTTTGAGAA AATTCTTTCT GCAACTAAAT     700
ATAGTAAATT ACGGTAAAAT ATAAATAAGT ACATATTGAA GAAAATGAGA     750
CATAATATAT TTTATAATAG GAGGGAATTT CAAATGATAG ACAACTTTAT     800
GCAGGTCCTT AAATTAATTA AAGAGAAACG TACCAATAAT GTAGTTAAAA     850
AATCTGATTG GGATAAAGGT GATCTATATA AAACTTTAGT CCATGATAAG     900
TTACCCAAGC AGTTAAAAGT GCATATAAAA GAAGATAAAT ATTCAGTTGT     950
AGGGAAGGTT GCTACTGGGA ACTATAGTAA AGTTCCTTGG ATTTCAATAT    1000
ATGATGAGAA TATAACAAAA GAAACAAAGG ATGGATATTA TTTGGTATAT    1050
CTTTTTCATC CGGAAGGAGA AGGCATATAC TTATCTTTGA ATCAAGGATG    1100
GTCAAAGATA AGTGATATGT TTCCGCGGGA TA                       1132
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 175

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1133 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9866

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 175

```
AGCTGTAGGG AAACTAAAAG AGAAATATTG GAAGCAAGCC ATAGCAGAAT      50
ATGAAAAACG TTTAGGCCCA TACACCAAGA TAGACATCAT AGAAGTTCCA     100
GACGAAAAAG CACCAGAAAA TATGAGCGAC AAAGAAATTG AGCAAGTAAA     150
AGAAAAAGAA GGCCAACGAA TACTAGCCAA AATCAAACCA CAATCAACAG     200
TCATTACATT AGAAATACAA GGAAAGATGC TATCTTCCGA AGGATTGGCC     250
CAAGAATTGA ACCAACGCAT GACCCAAGGG CAAAGCGACT TTGTATTCGT     300
CATTGGCGGA TCAAACGGCC TGCACAAGGA CGTCTTACAA CGTAGTAACT     350
ACGCACTATC ATTCAGCAAA ATGACATTCC CACATCAAAT GATGCGGGTT     400
GTGTTAATTG AGCAAGTGTA TAGAGCATTT AAGATTATGC GTGGAGAAGC     450
ATATCATAAA TGATGCGGTT TTTTCAGCCG CTTCATAAAG GGATTTTGAA     500
TGTATCAGAA CATATGAGGT TTATGTGAAT TGCTGTTATG TTTTTAAGAA     550
GCTTATCATA AGTAATGAGG TTCATGATTT TTGACATAGT TAGCCTCCGC     600
AGTCTTTCAT TTCAAGTAAA TAATAGCGAA ATATTCTTTA TACTGAATAC     650
TTATAGTGAA GCAAAGTTCT AGCTTTGAGA AAATTCTTTC TGCAACTAAA     700
TATAGTAAAT TACGGTAAAA TATAAATAAG TACATATTGA AGAAAATGAG     750
ACATAATATA TTTTATAATA GGAGGGAATT TCAAATGATA GACAACTTTA     800
TGCAGGTCCT TAAATTAATT AAAGAGAAAC GTACCAATAA TGTAGTTAAA     850
AAATCTGATT GGGATAAAGG TGATCTATAT AAAACTTTAG TCCATGATAA     900
GTTACCCAAG CAGTTAAAAG TGCATATAAA AGAAGATAAA TATTCAGTTG     950
TAGGGAAGGT TGCTACTGGG AACTATAGTA AAGTTCCTTG GATTTCAATA    1000
TATGATGAGA ATATAACAAA AGAAACAAAG GATGGATATT ATTTGGTATA    1050
TCTTTTTCAT CCGGAAGGAG AAGGCATATA CTTATCTTTG AATCAAGGAT    1100
GGTCAAAGAT AAGTGATATG TTTCCGCGGG ATA                      1133
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 176

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1087 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9867

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 176

```
ACTAAAAGAG AAATATTGGA AGCAAGCCAT AGCAGAATAT GAAAAACGTT      50
TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG AAGTTCCAGA CGAAAAAGCA     100
CCAGAAAATA TGAGCGACAA AGAAATTGAG CAAGTAAAAG AAAAAGAAGG     150
CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA ATCAACAGTC ATTACATTAG     200
AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG GATTGGCACA AGAATTGAAC     250
CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT GTATTCGTCA TTGGCGGATC     300
AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG TAGTAACTAC GCACTATCAT     350
TCAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA TGCGGGTTGT GTTAATTGAG     400
CAAGTGTATA GAGCGTTTAA GATTATGCGT GGAGAAGCAT ATCATAAATG     450
ATGCGGTTTT TTCAGCCGCT TCATAAAGGG ATTTTGAATG TATCAGAACA     500
TATGAGGTTT ATGTGAATTG CTGTTATGTT TTTAAGAAGC TTATCATAAG     550
TAATGAGGTT CATGATTTTT GACATAGTTA GCCTCCGCAG TCTTTCATTT     600
CAAGTAAATA ATAGCGAAAT ATTCTTTATA CTGAATACTT ATAGTGAAGC     650
AAAGTTCTAG CTTTGAGAAA ATTCTTTCTG CAACTAAATA TAGTAAATTA     700
CGGTAAAATA TAAATAAGTA CATATTGAAG AAAATGAGAC ATAATATATT     750
TTATAATAGG AGGGAATTTC AAATGATAGA CAACTTTATG CAGGTCCTTA     800
AATTAATTAA AGAGAAACGT ACCAATAATG TAGTTAAAAA ATCTGATTGG     850
GATAAAGGTG ATCTATATAA AACTTTAGTC CATGATAAGT TACCCAAGCA     900
GTTAAAAGTG CATATAAAAG AAGATAAATA TTCAGTTGTA GGGAAGGTTG     950
CTACTGGGAA CTATAGTAAA GTTCCTTGGA TTTCAATATA TGATGAGAAT    1000
ATAACAAAAG AAACAAAGGA TGGATATTAT TTGGTATATC TTTTTCATCC    1050
GGAAGGAGAA GGCATATACT TATCTTTGAA TCAAGGA                  1087
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 177

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 903 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9868

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 177

```
CAAGGAAAGA TGCTATCTTC CGAAGGATTG GCCCAAGAAT TGAACCAACG      50
CATGACCCAA GGGCAAAGCG ACTTTGTATT CGTCATTGGC GGATCAAACG     100
GCCTGCACAA GGACGTCTTA CAACGTAGTA ACTACGCACT ATCATTCAGC     150
AAAATGACAT TCCCACATCA AATGATGCGG GTTGTGTTAA TTGAGCAAGT     200
GTATAGAGCA TTTAAGATTA TGCGTGGAGA AGCATATCAT AAATGATGCG     250
GTTTTTTCAG CCGCTTCATA AAGGGATTTT GAATGTATCA GAACATATGA     300
GGTTTATGTG AATTGCTGTT ATGTTTTTAA GAAGCTTATC ATAAGTAATG     350
AGGTTCATGA TTTTTGACAT AGTTAGCCTC CGCAGTCTTT CATTTCAAGT     400
AAATAATAGC GAAATATTCT TTATACTGAA TACTTATAGT GAAGCAAAGT     450
TCTAGCTTTG AGAAAATTCT TTCTGCAACT AAATATAGTA AATTACGGTA     500
AAATATAAAT AAGTACATAT TGAAGAAAAT GAGACATAAT ATATTTTATA     550
ATAGGAGGGA ATTTCAAATG ATAGACAACT TTATGCAGGT CCTTAAATTA     600
ATTAAAGAGA AACGTACCAA TAATGTAGTT AAAAAATCTG ATTGGGATAA     650
AGGTGATCTA TATAAAACTT TAGTCCATGA TAAGTTACCC AAGCAGTTAA     700
AAGTGCATAT AAAAGAAGAT AAATATTCAG TTGTAGGGAA GGTTGCTACT     750
GGGAACTATA GTAAAGTTCC TTGGATTTCA ATATATGATG AGAATATAAC     800
AAAAGAAACA AAGGATGGAT ATTATTTGGT ATATCTTTTT CATCCGGAAG     850
GAGAAGGCAT ATACTTATCT TTGAATCAAG GATGGTCAAA GATAAGTGAT     900
ATG                                                       903
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 178

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1114 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9869

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 178

```
GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG CCATAGCAGA ATATGAAAAA      50
CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC ATAGAAGTTC CAGACGAAAA     100
AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT TGAGCAAGTA AAAGAAAAAG     150
AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC CACAATCAAC AGTCATTACA     200
TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC GAAGGATTGG CCCAAGAATT     250
GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA CTTTGTATTC GTCATTGGCG     300
GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC AACGTAGTAA CTACGCACTA     350
TCATTCAGCA AAATGACATT CCCACATCAA ATGATGCGGG TTGTGTTAAT     400
TGAGCAAGTG TATAGAGCAT TTAAGATTAT GCGTGGAGAA GCATATCATA     450
AATGATGCGG TTTTTTCAGC CGCTTCATAA AGGGATTTTG AATGTATCAG     500
AACATATGAG GTTTATGTGA ATTGCTGTTA TGTTTTTAAG AAGCTTATCA     550
TAAGTAATGA GGTTCATGAT TTTTGACATA GTTAGCCTCC GCAGTCTTTC     600
ATTTCAAGTA AATAATAGCG AAATATTCTT TATACTGAAT ACTTATAGTG     650
AAGCAAAGTT CTAGCTTTGA GAAAATTCTT TCTGCAACTA AATATAGTAA     700
ATTACGGTAA AATATAAATA AGTACATATT GAAGAAAATG AGACATAATA     750
TATTTTATAA TAGGAGGGAA TTTCAAATGA TAGACAACTT TATGCAGGTC     800
CTTAAATTAA TTAAAGAGAA ACGTACCAAT AATGTAGTTA AAAAATCTGA     850
TTGGGATAAA GGTGATCTAT ATAAAACTTT AGTCCATGAT AAGTTACCCA     900
AGCAGTTAAA AGTGCATATA AAAGAAGATA AATATTCAGT TGTAGGGAAG     950
GTTGCTACTG GGAACTATAG TAAAGTTCCT TGGATTTCAA TATATGATGA    1000
GAATATAACA AAAGAAACAA AGGATGGATA TTATTTGGTA TATCTTTTTC    1050
ATCCGGAAGG AGAAGGCATA TACTTATCTT TGAATCAAGG ATGGTCAAAG    1100
ATAAGTGATA TGTT                                          1114
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 179

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1121 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9871

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 179

```
GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG CCATAGCAGA ATATGAAAAA      50
CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC ATAGAAGTTC CAGACGAAAA     100
AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT TGAGCAAGTA AAAGAAAAAG     150
AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC CACAATCCAC AGTCATTACA     200
TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC GAAGGATTGG CCCAAGAATT     250
GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA CTTTGTATTC GTCATTGGCG     300
GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC AACGCAGTAA CTATGCACTA     350
TCATTTAGCA AAATGACATT CCCACATCAA ATGATGCGGG TTGTGTTAAT     400
TGAACAAGTG TATAGAGCAT TTAAGATTAT GCGTGGAGAA GCATATCATA     450
AATGATGCGG TTTTTTCAGC CGCTTCATAA AGGGATTTTG AATGTATCAG     500
AACATATGAG GTTTATGTGA ATTGCTGTTA TGTTTTTAAG AAGCTTATCA     550
TAAGTAATGA GGTTCATGAT TTTTGACATA GTTAGCCTCC GCAGTCTTTC     600
ATTTCAAGTA AATAATAGCG AAATATTCTT TATACTGAAT ACTTATAGTG     650
AAGCAAAGTT CTAGCTTTGA GAAAATTCTT TCTGCAACTA AATATAGTAA     700
ATTACGGTAA AATATAAATA AGTACATATT GAAGAAAATG AGACATAATA     750
TATTTTATAA TAGGAGGGAA TTTCAAATGA TAGACAACTT TATGCAGGTC     800
CTTAAATTAA TTAAAGAGAA ACGTACCAAT AATGTAGTTA AAAAATCTGA     850
TTGGGATAAA GGTGATCTAT ATAAAACTTT AGTCCATGAT AAGTTACCCA     900
AGCAGTTAAA AGTGCATATA AAAGAAGATA AATATTCAGT TGTAGGGAAG     950
GTTGCTACTG GGAACTATAG TAAAGTTCCT TGGATTTCAA TATATGATGA    1000
GAATATAACA AAAGAAACAA AGGATGGATA TTATTTGGTA TATCTTTTTC    1050
ATCCGGAAGG AGAAGGCATA TACTTATCTT TGAATCAAGG ATGGTCAAAG    1100
ATAAGTGATA TGTTTCCGCG G                                   1121
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 180

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1121 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9872

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 180

```
TAGCTGTAGG GAAACTAAAA GAGAAATATT GGAAGCAAGC CATAGCAGAA      50
TATGAAAAAC GTTTAGGCCC ATACACCAAG ATAGACATCA TAGAAGTTCC     100
AGACGAAAAA GCACCAGAAA ATATGAGCGA CAAAGAAATT GAGCAAGTAA     150
AAGAAAAAGA AGGCCAACGA ATACTAGCCA AAATCAAACC ACAATCCACA     200
GTCATTACAT TAGAAATACA AGGAAAGATG CTATCTTCCG AAGGATTGGC     250
CCAAGAATTG AACCAACGCA TGACCCAAGG GCAAAGCGAC TTTGTATTCG     300
TCATTGGCGG ATCAAACGGC CTGCACAAGG ACGTCTTACA ACGCAGTAAC     350
TATGCACTAT CATTTAGCAA AATGACATTC CCACATCAAA TGATGCGGGT     400
TGTGTTAATT GAACAAGTGT ATAGAGCATT TAAGATTATG CGTGGAGAAG     450
CATATCATAA ATGATGCGGT TTTTTCAGCC GCTTCATAAA GGGATTTTGA     500
ATGTATCAGA ACATATGAGG TTTATGTGAA TTGCTGTTAT GTTTTTAAGA     550
AGCTTATCAT AAGTAATGAG GTTCATGATT TTTGACATAG TTAGCCTCCG     600

CAGTCTTTCA TTTCAAGTAA ATAATAGCGA AATATTCTTT ATACTGAATA     650
CTTATAGTGA AGCAAAGTTC TAGCTTTGAG AAAATTCTTT CTGCAACTAA     700
ATATAGTAAA TTACGGTAAA ATATAAATAA GTACATATTG AAGAAAATGA     750
GACATAATAT ATTTTATAAT AGGAGGGAAT TTCAAATGAT AGACAACTTT     800
ATGCAGGTCC TTAAATTAAT TAAAGAGAAA CGTACCAATA ATGTAGTTAA     850
AAAATCTGAT TGGGATAAAG GTGATCTATA TAAAACTTTA GTCCATGATA     900
AGTTACCCAA GCAGTTAAAA GTGCATATAA AAGAAGATAA ATATTCAGTT     950
GTAGGGAAGG TTGCTACTGG GAACTATAGT AAAGTTCCTT GGATTTCAAT    1000
ATATGATGAG AATATAACAA AAGAAACAAA GGATGGATAT TATTTGGTAT    1050
ATCTTTTTCA TCCGGAAGGA GAAGGCATAT ACTTATCTTT GAATCAAGGA    1100
TGGTCAAAGA TAAGTGATAT G                                   1121
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 181

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1131 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9873

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 181

```
CTGTAGGGAA ACTAAAAGAG AAATATTGGA AGCAAGCCAT AGCAGAATAT        50
GAAAAACGTT TAGGCCCATA CACCAAGATA GACATCATAG AAGTTCCAGA       100
CGAAAAAGCA CCAGAAAATA TGAGCGACAA AGAAATTGAG CAAGTAAAAG       150
AAAAAGAAGG CCAACGAATA CTAGCCAAAA TCAAACCACA ATCCACAGTC       200
ATTACATTAG AAATACAAGG AAAGATGCTA TCTTCCGAAG GATTGGCCCA       250
AGAATTGAAC CAACGCATGA CCCAAGGGCA AAGCGACTTT GTATTCGTCA       300
TTGGCGGATC AAACGGCCTG CACAAGGACG TCTTACAACG CAGTAACTAT       350
GCACTATCAT TTAGCAAAAT GACATTCCCA CATCAAATGA TGCGGGTTGT       400
GTTAATTGAA CAAGTGTATA GAGCATTTAA GATTATGCGT GGAGAAGCAT       450
ATCATAAATG ATGCGGTTTT TTCAGCCGCT TCATAAAGGG ATTTTGAATG       500
TATCAGAACA TATGAGGTTT ATGTGAATTG CTGTTATGTT TTTAAGAAGC       550
TTATCATAAG TAATGAGGTT CATGATTTTT GACATAGTTA GCCTCCGCAG       600
TCTTTCATTT CAAGTAAATA ATAGCGAAAT ATTCTTTATA CTGAATACTT       650
ATAGTGAAGC AAAGTTCTAG CTTTGAGAAA ATTCTTTCTG CAACTAAATA       700
TAGTAAATTA CGGTAAAATA TAAATAAGTA CATATTGAAG AAAATGAGAC       750
ATAATATATT TTATAATAGG AGGGAATTTC AAATGATAGA CAACTTTATG       800
CAGGTCCTTA AATTAATTAA AGAGAAACGT ACCAATAATG TAGTTAAAAA       850
ATCTGATTGG GATAAAGGTG ATCTATATAA AACTTTAGTC CATGATAAGT       900
TACCCAAGCA GTTAAAAGTG CATATAAAAG AAGATAAATA TTCAGTTGTA       950
GGGAAGGTTG CTACTGGGAA CTATAGTAAA GTTCCTTGGA TTTCAATATA      1000
TGATGAGAAT ATAACAAAAG AAACAAAGGA TGGATATTAT TTGGTATATC      1050
TTTTTCATCC GGAAGGAGAA GGCATATACT TATCTTTGAA TCAAGGATGG      1100
TCAAAGATAA GTGATATGTT TCCGCGGGAT A                          1131
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 182

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 896 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9874

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 182

```
CATTAGAAAT ACAAGGAAAG ATGCTATCTT CCGAAGGATT GGCCCAAGAA        50
TTGAACCAAC GCATGACCCA AGGGCAAAGC GACTTTGTAT TCGTCATTGG       100
CGGATCAAAC GGCCTGCACA AGGACGTCTT ACAACGCAGT AACTATGCAC       150
TATCATTTAG CAAAATGACA TTCCCACATC AAATGATGCG GGTTGTGTTA       200
ATTGAACAAG TGTATAGAGC ATTTAAGATT ATGCGTGGAG AAGCATATCA       250
TAAATGATGC GGTTTTTTCA GCCGCTTCAT AAAGGGATTT TGAATGTATC       300
AGAACATATG AGGTTTATGT GAATTGCTGT TATGTTTTTA AGAAGCTTAT       350
CATAAGTAAT GAGGTTCATG ATTTTTGACA TAGTTAGCCT CCGCAGTCTT       400
TCATTTCAAG TAAATAATAG CGAAATATTC TTTATACTGA ATACTTATAG       450
TGAAGCAAAG TTCTAGCTTT GAGAAAATTC TTTCTGCAAC TAAATATAGT       500
AAATTACGGT AAAATATAAA TAAGTACATA TTGAAGAAAA TGAGACATAA       550
TATATTTTAT AATAGGAGGG AATTTCAAAT GATAGACAAC TTTATGCAGG       600
TCCTTAAATT AATTAAAGAG AAACGTACCA ATAATGTAGT TAAAAAATCT       650
GATTGGGATA AAGGTGATCT ATATAAAACT TTAGTCCATG ATAAGTTACC       700
CAAGCAGTTA AAAGTGCATA TAAAAGAAGA TAAATATTCA GTTGTAGGGA       750
AGGTTGCTAC TGGGAACTAT AGTAAAGTTC CTTGGATTTC AATATATGAT       800
GAGAATATAA CAAAAGAAAC AAAGGATGGA TATTATTTGG TATATCTTTT       850
TCATCCGGAA GGAGAAGGCA TATACTTATC TTTGAATCAA GGATGG           896
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 183

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1125 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9875

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 183

```
GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG CCATATCAGA ATATGAAAAA      50
CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC ATAGAAGTTC CAGACGAAAA     100
AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT CGAGCAAGTA AAAGAAAAAG     150
AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC CACAATCAAC AGTCATTACA     200
TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC GAAGGATTGG CTCAAGAATT     250
GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA CTTTGTATTC GTTATTGGCG     300
GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC AACGCAGTAA CTATGCACTA     350
TCATTCAGCA AAATGACATT TCCACATCAG ATGATGCGGG TTGTGTTAAT     400
TGAGCAAGTG TATAGAGCAT TTAAGATTAT GCGTGGGGAA GCATATCATA     450
AATGATGCGG TTTTTTCAGC CGCTTCATAA AGGGATTTTG AATGTATCAG     500
AACATATGAG GTTTATGTGA ATTGCTGTTA TGTTTTTAAG AAGCTTATCA     550
TAAGTAATGA GGTTCATGAT TTTTGACATA GTTAGCCTCC GCAGTCTTTC     600
ATTTCAAGTA AATAATAGCG AAATATTCTT TATACTGAAT ACTTATAGTG     650
AAGCAAAGTT CTAGCTTTGA GAAAATTCTT TCTGCAACTA AATATAGTAA     700
ATTACGGTAA AATATAAATA AGTACATATT GAAGAAAATG AGACATAATA     750
TATTTTATAA TAGGAGGGAA TTTCAAATGA TAGACAACTT TATGCAGGTC     800
CTTAAATTAA TTAAAGAGAA ACGTACCAAT AATGTAGTTA AAAAATCTGA     850
TTGGGATAAA GGTGATCTAT ATAAAACTTT AGTCCATGAT AAGTTACCCA     900
AGCAGTTAAA AGTGCATATA AAAGAAGATA AATATTCAGT TGTAGGGAAG     950
GTTGCTACTG GGAACTATAG TAAAGTTCCT TGGATTTCAA TATATGATGA    1000
GAATATAACA AAAGAAACAA AGGATGGATA TTATTTGGTA TATCTTTTTC    1050
ATCCGGAAGG AGAAGGCATA TACTTATCTT TGAATCAAGG ATGGTCAAAG    1100
ATAAGTGATA TGTTTCCGCG GGATA                               1125
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 184

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 679 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9876

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 184

```
ATAAGAGGGA ACAGTGTGAA CAAGTTAATA ACTTGTGGAT AACTGGAAAG      50
TTGATAACAA TTTGGAGGAC CAAACGACAT GAAAATCACC ATTTTAGCTG     100
TAGGGAAACT AAAAGAGAAA TATTGGAAGC AAGCCATAGC AGAATATGAA     150
AAACGTTTAG GCCCATACAC CAAGATAGAC ATCATAGAAG TTCCAGACGA     200
AAAAGCACCA GAAAATATGA GCGACAAAGA AATTGAGCAA GTAAAAGAAA     250
AAGAAGGCCA ACGAATACTA GCCAAAATCA AACCACAATC CACAGTCATT     300
ACATTAGAAA TACAAGGAAA GATGCTATCT TCCGAAGGAT TGGCCCAAGA     350
ATTGAACCAA CGCATGACCC AAGGGCAAAG CGACTTTGTA TTCGTCATTG     400
GCGGATCAAA CGGCCTGCAC AAGGACGTCT TACAACGCAG TAACTATGCA     450
CTATCATTTA GCAAAATGAC ATTCCCACAT CAAATGATGC GGGTTGTGTT     500
AATTGAACAA GTGTATAGAG CATTTAAGAT TATGCGTGGA GAGGCTTATC     550
ATAAATAAAA CTAAAAATTA GATTGTGTAT AATTTAAAAA TTTAATGAGA     600
TGTGGAGGAA TTACATATAT GAAATATTGG AGTATACCTT GCAATATCAT     650
ACGATGTTTA TAGAGTGTTT AATAAACCA                           679
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 185

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1125 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9882

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 185

```
GGAAACTAAA AGAGAAATAT TGGAAGCAAG CCATAGCAGA ATATGAAAAA        50
CGTTTAGGCC CATACACCAA GATAGACATC ATAGAAGTTC CAGACGAAAA       100
AGCACCAGAA AATATGAGCG ACAAAGAAAT TGAGCAAGTA AAAGAAAAAG       150
AAGGCCAACG AATACTAGCC AAAATCAAAC CACAATCAAC AGTCATTACA       200
TTAGAAATAC AAGGAAAGAT GCTATCTTCC GAAGGATTGG CACAAGAATT       250
GAACCAACGC ATGACCCAAG GGCAAAGCGA CTTTGTATTC GTCATTGGCG       300
GATCAAACGG CCTGCACAAG GACGTCTTAC AACGTAGTAA CTACGCACTA       350
TCATTCAGCA AAATGACATT CCCACATCAA ATGATGCGGG TTGTGTTAAT       400
TGAGCAAGTG TATAGAGCGT TTAAGATTAT GCGTGGAGAA GCATATCATA       450
AATGATGCGG TTTTTTCAGC CGCTTCATAA AGGGATTTTG AATGTATCAG       500
AACATATGAG GTTTATGTGA ATTGCTGTTA TGTTTTTAAG AAGCTTATCA       550
TAAGTAATGA GGTTCATGAT TTTTGACATA GTTAGCCTCC GCAGTCTTTC       600
ATTTCAAGTA AATAATAGCG AAATATTCTT TATACTGAAT ACTTATAGTG       650
AAGCAAAGTT CTAGCTTTGA GAAAATTCTT TCTGCAACTA AATATAGTAA       700
ATTACGGTAA AATATAAATA AGTACATATT GAAGAAAATG AGACATAATA       750
TATTTTATAA TAGGAGGGAA TTTCAAATGA TAGACAACTT TATGCAGGTC       800
CTTAAATTAA TTAAAGAGAA ACGTACCAAT AATGTAGTTA AAAAATCTGA       850
TTGGGATAAA GGTGATCTAT ATAAAACTTT AGTCCATGAT AAGTTACCCA       900
AGCAGTTAAA AGTGCATATA AAAGAAGATA AATATTCAGT TGTAGGGAAG       950
GTTGCTACTG GGAACTATAG TAAAGTTCCT TGGATTTCAA TATATGATGA      1000
GAATATAACA AAAGAAACAA AGGATGGATA TTATTTGGTA TATCTTTTTC      1050
ATCCGGAAGG AGAAGGCATA TACTTATCTT TGAATCAAGG ATGGTCAAAG      1100
ATAAGTGATA TGTTTCCGCG GGATA                                 1125
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 186

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 926 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9885

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 186

```
TACATTAGAA ATACAAGGAA AGATGCTATC TTCCGAAGGA TTGGCCCAAG      50
AATTGAACCA ACGCATGACC CAAGGGCAAA GCGACTTTGT ATTCGTCATT     100
GGCGGATCAA ACGGCCTGCA CAAGGACGTC TTACAACGCA GTAACTATGC     150
ACTATCATTT AGCAAAATGA CATTCCCACA TCAAATGATG CGGGTTGTGT     200
TAATTGAACA AGTGTATAGA GCATTTAAGA TTATGCGTGG AGAAGCATAT     250
CATAAATGAT GCGGTTTTTT CAGCCGCTTC ATAAAGGGAT TTTGAATGTA     300
TCAGAACATA TGAGGTTTAT GTGAATTGCT GTTATGTTTT TAAGAAGCTT     350
ATCATAAGTA ATGAGGTTCA TGATTTTTGA CATAGTTAGC CTCCGCAGTC     400
TTTCATTTCA AGTAAATAAT AGCGAAATAT TCTTTATACT GAATACTTAT     450
AGTGAAGCAA AGTTCTAGCT TTGAGAAAAT TCTTTCTGCA ACTAAATATA     500
GTAAATTACG GTAAAATATA AATAAGTACA TATTGAAGAA AATGAGACAT     550
AATATATTTT ATAATAGGAG GGAATTTCAA ATGATAGACA ACTTTATGCA     600
GGTCCTTAAA TTAATTAAAG AGAAACGTAC CAATAATGTA GTTAAAAAAT     650
CTGATTGGGA TAAAGGTGAT CTATATAAAA CTTTAGTCCA TGATAAGTTA     700
CCCAAGCAGT TAAAAGTGCA TATAAAAGAA GATAAATATT CAGTTGTAGG     750
GAAGGTTGCT ACTGGGAACT ATAGTAAAGT TCCTTGGATT TCAATATATG     800
ATGAGAATAT AACAAAAGAA ACAAAGGATG GATATTATTT GGTATATCTT     850
TTTCATCCGG AAGGAGAAGG CATATACTTA TCTTTGAATC AAGGATGGTC     900
AAAGATAAGT GATATGTTTC CGCGGG                               926
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 187

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 24 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 187

GGATGTGGGT ATGCTAATGT TGTT 24

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 188

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 27 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 188

TGAACAATTT TATTTCTCAT ACCATAG 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 189

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2154 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9583

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 189

```
CGGTAATAAA AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC      50
GTAACGATGG TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT     100
TACTTCTCCC TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG     150
ACACTGTAAC GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT     200
TCAGCGATAA CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT     250
AACGTTATTC ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT     300
CTTCTACCCA TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA     350
ATGATACCTT TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT     400
ATATTGAGGA TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA     450
TATGAAGGCT TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT     500
TTCATATATG TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA     550
TGTTAAAGGT AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT     600
TCTATTGAGA CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA     650
TCAACTCCCC AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT     700
CCATACGTTC AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT     750
TAGTAAGTTT GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT     800
AAAAGTGTTC TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC     850
TCTGTTATAT TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT     900
TAAAGCTTGA AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT     950
TCTTCCACTT GCTTAACCAT ACTTTTAGAA AGTGCTAGTC CATTCGGTCC    1000
AGTAATACCT TTTAATTCTA CATTTAAATT CATATTATAT TCATTTGCTA    1050
TTTTTACTAC ATCATCGAAA GTTGGCAAAT GTTCATCTTT GAATTTTTCA    1100
CCAAACCAAG ATCCTGCAGA AGCATCTTTA ATTTCATCAT AATTCAATTC    1150
AGTTATTTCC CCGGACATAT TTGTAGTCCG TTCTAAATAA TCATCATGAA    1200
TGATAATCAG TTGTTCATCT TTTGTAATTG CAACATCTAA CTCCAACCAG    1250
TTTATACCTT CTACTTCTGA AGCAGCTTTA AATGATGCAA TTGTATTTTC    1300
CGGAGCTTTA CTAGGTAATC CTCTATGTCC ATATACAGTT AGCATATTAC    1350
CTCTCCTTGC ATTTTTATTT TTTTAATTAA CGTAACTGTA TTATCACATT    1400
AATCGCACTT TTATTTCCAT TAAAAAGAGA TGAATATCAT AAATAAAGAA    1450
GTCGATAGAT TCGTATTGAT TATGGAGTTA ATCTACGTCT CATCTCATTT    1500
TTAAAAAATC ATTTATGTCC CAAGCTCCAT TTTGTAATCA AGTCTAGTTT    1550
TTCGGTTCTG TTGCAAAGTT GAATTTATAG TATAATTTTA ACAAAAAGGA    1600
GTCTTCTGTA TGAACTATTT CAGATATAAA CAATTTAACA AGGATGTTAT    1650
CACTGTAGCC GTTGGCTACT ATCTAAGATA TACATTGAGT TATCGTGATA    1700
TATCTGAAAT ATTAAGGGAA CGTGGTGTAA ACGTTCATCA TTCAACGGTC    1750
TACCGTTGGG TTCAAGAATA TGCCCCAATT TTGTATCAAA TTTGGAAGAA    1800
AAAGCATAAA AAAGCTTATT ACAAATGGCG TATTGATGAG ACGTACATCA    1850
AAATAAAAGG AAAATGGAGC TATTTATATC GTGCCATTGA TGCAGAGGGA    1900
CATACATTAG ATATTTGGTT GCGTAAGCAA CGAGATAATC ATTCAGCATA    1950
TGCGTTTATC AAACGTCTCA TTAAACAATT TGGTAAACCT CAAAAGGTAA    2000
TTACAGATCA GGCACCTTCA ACGAAGGTAG CAATGGCTAA AGTAATTAAA    2050
GCTTTTAAAC TTAAACCTGA CTGTCATTGT ACATCGAAAT ATCTGAATAA    2100
CCTCATTGAG CAAGATCACC GTCATATTAA AGTAAGAAAG ACAAGGTATC    2150
AAAG                                                     2154
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 190

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2410 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9504

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 190

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA      50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC     100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT     150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG     200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT     250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA     300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT     350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT     400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA     450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT     500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG     550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT     600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT     650
AAATAAAACA CATAAAGAAG ATATTTATAG ATCTTATGCA AACTTAATTG     700
GCAAATCCGG TACTGCAGAA CTCAAAATGA AACAAGGAGA AACTGGCAGA     750
CAAATTGGGT GGTTTATATC ATATGATAAA GATAATCCAA ACATGATGAT     800
GGCTATTAAT GTTAAAGATG TACAAGATAA AGGAATGGCT AGCTACAATG     850
CCAAAATCTC AGGTAAAGTG TATGATGAGC TATATGAGAA CGGTAATAAA     900
AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC GTAACGATGG     950
TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT TACTTCTCCC    1000
TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG ACACTGTAAC    1050
GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT TCAGCGATAA    1100
CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT AACGTTATTC    1150
ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT CTTCTACCCA    1200
TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA ATGATACCTT    1250
TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT ATATTGAGGA    1300
TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA TATGAAGGCT    1350
TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT TTCATATATG    1400
TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA TGTTAAAGGT    1450
AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT TCTATTGAGA    1500
CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA TCAACTCCCC    1550
AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT CCATACGTTC    1600
AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT TAGTAAGTTT    1650
GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT AAAAGTGTTC    1700
TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC TCTGTTATAT    1750
TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT TAAAGCTTGA    1800
AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT TCTTCCACTT    1850
GCTTAACCAT ACTTTTAGAA AGTGCTAGTC CATTCGGTCC AGTAATACCT    1900
TTTAATTCTA CATTTAAATT CATATTATAT TCATTTGCTA TTTTTACTAC    1950
ATCATCGAAA GTTGGCAAAT GTTCATCTTT GAATTTTTCA CCAAACCAAG    2000
ATCCTGCAGA AGCATCTTTA ATTTCATCAT AATTCAATTC AGTTATTTCC    2050
CCGGACATAT TTGTAGTCCG TTCTAAATAA TCATCATGAA TGATAATCAG    2100
TTGTTCATCT TTTGTAATTG CAACATCTAA CTCCAACCAG TTTATACCTT    2150
CTACTTCTGA AGCAGCTTTA AATGATGCAA TTGTATTTTC CGGAGCTTTA    2200
CTAGGTAATC CTCTATGTCC ATATACAGTT AGCATATTAC CTCTCCTTGC    2250
ATTTTTATTT TTTTAATTAA CGTAACTGTA TTATCACATT AATCGCACTT    2300
TTATTTCCAT TAAAAAGAGA TGAATATCAT AAATAAAGAA GTCGATAGAT    2350
TCGTATTGAT TATGGAGTTA ATCTACGTCT CATCTCATTT TTAAAAAATC    2400
ATTTATGTCC                                               2410
```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SECUENCIA SEC ID nº: 191

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1858 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9208

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 191

```
CACCTTCATA TGACGTCTAT CCATTTATGT ATGGCATGAG TAACGAAGAA      50
TATAATAAAT TAACCGAAGA TAAAAAAGAA CCTCTGCTCA ACAAGTTCCA     100
GATTACAACT TCACCAGGTT CAACTCAAAA AATATTAACA GCAATGATTG     150
GGTTAAATAA CAAAACATTA GACGATAAAA CAAGTTATAA AATCGATGGT     200
AAAGGTTGGC AAAAAGATAA ATCTTGGGGT GGTTACAACG TTACAAGATA     250
TGAAGTGGTA AATGGTAATA TCGACTTAAA ACAAGCAATA GAATCATCAG     300
ATAACATTTT CTTTGCTAGA GTAGCACTCG AATTAGGCAG TAAGAAATTT     350
GAAAAAGGCA TGAAAAAACT AGGTGTTGGT GAAGATATAC CAAGTGATTA     400
TCCATTTTAT AATGCTCAAA TTTCAAACAA AAATTTAGAT AATGAAATAT     450
TATTAGCTGA TTCAGGTTAC GGACAAGGTG AAATACTGAT TAACCCAGTA     500
CAGATCCTTT CAATCTATAG CGCATTAGAA AATAATGGCA ATATTAACGC     550
ACCTCACTTA TTAAAAGACA CGAAAAACAA AGTTTGGAAG AAAAATATTA     600
TTTCCAAAGA AAATATCAAT CTATTAACTG ATGGTATGCA ACAAGTCGTA     650
AATAAAACAC ATAAAGAAGA TATTTATAGA TCTTATGCAA ACTTAATTGG     700
CAAATCCGGT ACTGCAGAAC TCAAAATGAA ACAAGGAGAA ACTGGCAGAC     750
AAATTGGGTG GTTTATATCA TATGATAAAG ATAATCCAAA CATGATGATG     800
GCTATTAATG TTAAAGATGT ACAAGATAAA GGAATGGCTA GCTACAATGC     850
CAAAATCTCA GGTAAAGTGT ATGATGAGCT ATATGAGAAC GGTAATAAAA     900
AATACGATAT AGATGAATAA CAAAACAGTG AAGCAATCCG TAACGATGGT     950
TGCTTCACTG TTTTATTATG AATTATTAAT AAGTGCTGTT ACTTCTCCCT    1000
TAAATACAAT TTCTTCATTT TCATTGTATG TTGAAAGTGA CACTGTAACG    1050
AGTCCATTTT CTTTTTTTAT GGATTTCTTA TTTGTAATTT CAGCGATAAC    1100
GTACAATGTA TTACCTGGGT ATACAGGTTT AATAAATTTA ACGTTATTCA    1150
TTTGTGTTCC TGCTACAACT TCTTCTCCGT ATTTACCTTC TTCTACCCAT    1200
AATTTAAATG ATATTGAAAG TGTATGCATG CCAGATGCAA TGATACCTTT    1250
AAATCTACTT TGTTCTGCTT TTTCTTTATC TATATGCATA TATTGAGGAT    1300
CAAAAGTTGT TGCAAATTGG ATAATTTCTT CTTCTGTAAT ATGAAGGCTT    1350
TTTGTTTTGA ATGTTTCTCC TACTATAAAA TCATCGTATT TCATATATGT    1400
CTCTCTTTCT TATTCAAATT AATTTTTTAG TATGTAACAT GTTAAAGGTA    1450
AGTCTACCGT CACTGAAACG TAAGACTCAC CTCTAACTTT CTATTGAGAC    1500
AAATGCACCA TTTTATCTGC ATTGTCTGTA AAGATACCAT CAACTCCCCA    1550
ATTAGCAAGT TGGTTTGCAC GTGCTGGTTT GTTTACAGTC CATACGTTCA    1600
ATTCATAACC CGCTTCTTTT ACCATTTTTA CTTTTGCTTT AGTAAGTTTG    1650
GCATCTTCAG TGTTTACTAT TTTAGCATTA CAGTAATCTA AAAGTGTTCT    1700
CCAGTCTTCA CGAAACGAAG TTGTATGGAA TATAACTGCT CTGTTATATT    1750
GTGGCATGAT TTCTTCTGCA AGTTTAACAA GCACAACATT AAAGCTTGAA    1800
ATGAGCACTT CTTGATTCTG ATTTAAGTTT GTTAATTGTT CTTCCACTTG    1850
CTTAACCA                                                 1858
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 192

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1861 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9589

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 192

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA      50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC     100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT     150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG     200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT     250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA     300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT     350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT     400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA     450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT     500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG     550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT     600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT     650
AAATAAAACA CATAAAGAAG ATATTTATAG ATCTTATGCA AACTTAATTG     700
GCAAATCCGG TACTGCAGAA CTCAAAATGA AACAAGGAGA AACTGGCAGA     750
CAAATTGGGT GGTTTATATC ATATGATAAA GATAATCCAA ACATGATGAT     800
GGCTATTAAT GTTAAAGATG TACAAGATAA AGGAATGGCT AGCTACAATG     850
CCAAAATCTC AGGTAAAGTG TATGATGAGC TATATGAGAA CGGTAATAAA     900
AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC GTAACGATGG     950
TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT TACTTCTCCC    1000
TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG ACACTGTAAC    1050
GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT TCAGCGATAA    1100
CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT AACGTTATTC    1150
ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT CTTCTACCCA    1200
TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA ATGATACCTT    1250
TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT ATATTGAGGA    1300
TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA TATGAAGGCT    1350
TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT TTCATATATG    1400
TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA TGTTAAAGGT    1450
AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT TCTATTGAGA    1500
CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA TCAACTCCCC    1550
AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT CCATACGTTC    1600
AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT TAGTAAGTTT    1650
GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT AAAAGTGTTC    1700
TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC TCTGTTATAT    1750
TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT TAAAGCTTGA    1800
AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT TCTTCCACTT    1850
GCTTAACCAT A                                             1861
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 193

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1861 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9681

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 193

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA      50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC     100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT     150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG     200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT     250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA     300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT     350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT     400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA     450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT     500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG     550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT     600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT     650
AAATAAAACA CATAAAGAAG ATATTTATAG ATCTTATGCA AACTTAATTG     700
GCAAATCCGG TACTGCAGAA CTCAAAATGA AACAAGGAGA AACTGGCAGA     750
CAAATTGGGT GGTTTATATC ATATGATAAA GATAATCCAA ACATGATGAT     800
GGCTATTAAT GTTAAAGATG TACAAGATAA AGGAATGGCT AGCTACAATG     850
CCAAAATCTC AGGTAAAGTG TATGATGAGC TATATGAGAA CGGTAATAAA     900
AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC GTAACGATGG     950
TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT TACTTCTCCC    1000
TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG ACACTGTAAC    1050
GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT TCAGCGATAA    1100
CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT AACGTTATTC    1150
ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT CTTCTACCCA    1200
TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA ATGATACCTT    1250
TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT ATATTGAGGA    1300
TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA TATGAAGGCT    1350
TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT TTCATATATG    1400
TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA TGTTAAAGGT    1450
AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT TCTATTGAGA    1500
CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA TCAACTCCCC    1550
AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT CCATACGTTC    1600
AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT TAGTAAGTTT    1650
GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT AAAAGTGTTC    1700
TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC TCTGTTATAT    1750
TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT TAAAGCTTGA    1800
AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT TCTTCCACTT    1850
GCTTAACCAT A                                             1861
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 194

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1052 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9772

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 194

```
CGGTAATAAA AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC      50
GTAACGATGG TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT     100
TACTTCTCCC TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG     150
ACACTGTAAC GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT     200
TCAGCGATAA CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT     250
AACGTTATTC ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT     300
CTTCTACCCA TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA     350
ATGATACCTT TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT     400
ATATTGAGGA TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA     450
TATGAAGGCT TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT     500
TTCATATATG TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA     550
TGTTAAAGGT AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT     600
TCTATTGAGA CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA     650
TCAACTCCCC AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT     700
CCATACGTTC AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT     750
TAGTAAGTTT GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT     800
AAAAGTGTTC TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC     850
TCTGTTATAT TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT     900
TAAAGCTTGA AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT     950
TCTTCCACTT GCTTAACCAT ACTTTTAGAA AGTGCTAGTC CATTCGGTCC    1000
AGTAATACCT TTTAATTCTA CATTTAAATT CATATTATAT TCATTTGCTA    1050
TT                                                       1052
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 195

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 3101 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9770

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 195

```
CTTCATATGA CGTCTATCCA TTTATGTATG GCATGAGTAA CGAAGAATAT      50
AATAAATTAA CCGAAGATAA AAAAGAACCT CTGCTCAACA AGTTCCAGAT     100
TACAACTTCA CCAGGTTCAA CTCAAAAAAT ATTAACAGCA ATGATTGGGT     150
TAAATAACAA AACATTAGAC GATAAAACAA GTTATAAAAT CGATGGTAAA     200
GGTTGGCAAA AAGATAAATC TTGGGGTGGT TACAACGTTA CAAGATATGA     250
AGTGGTAAAT GGTAATATCG ACTTAAAACA AGCAATAGAA TCATCAGATA     300
ACATTTTCTT TGCTAGAGTA GCACTCGAAT TAGGCAGTAA GAAATTTGAA     350
AAAGGCATGA AAAAACTAGG TGTTGGTGAA GATATACCAA GTGATTATCC     400
ATTTTATAAT GCTCAAATTT CAAACAAAAA TTTAGATAAT GAAATATTAT     450
TAGCTGATTC AGGTTACGGA CAAGGTGAAA TACTGATTAA CCCAGTACAG     500
ATCCTTTCAA TCTATAGCGC ATTAGAAAAT AATGGCAATA TTAACGCACC     550
TCACTTATTA AAAGACACGA AAAACAAAGT TTGGAAGAAA AATATTATTT     600
CCAAAGAAAA TATCAATCTA TTAACTGATG GTATGCAACA AGTCGTAAAT     650
AAAACACATA AAGAAGATAT TTATAGATCT TATGCAAACT TAATTGGCAA     700
ATCCGGTACT GCAGAACTCA AAATGAAACA AGGAGAAACT GGCAGACAAA     750
TTGGGTGGTT TATATCATAT GATAAAGATA ATCCAAACAT GATGATGGCT     800
ATTAATGTTA AAGATGTACA AGATAAAGGA ATGGCTAGCT ACAATGCCAA     850
AATCTCAGGT AAAGTGTATG ATGAGCTATA TGAGAACGGT AATAAAAAAT     900
```

```
ACGATATAGA TGAATAACAA AACAGTGAAG CAATCCGTAA CGATGGTTGC      950
TTCACTGTTT TATTATGAAT TATTAATAAG TGCTGTTACT TCTCCCTTAA     1000
ATACAATTTC TTCATTTTCA TTGTATGTTG AAAGTGACAC TGTAACGAGT     1050
CCATTTTCTT TTTTTATGGA TTTCTTATTT GTAATTTCAG CGATAACGTA     1100
CAATGTATTA CCTGGGTATA CAGGTTTAAT AAATTTAACG TTATTCATTT     1150
GTGTTCCTGC TACAACTTCT TCTCCGTATT TACCTTCTTC TACCCATAAT     1200
TTAAATGATA TTGAAAGTGT ATGCATGCCA GATGCAATGA TACCTTTAAA     1250
TCTACTTTGT TCTGCTTTTT CTTTATCTAT ATGCATATAT TGAGGATCAA     1300
AAGTTGTTGC AAATTGGATA ATTTCTTCTT CTGTAATATG AAGGCTTTTT     1350
GTTTTGAATG TTTCTCCTAC TATAAAATCA TCGTATTTCA TATATGTCTC     1400
TCTTTCTTAT TCAAATTAAT TTTTTAGTAT GTAACATGTT AAAGGTAAGT     1450
CTACCGTCAC TGAAACGTAA GACTCACCTC TAACTTTCTA TTGAGACAAA     1500
TGCACCATTT TATCTGCATT GTCTGTAAAG ATACCATCAA CTCCCCAATT     1550
AGCAAGTTGG TTTGCACGTG CTGGTTTGTT TACAGTCCAT ACGTTCAATT     1600
CATAACCCGC TTCTTTTACC ATTTTTACTT TTGCTTTAGT AAGTTTGGCA     1650
TCTTCAGTGT TTACTATTTT AGCATTACAG TAATCTAAAA GTGTTCTCCA     1700
GTCTTCACGA AACGAAGTTG TATGGAATAT AACTGCTCTG TTATATTGTG     1750
GCATGATTTC TTCTGCAAGT TTAACAAGCA CAACATTAAA GCTTGAAATG     1800
AGCACTTCTT GATTCTGATT TAAGTTTGTT AATTGTTCTT CCACTTGCTT     1850
AACCATACTT TTAGAAAGTG CTAGTCCATT CGGTCCAGTA ATACCTTTTA     1900
ATTCTACATT TAAATTCATA TTATATTCAT TTGCTATTTT TACTACATCA     1950
TCGAAAGTTG GCAAATGTTC ATCTTTGAAT TTTTCACCAA ACCAAGATCC     2000
TGCAGAAGCA TCTTTAATTT CATCATAATT CAATTCAGTT ATTTCCCCGG     2050
ACATATTTGT AGTCCGTTCT AAATAATCAT CATGAATGAT AATCAGTTGT     2100
TCATCTTTTG TAATTGCAAC ATCTAACTCC AACCAGTTTA TACCTTCTAC     2150
TTCTGAAGCA GCTTTAAATG ATGCAATTGT ATTTTCCGGA GCTTTACTAG     2200
GTAATCCTCT ATGTCCATAT ACAGTTAGCA TATTACCTCT CCTTGCATTT     2250
TTATTTTTTT AATTAACGTA ACTGTATTAT CACATTAATC GCACTTTTAT     2300
TTCCATTAAA AAGAGATGAA TATCATAAAT AAAGAAGTCG ATAGATTCGT     2350
ATTGATTATG GAGTTAATCT ACGTCTCATC TCATTTTTAA AAAATCATTT     2400
ATGTCCCAAG CTCCATTTTG TAATCAAGTC TAGTTTTTCG GTTCTGTTGC     2450
AAAGTTGAAT TTATAGTATA ATTTTAACAA AAAGGAGTCT TCTGTATGAA     2500
CTATTTCAGA TATAAACAAT TTAACAAGGA TGTTATCACT GTAGCCGTTG     2550
GCTACTATCT AAGATATACA TTGAGTTATC GTGATATATC TGAAATATTA     2600
AGGGAACGTG GTGTAAACGT TCATCATTCA ACGGTCTACC GTTGGGTTCA     2650
AGAATATGCC CCAATTTTGT ATCAAATTTG GAAGAAAAAG CATAAAAAAG     2700
CTTATTACAA ATGGCGTATT GATGAGACGT ACATCAAAAT AAAAGGAAAA     2750
TGGAGCTATT TATATCGTGC CATTGATGCA GAGGGACATA CATTAGATAT     2800
TTGGTTGCGT AAGCAACGAG ATAATCATTC AGCATATGCG TTTATCAAAC     2850
GTCTCATTAA ACAATTTGGT AAACCTCAAA AGGTAATTAC AGATCAGGCA     2900
CCTTCAACGA AGGTAGCAAT GGCTAAAGTA ATTAAAGCTT TTAAACTTAA     2950
ACCTGACTGT CATTGTACAT CGAAATATCT GAATAACCTC ATTGAGCAAG     3000
ATCACCGTCA TATTAAAGTA AGAAAGACAA GGTATCAAAG TATCAATACA     3050
GCAAAGAATA CTTTAAAAGG TATTGAATGT ATTTACGCTC TATATAAAAA     3100
G                                                         3101
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 196

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 3506 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9887

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 196

```
CCACCTTCAT ATGACGTCTA TCCATTTATG TATGGCATGA GTAACGAAGA      50
ATATAATAAA TTAACCGAAG ATAAAAAAGA ACCTCTGCTC AACAAGTTCC     100
AGATTACAAC TTCACCAGGT TCAACTCAAA AAATATTAAC AGCAATGATT     150
GGGTTAAATA ACAAAACATT AGACGATAAA ACAAGTTATA AAATCGATGG     200
TAAAGGTTGG CAAAAAGATA AATCTTGGGG TGGTTACAAC GTTACAAGAT     250
ATGAAGTGGT AAATGGTAAT ATCGACTTAA AACAAGCAAT AGAATCATCA     300
GATAACATTT TCTTTGCTAG AGTAGCACTC GAATTAGGCA GTAAGAAATT     350
TGAAAAAGGC ATGAAAAAAC TAGGTGTTGG TGAAGATATA CCAAGTGATT     400
ATCCATTTTA TAATGCTCAA ATTTCAAACA AAAATTTAGA TAATGAAATA     450
TTATTAGCTG ATTCAGGTTA CGGACAAGGT GAAATACTGA TTAACCCAGT     500
ACAGATCCTT TCAATCTATA GCGCATTAGA AAATAATGGC AATATTAACG     550
CACCTCACTT ATTAAAAGAC ACGAAAAACA AAGTTTGGAA GAAAAATATT     600
ATTTCCAAAG AAAATATCAA TCTATTAACT GATGGTATGC AACAAGTCGT     650
AAATAAAACA CATAAAGAAG ATATTTATAG ATCTTATGCA AACTTAATTG     700
GCAAATCCGG TACTGCAGAA CTCAAAATGA AACAAGGAGA AACTGGCAGA     750
CAAATTGGGT GGTTTATATC ATATGATAAA GATAATCCAA ACATGATGAT     800
GGCTATTAAT GTTAAAGATG TACAAGATAA AGGAATGGCT AGCTACAATG     850
CCAAAATCTC AGGTAAAGTG TATGATGAGC TATATGAGAA CGGTAATAAA     900
AAATACGATA TAGATGAATA ACAAAACAGT GAAGCAATCC GTAACGATGG     950
TTGCTTCACT GTTTTATTAT GAATTATTAA TAAGTGCTGT TACTTCTCCC    1000
TTAAATACAA TTTCTTCATT TTCATTGTAT GTTGAAAGTG ACACTGTAAC    1050
GAGTCCATTT TCTTTTTTTA TGGATTTCTT ATTTGTAATT TCAGCGATAA    1100
CGTACAATGT ATTACCTGGG TATACAGGTT TAATAAATTT AACGTTATTC    1150
ATTTGTGTTC CTGCTACAAC TTCTTCTCCG TATTTACCTT CTTCTACCCA    1200
TAATTTAAAT GATATTGAAA GTGTATGCAT GCCAGATGCA ATGATACCTT    1250
TAAATCTACT TTGTTCTGCT TTTTCTTTAT CTATATGCAT ATATTGAGGA    1300
TCAAAAGTTG TTGCAAATTG GATAATTTCT TCTTCTGTAA TATGAAGGCT    1350
TTTTGTTTTG AATGTTTCTC CTACTATAAA ATCATCGTAT TTCATATATG    1400
TCTCTCTTTC TTATTCAAAT TAATTTTTTA GTATGTAACA TGTTAAAGGT    1450
AAGTCTACCG TCACTGAAAC GTAAGACTCA CCTCTAACTT TCTATTGAGA    1500
CAAATGCACC ATTTTATCTG CATTGTCTGT AAAGATACCA TCAACTCCCC    1550
AATTAGCAAG TTGGTTTGCA CGTGCTGGTT TGTTTACAGT CCATACGTTC    1600
AATTCATAAC CCGCTTCTTT TACCATTTTT ACTTTTGCTT TAGTAAGTTT    1650
GGCATCTTCA GTGTTTACTA TTTTAGCATT ACAGTAATCT AAAAGTGTTC    1700
TCCAGTCTTC ACGAAACGAA GTTGTATGGA ATATAACTGC TCTGTTATAT    1750
TGTGGCATGA TTTCTTCTGC AAGTTTAACA AGCACAACAT TAAAGCTTGA    1800
AATGAGCACT TCTTGATTCT GATTTAAGTT TGTTAATTGT TCTTCCACTT    1850
GCTTAACCAT ACTTTTAGAA AGTGCTAGTC CATTCGGTCC AGTAATACCT    1900
TTTAATTCTA CATTTAAATT CATATTATAT TCATTTGCTA TTTTTACTAC    1950
ATCATCGAAA GTTGGCAAAT GTTCATCTTT GAATTTTTCA CCAAACCAAG    2000
ATCCTGCAGA AGCATCTTTA ATTTCATCAT AATTCAATTC AGTTATTTCC    2050
CCGGACATAT TTGTAGTCCG TTCTAAATAA TCATCATGAA TGATAATCAG    2100
TTGTTCATCT TTTGTAATTG CAACATCTAA CTCCAACCAG TTTATACCTT    2150
CTACTTCTGA AGCAGCTTTA AATGATGCAA TTGTATTTTC CGGAGCTTTA    2200
CTAGGTAATC CTCTATGTCC ATATACAGTT AGCATATTAC CTCTCCTTGC    2250
ATTTTTATTT TTTTAATTAA CGTAACTGTA TTATCACATT AATCGCACTT    2300
TTATTTCCAT TAAAAAGAGA TGAATATCAT AAATAAAGAA GTCGATAGAT    2350
TCGTATTGAT TATGGAGTTA ATCTACGTCT CATCTCATTT TTAAAAAATC    2400
ATTTATGTCC CAAGCTCCAT TTTGTAATCA AGTCTAGTTT TTCTGTACCC    2450
CTTATCTGCA ATTTTACTTA GGATTGCTTT TAACTTACCC CTTATCAGCA    2500
ATTTTACTGA GAACTGCTTT TAACGCACCT CTTATCTGCA ATTTTGCCTA    2550
GAACTGCTTT TAACGTACCT CTTATCTGCA ATTTTACTGA GAACTGCTTT    2600
TAACTTACCC CTTATCAGCA ATTTTGCATG GAATTGCTTT TAACGTACCT    2650
CTTATCTGCA ATTTTACTTA GAACTGCTTT TAACAAACCT CTTATCTGCA    2700
ATTTTACTTA GAACTGCTTT TAACGTACCT CTTATCTGTA ATTTTACTGA    2750
GAACTGCTTT TAACAAACCT CTTATCTGCA ATTTTACTTA GAACTGCTTT    2800
TAACAAACCT CTTATCTGCA ATTTTACTTA GAATTGCTTT TACTATTCCT    2850
CTTATTAGTA TAATCTCAGT AAGAATGCGT ATAAAAATGA AAATTACAAC    2900
CGATTTTGTA AGTGCTGACG CCTGAGGGAA TAGTATGTGC GAGAGACTAA    2950
TGGCTCGAGC CATACCCCTA GGCAAGCATG CACGTACAAA ATCGTAAGAT    3000
AAAAAAATAA GCATATCACT GTAAACTTTA AAAAATCAGT TTAGTGATAT    3050
GCTTATTTAT TTCGAGTTAG GATTTATGTC CCAAGCTCAT CAAGCACAAT    3100
CGGCCACTAG TTTATTTCTC TATCTTATAT GTTCTGATAT GGTCTTCTAT    3150
ACTGTATAAG TATACTTTTG AATATGGATC TTGTGTCAAT TCACGTTCGA    3200
AATCAAATTC TTGATTATCA AATCTGTTAA AGAATGTTTC GTATTCTTCG    3250
ACTGATAATT GCTCTCTAGA TTCTAGCATA TTTAAGTGTT TCTCTTTATC    3300
TAATGCTTTG TCATATCCTT TAACGATTGA ACCACTAAAG ATTTCTCCTA    3350
CTGCTCCTGA ACCATAACTA AATAGACATA CTTTCTCTTC TGGTTGGAAT    3400
GTGTGGTTCT GTAATAACGA AATTAAACTT AAGTATAATG ATCCTGTATA    3450
AATGTTACCA ACATCTCTAT TCCATAATAC GGTTCTGTTG CAAAGTTGAA    3500
TTTATA                                                   3506
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 197

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 928 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-175

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 197

```
TACATTAGAA ATACAAGGAA AGATGCTATC TTCCGAAGGA TTGGCCCAAG      50
AATTGAACCA ACGCATGACC CAAGGGCAAA GCGACTTTGT ATTCGTCATT     100
GGCGGATCAA ACGGCCTGCA CAAGGACGTC TTACAACGCA GTAACTACGC     150
ACTATCATTC AGCAAAATGA CATTCCCACA TCAAATGATG CGGGTTGTGT     200
TAATTGAACA AGTGTACAGA GCATTTAAGA TTATGCGTGG AGAAGCATAT     250
CATAAATGAT GCGGTTTTTT CAGCCGCTTC ATAAAGGGAT TTTGAATGTA     300
TCAGAACATA TGAGGTTTAT GTGAATTGCT GTTATGTTTT TAAGAAGCTT     350
ATCATAAGTA ATGAGGTTCA TGATTTTTGA CATAGTTAGC CTCCGCAGTC     400
TTTCATTTCA AGTAAATAAT AGCGAAATAT TCTTTATACT GAATACTTAT     450
AGTGAAGCAA AGTTCTAGCT TTGAGAAAAT TCTTTCTGCA ACTAAATATA     500
GTAAATTACG GTAAAATATA AATAAGTACA TATTGAAGAA AATGAGACAT     550
AATATATTTT ATAATAGGAG GGAATTTCAA ATGATAGACA ACTTTATGCA     600
GGTCCTTAAA TTAATTAAAG AGAAACGTAC CAATAATGTA GTTAAAAAAT     650
CTGATTGGGA TAAAGGTGAT CTATATAAAA CTTTAGTCCA TGATAAGTTA     700
CCCAAGCAGT TAAAAGTGCA TATAAAAGAA GATAAATATT CAGTTGTAGG     750
GAAGGTTGCT ACTGGGAACT ATAGTAAAGT TCCTTGGATT TCAATATATG     800
ATGAGAATAT AACAAAAGAA ACAAAGGATG GATATTATTT GGTATATCTT     850
TTTCATCCGG AAGGAGAAGG CATATACTTA TCTTTGAATC AAGGATGGTC     900
AAAGATAAGT GATATGTTTC CGCGGGAT                             928
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 198

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 782 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1262

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 198

```
CAATGCCCAC AGAGTTATCC ACAAATACAC AGGTTATACA CTAAAAATTG      50
GGCATGAATG TCAGAAAAAT ATCAAAAACT GCAAAGAATA TTGGTATAAT     100
AAGAGGGAAC AGTGTGAACA AGTTAATAAC TTGTGGATAA CTGGAAAGTT     150
GATAACAATT TGGAGGACCA AACGACATGA AAATCACCAT TTTAGCTGTA     200
GGGAAACTAA AAGAGAAATA TTGGAAGCAA GCCATAGCAG AATATGAAAA     250
ACGTTTAGGC CCATACACCA AGATAGACAT CATAGAAGTT CCAGACGAAA     300
AAGCACCAGA AAATATGAGC GACAAAGAAA TTGAGCAAGT AAAAGAAAAA     350
GAAGGCCAAC GAATACTAGC CAAAATCAAA CCACAATCAA CAGTCATTAC     400
ATTAGAAATA CAAGGAAAGA TGCTATCTTC CGAAGGATTG GCCCAAGAAT     450
TGAACCAACG CATGACCCAA GGGCAAAGCG ACTTTGTATT CGTCATTGGC     500
GGATCAAACG GCCTGCACAA GGACGTCTTA CAACGCAGTA ACTACGCACT     550
ATCATTCAGC AAAATGACAT TCCCACATCA AATGATGCGG GTTGTGTTAA     600
TTGAACAAGT GTACAGAGCA TTTAAGATTA TGCGTGGAGA AGCGTATCAT     650
AAATAAAACT AAAAATTAGG TTGTGTATAA TTTAAAAATT TAATGAGATG     700
TGGAGGAATT ACATATATGA AATATTGGAT TATACCTTGC AATATCATAC     750
GATGTTTATA GAGTGTTTAA TAAACCATTT TT                        782
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 199

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 709 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-8894

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 199

```
TACATTAGAA ATACAAGGAA AGATGCTATC TTCCGAAGGA TTGGCCCAAG      50
AATTGAACCA ACGCATGACC CAAGGGCAAA GCGACTTTGT TTTCGTCATT     100
GGCGGATCAA ACGGCCTGCA CAAGGACGTC TTACAACGCA GTAACTACGC     150
ACTATCATTC AGCAAAATGA CATTCCCACA TCAAATGATG CGGGTTGTGT     200
TAATTGAACA AGTGTACAGA GCATTTAAGA TTATGCGAGG AGAAGCTTAT     250
CATAAGTAAT GAGGTTCATG ATTTTTGACA TAGTTAGCCT CCGCAGTCTT     300
TCATTTCAAG TAAATAATAG CGAAATATTC TTTATACTGA ATACTTATAG     350
TGAAGCAAAG TTCTAGCTTT GAGAAAATTC TTTCTGCAAC TAAATATAGT     400
AAATTACGGT AAAATATAAA TAAGTACATA TTGAAGAAAA TGAGACATAA     450
TATATTTTAT AATAGGAGGG AATTTCAAAT GATAGACAAC TTTATGCAGG     500
TCCTTAAATT AATTAAAGAG AAACGTACCA ATAATGTAGT TAAAAAATCT     550
GATTGGGATA AAGGTGATCT ATATAAAACT TTAGTCCATG ATAAGTTACC     600
CAAGCAGTTA AAAGTGCATA TAAAAGAAGA TAAATATTCA GTTGTAGGGA     650
AGGTTGCTAC TGGGAACTAT AGTAAAGTTC CTTGGATTTC AATATATGAT     700
GAGAATATA                                                 709
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 200

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 200

GTGGGAAATG GCTGTTGTTG AG 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 201

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 22 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 201

TTCGTTCCCT CCATTAACTG TC 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 202

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 20 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 202

AAAAGAAAGA CGGTGAAGGC 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 203

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 25 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 203

CACTTCATTA TACTGTTTTC TTTGC 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 204

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 22 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 204

TCACCGTCTT TCTTTTGACC TT 22

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 205

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
(A) LONGITUD: 25 bases
(B) TIPO: Ácido nucleico
(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 205

TGAGATCTGC TGGAACAAAA GTGAA 25

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 206

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 20 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 206

CGGTCGAGTT TGCTGAAGAA 20

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 207

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 26 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 207

TCCCCTAATG ATAGCTGGTA TATATT 26

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 208

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 27 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 208

TCTAGGGAAT CAAAGAAAAG TAATAGT 27

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 209

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
- (A) LONGITUD: 32 bases
- (B) TIPO: Ácido nucleico
- (C) TIPO FILAMENTO: Sencillo
- (D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 209

CAACAARGRC AATGTGAYRT ATTATGYTGT TA 32

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 210

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 210

GATAAYATWG GMGAACAAGT CARAAATGG 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 211

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 35 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 211

CCRTATTGAT TGWTRACACG RCCACARTAA TTWGG 35

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 212

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 32 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 212

ATRTTSARTG GTTCATTTTT GAAATAGATI CC 32

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 213

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 32 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 213

ACGTGTCGGT ATCTATGTWC GTGTATCAAC RG 32

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 214

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 30 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 214

TGTTATGRTC TACAAAACAA ACCGAYTAGC 30

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 215

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 34 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 215

GAWTAATAAT RGGGGAATGC TTACCTTCAG CTAT 34

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 216

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 26 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 216

GGTTTTTGAC TGACTTGTTT TTTACG 26

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 217

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 29 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 217

TAGAAYTGTT TTTTATGATT ACCRTCTTT 29

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 218

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 26 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Sencillo

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 218

GGCAAAAAYA AAGACGAAGT GCTGAG 26

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 219

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 721 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9504

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 219

```
TGTAGCTTTA GGTGAAGGGT TAGGTCCTTC AATAGGGGGA ATAATAGCAC      50
ATTATATTCA TTGGTCTTAC CTACTTATAC TTCCTATGAT TACAATAGTA     100
ACTATACCTT TTCTTATTAA AGTAATGGTA CCTGGTAAAT CAACAAAAAA     150
TACATTAGAT ATCGTAGGTA TTGTTTTAAT GTCTATAAGT ATTATATGTT     200
TTATGTTATT TACGACAAAT TATAATTGGA CTTTTTTAAT ACTCTTCACA     250
ATCTTTTTTG TGATTTTTAT TAAACATATT TCAAGAGTTT CTAACCCTTT     300
TATTAATCCT AAACTAGGGA AAAACATTCC GTTTATGCTT GGTTTGTTTT     350
CTGGTGGGCT AATATTTTCT ATAGTAGCTG GTTTTATATC AATGGTGCCT     400
TATATGATGA AAACTATTTA TCATGTAAAT GTAGCGACAA TAGGTAATAG     450
TGTTATTTTT CCTGGAACCA TGAGTGTTAT TGTTTTTGGT TATTTTGGTG     500
GTTTTTTAGT GGATAGAAAA GGATCATTAT TTGTTTTTAT TTTAGGATCA     550
TTGTCTATCT CTATAAGTTT TTTAACTATT GCATTTTTTG TTGAGTTTAG     600
TATGTGGTTG ACTACTTTTA TGTTTATATT TGTTATGGGC GGATTATCTT     650
TTACTAAAAC AGTTATATCA AAAATAGTAT CAAGTAGTCT TTCTGAAGAA     700
GAAGTTGCTT CTGGAAGAGT T                                    721
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 220

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1791 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1331

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 220

```
ATCCGGTACT GCAGAACTCA AAATGAAACA AGGAGAAACT GGCAGACAAA      50
TTGGGTGGTT TATATCATAT GATAAAGATA ATCCAAACAT GATGATGGCT     100
ATTAATGTTA AAGATGTACA AGATAAAGGA ATGGCTAGCT ACAATGCCAA     150
AATCTCAGGT AAAGTGTATG ATGAGCTATA TGAGAACGGT AATAAAAAAT     200
ACGATATAGA TGAATAACAA AACAGTGAAG CAATCCGTAA CGATGGTTGC     250
TTCACTGTTT TATTATGAAT TATTAATAAG TGCTGTTACT TCTCCCTTAA     300
ATACAATTTC TTCATTTTCA TTGTATGTTG AAAGTGACAC TGTAACGAGT     350
CCATTTTCTT TTTTTATGGA TTTCTTATTT GTAATTTCAG CGATAACGTA     400
CAATGTATTA CCTGGGTATA CAGGTTTAAT AAATTTAACG TTATTCATTT     450
GTGTTCCTGC TACAACTTCT TCTCCGTATT TACCTTCTTC TACCCATAAT     500
TTAAATGATA TTGAAAGTGT ATGCATGCCA GATGCAATGA TACCTTTAAA     550
TCTACTTTGT TCTGCTTTTT CTTTATCTAT ATGCATATAT TGAGGATCAA     600
AAGTTGTTGC AAATTGGATA ATTTCTTCTT CTGTAATATG AAGGCTTTTT     650
GTTTTGAATG TTTCTCCTAC TATAAAATCA TCGTATTTCA TATATGTCTC     700
TCTTTCTTAT TCAAATTAAT TTTTTAGTAT GTAACATGTT AAAGGTAAGT     750
CTACCGTCAC TGAAACGTAA GACTCACCTC TAACTTTCTA TTGAGACAAA     800
TGCACCATTT TATCTGCATT GTCTGTAAAG ATACCATCAA CTCCCCAATT     850
AGCAAGTTGG TTTGCACGTG CTGGTTTGTT TACAGTCCAT ACGTTCAATT     900
CATAACCCGC TTCTTTTACC ATTTTTACTT TTGCTTTAGT AAGTTTGGCA     950
TCTTCAGTGT TTACTATTTT AGCATTACAG TAATCTAAAA GTGTTCTCCA    1000
GTCTTCACGA AACGAAGTTG TATGGAATAT AACTGCTCTG TTATATTGTG    1050
GCATGATTTC TTCTGCAAGT TTAACAAGCA CAACATTAAA GCTTGAAATG    1100
AGCACTTCTT GATTCTGATT TAAGTTTGTT AATTGTTCTT CCACTTGCTT    1150
AACCATACTT TTAGAAAGTG CTAGTCCATT CGGTCCAGTA ATACCTTTTA    1200
ATTCTACATT TAAATTCATA TTATATTCAT TTGCTATTTT TACTACATCA    1250
TCGAAAGTTG GCAAATGTTC ATCTTTGAAT TTTTCACCAA ACCAAGATCC    1300
TGCAGAAGCA TCTTTAATTT CATCATAATT CAATTCAGTT ATTTCCCCGG    1350
ACATATTTGT AGTCCGTTCT AAATAATCAT CATGAATGAT AATCAGTTGT    1400
TCATCTTTTG TAATTGCAAC ATCTAACTCC AACCAGTTTA TACCTTCTAC    1450
TTCTGAAGCA GCTTTAAATG ATGCAATTGT ATTTTCCGGA GCTTTACTAG    1500
GTAATCCTCT ATGTCCATAT ACAGTTAGCA TATTACCTCT CCTTGCATTT    1550
TTATTTTTTT AATTAACGTA ACTGTATTAT CACATTAATC GCACTTTTAT    1600
TTCCATTAAA AAGAGATGAA TATCATAAAT AAAGAAGTCG ATAGATTCGT    1650
ATTGATTATG GAGTTAATCT ACGTCTCATC TCATTTTTAA AAAATCATTT    1700
ATGTCCCAAG CTCCATTTTG TAATCAAGTC TAGTTTTTCT GTACCCCTTA    1750
TCTGCAATTT TACTTAGGAT TGCTTTTAAC TTACCCCTTA T             1791
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 221

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 600 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-1377

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 221

```
AAGTGCTGAC GCCTGAGGGA ATAGTATGTG CGAGAGACTA ATGGCTCGAG        50
CCATACCCCT AGGCAAGCAT GCACGTACAA AATCGTAAGA TAAAAAAATA       100
AGCATATCAC TGTAAACTTT AAAAAATCAG TTTAGTGATA TGCTTATTTA       150
TTTCGAGTTA GGATTTATGT CCCAAGCTCA TCAAGCACAA TCGGCCACTA       200
GTTTATTTCT CTATCTTATA TGTTCTGATA TGGTCTTCTA TACTGTATAA       250
GTATACTTTT GAATATGGAT CTTGTGTCAA TTCACGTTCG AAATCAAATT       300
CTTGATTATC AAATCTGTTA AAGAATGTTT CGTATTCTTC GACTGATAAT       350
TGCTCTCTAG ATTCTAGCAT ATTTAAGTGT TTCTCTTTAT CTAATGCTTT       400
GTCATATCCT TTAACGATTG AACCACTAAA GATTTCTCCT ACTGCTCCTG       450
AACCATAACT AAATAGACAT ACTTTCTCTT CTGGTTGGAA TGTGTGGTTC       500
TGTAATAACG AAATTAAACT TAAGTATAAT GATCCTGTAT AAATGTTACC       550
AACATCTCTA TTCCATAATA CGGTTCTGTT GCAAAGTTGA ATTTATAGTA       600
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 222

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1640 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-2025

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 222

```
GGGTGGTTTA TATCATATGA TAAAGATAAT CCAAACATGA TGATGGCTAT        50
TAATGTTAAA GATGTACAAG ATAAAGGAAT GGCTAGCTAC AATGCCAAAA       100
TCTCAGGTAA AGTGTATGAT GAGCTATATG AGAACGGTAA TAAAAAATAC       150
GATATAGATG AATAACAAAA CAGTGAAGCA ATCCGTAACG ATGGTTGCTT       200
CACTGTTTTA TTATGAATTA TTAATAAGTG CTGTTACTTC TCCCTTAAAT       250
ACAATTTCTT CATTTTCATT GTATGTTGAA AGTGACACTG TAACGAGTCC       300
ATTTTCTTTT TTTATGGATT TCTTATTTGT AATTTCAGCG ATAACGTACA       350
ATGTATTACC TGGGTATACA GGTTTAATAA ATTTAACGTT ATTCATTTGT       400
GTTCCTGCTA CAACTTCTTC TCCGTATTTA CCTTCTTCTA CCCATAATTT       450
AAATGATATT GAAAGTGTAT GCATGCCAGA TGCAATGATA CCTTTAAATC       500
TACTTTGTTC TGCTTTTTCT TTATCTATAT GCATATATTG AGGATCAAAA       550
GTTGTTGCAA ATTGGATAAT TTCTTCTTCT GTAATATGAA GGCTTTTTGT       600
TTTGAATGTT TCTCCTACTA TAAAATCATC GTATTTCATA TATGTCTCTC       650
TTTCTTATTC AAATTAATTT TTTAGTATGT AACATGTTAA AGGTAAGTCT       700
ACCGTCACTG AAACGTAAGA CTCACCTCTA ACTTTCTATT GAGACAAATG       750
CACCATTTTA TCTGCATTGT CTGTAAAGAT ACCATCAACT CCCCAATTAG       800
CAAGTTGGTT TGCACGTGCT GGTTTGTTTA CAGTCCATAC GTTCAATTCA       850
TAACCCGCTT CTTTTACCAT TTTTACTTTT GCTTTAGTAA GTTTGGCATC       900
TTCAGTGTTT ACTATTTTAG CATTACAGTA ATCTAAAAGT GTTCTCCAGT       950
CTTCACGAAA CGAAGTTGTA TGGAATATAA CTGCTCTGTT ATATTGTGGC      1000
ATGATTTCTT CTGCAAGTTT AACAAGCACA ACATTAAAGC TTGAAATGAG      1050
CACTTCTTGA TTCTGATTTA AGTTTGTTAA TTGTTCTTCC ACTTGCTTAA      1100
CCATACTTTT AGAAAGTGCT AGTCCATTCG GTCCAGTAAT ACCTTTTAAT      1150
TCTACATTTA AATTCATATT ATATTCATTT GCTATTTTTA CTACATCATC      1200
GAAAGTTGGC AAATGTTCAT CTTTGAATTT TTCACCAAAC CAAGATCCTG      1250
CAGAAGCATC TTTAATTTCA TCATAATTCA ATTCAGTTAT TTCCCCGGAC      1300
ATATTTGTAG TCCGTTCTAA ATAATCATCA TGAATGATAA TCAGTTGTTC      1350
ATCTTTTGTA ATTGCAACAT CTAACTCCAA CCAGTTTATA CCTTCTACTT      1400
CTGAAGCAGC TTTAAATGAT GCAATTGTAT TTTCCGGAGC TTTACTAGGT      1450
AATCCTCTAT GTCCATATAC AGTTAGCATA TTACCTCTCC TTGCATTTTT      1500
ATTTTTTTAA TTAACGTAAC TGTATTATCA CATTAATCGC ACTTTTATTT      1550
CCATTAAAAA GAGATGAATA TCATAAATAA AGAAGTCGAT AGATTCGTAT      1600
TGATTATGGA GTTAATCTAC GTCTCATCTC ATTTTTAAAA                 1640
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 223

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 592 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-2025

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 223

```
AATTCAACTT TGCAACAGAA CCGTATTATG GAATAGAGAT GTTGGTAACA        50
TTTATACAGG ATCATTATAC TTAAGTTTAA TTTCGTTATT ACAGAACCAC       100
ACATTCCAAC CAGAAGAGAA AGTATGTCTA TTTAGTTATG GTTCAGGAGC       150
AGTAGGAGAA ATCTTTAGTG GTTCAATCGT TAAAGGATAT GACAAAGCAT       200
TAGATAAAGA GAAACACTTA AATATGCTAG AATCTAGAGA GCAATTATCA       250
GTCGAAGAAT ACGAAACATT CTTTAACAGA TTTGATAATC AAGAATTTGA       300
TTTCGAACGT GAATTGACAC AAGATCCATA TTCAAAAGTA TACTTATACA       350
GTATAGAAGA CCATATCAGA ACATATAAGA TAGAGAAATA AACTAGTGGC       400
CGATTGTGCT TGATGAGCTT GGGACATAAA TCCTAACTCG AAATAAATAA       450
GCATATCACT AAACTGATTT TTTAAAGTTT ACAGTGATAT GCTTATTTTT       500
TTATCTTACG ATTTTGTACG TGCATGCTTG CCTAGGGGTA TGGCTCGAGC       550
CATTAGTCTC TCGCACATAC TATTCCCTCA GGCGTCAGCA CT              592
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 224

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2386 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9860

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 224

```
CACCTTCATA TGACGTCTAT CCATTTATGT ATGGCATGAG TAACGAAGAA      50
TATAATAAAT TAACCGAAGA TAAAAAAGAA CCTCTGCTCA ACAAGTTCCA     100
GATTACAACT TCACCAGGTT CAACTCAAAA AATATTAACA GCAATGATTG     150
GGTTAAATAA CAAAACATTA GACGATAAAA CAAGTTATAA AATCGATGGT     200
AAAGGTTGGC AAAAAGATAA ATCTTGGGGT GGTTACAACG TTACAAGATA     250
TGAAGTGGTA AATGGTAATA TCGACTTAAA ACAAGCAATA GAATCATCAG     300
ATAACATTTT CTTTGCTAGA GTAGCACTCG AATTAGGCAG TAAGAAATTT     350
GAAAAAGGCA TGAAAAAACT AGGTGTTGGT GAAGATATAC CAAGTGATTA     400
TCCATTTTAT AATGCTCAAA TTTCAAACAA AAATTTAGAT AATGAAATAT     450
TATTAGCTGA TTCAGGTTAC GGACAAGGTG AAATACTGAT TAACCCAGTA     500
CAGATCCTTT CAATCTATAG CGCATTAGAA AATAATGGCA ATATTAACGC     550
ACCTCACTTA TTAAAAGACA CGAAAAACAA AGTTTGGAAG AAAAATATTA     600
TTTCCAAAGA AAATATCAAT CTATTAACTG ATGGTATGCA ACAAGTCGTA     650
AATAAAACAC ATAAAGAAGA TATTTATAGA TCTTATGCAA ACTTAATTGG     700
CAAATCCGGT ACTGCAGAAC TCAAAATGAA ACAAGGAGAA ACTGGCAGAC     750
AAATTGGGTG GTTTATATCA TATGATAAAG ATAATCCAAA CATGATGATG     800
GCTATTAATG TTAAAGATGT ACAAGATAAA GGAATGGCTA GCTACAATGC     850
CAAAATCTCA GGTAAAGTGT ATGATGAGCT ATATGAGAAC GGTAATAAAA     900
AATACGATAT AGATGAATAA CAAAACAGTG AAGCAATCCG TAACGATGGT     950
TGCTTCACTG TTTTATTATG AATTATTAAT AAGTGCTGTT ACTTCTCCCT    1000
TAAATACAAT TTCTTCATTT TCATTGTATG TTGAAAGTGA CACTGTAACG    1050
AGTCCATTTT CTTTTTTTAT GGATTTCTTA TTTGTAATTT CAGCGATAAC    1100
GTACAATGTA TTACCTGGGT ATACAGGTTT AATAAATTTA ACGTTATTCA    1150
TTTGTGTTCC TGCTACAACT TCTTCTCCGT ATTTACCTTC TTCTACCCAT    1200
AATTTAAATG ATATTGAAAG TGTATGCATG CCAGATGCAA TGATACCTTT    1250
AAATCTACTT TGTTCTGCTT TTTCTTTATC TATATGCATA TATTGAGGAT    1300
CAAAAGTTGT TGCAAATTGG ATAATTTCTT CTTCTGTAAT ATGAAGGCTT    1350
TTTGTTTTGA ATGTTTCTCC TACTATAAAA TCATCGTATT TCATATATGT    1400
CTCTCTTTCT TATTCAAATT AATTTTTTAG TATGTAACAT GTTAAAGGTA    1450
AGTCTACCGT CACTGAAACG TAAGACTCAC CTCTAACTTT CTATTGAGAC    1500
AAATGCACCA TTTTATCTGC ATTGTCTGTA AAGATACCAT CAACTCCCCA    1550
ATTAGCAAGT TGGTTTGCAC GTGCTGGTTT GTTTACAGTC CATACGTTCA    1600
ATTCATAACC CGCTTCTTTT ACCATTTTTA CTTTTGCTTT AGTAAGTTTG    1650
GCATCTTCAG TGTTTACTAT TTTAGCATTA CAGTAATCTA AAAGTGTTCT    1700
CCAGTCTTCA CGAAACGAAG TTGTATGGAA TATAACTGCT CTGTTATATT    1750
GTGGCATGAT TTCTTCTGCA AGTTTAACAA GCACAACATT AAAGCTTGAA    1800
ATGAGCACTT CTTGATTCTG ATTTAAGTTT GTTAATTGTT CTTCCACTTG    1850
CTTAACCATA CTTTTAGAAA GTGCTAGTCC ATTCGGTCCA GTAATACCTT    1900
TTAATTCTAC ATTTAAATTC ATATTATATT CATTTGCTAT TTTTACTACA    1950
TCATCGAAAG TTGGCAAATG TTCATCTTTG AATTTTTCAC CAAACCAAGA    2000
TCCTGCAGAA GCATCTTTAA TTTCATCATA ATTCAATTCA GTTATTTCCC    2050
CGGACATATT TGTAGTCCGT TCTAAATAAT CATCATGAAT GATAATCAGT    2100
TGTTCATCTT TTGTAATTGC AACATCTAAC TCCAACCAGT TTATACCTTC    2150
TACTTCTGAA GCAGCTTTAA ATGATGCAAT TGTATTTTCC GGAGCTTTAC    2200
TAGGTAATCC TCTATGTCCA TATACAGTTA GCATATTACC TCTCCTTGCA    2250
TTTTTATTTT TTTAATTAAC GTAACTGTAT TATCACATTA ATCGCACTTT    2300
TATTTCCATT AAAAAGAGAT GAATATCATA AATAAAGAAG TCGATAGATT    2350
CGTATTGATT ATGGAGTTAA TCTACGTCTC ATCTCA                   2386
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 225

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 623 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9860

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 225

```
TGAAAATTAC AACCGATTTT GTAAGTGCTG ACGCCTGAGG GAATAGTATG        50
TGCGAGAGAC TAATGGCTCG AGCCATACCC CTAGGCAAGC ATGCACGTAC       100
AAAATCGTAA GATAAAAAAA TAAGCATATC ACTGTAAACT TTAAAAAATC       150
AGTTTAGTGA TATGCTTATT TATTTCGAGT TAGGATTTAT GTCCCAAGCT       200
CATCAAGCAC AATCGGCCAC TAGTTTATTT CTCTATCTTA TATGTTCTGA       250
TATGGTCTTC TATACTGTAT AAGTATACTT TTGAATATGG ATCTTGTGTC       300
AATTCACGTT CGAAATCAAA TTCTTGATTA TCAAATCTGT TAAAGAATGT       350
TTCGTATTCT TCGACTGATA ATTGCTCTCT AGATTCTAGC ATATTTAAGT       400
GTTTCTCTTT ATCTAATGCT TTGTCATATC CTTTAACGAT TGAACCACTA       450
AAGATTTCTC CTACTGCTCC TGAACCATAA CTAAATAGAC ATACTTTCTC       500
TTCTGGTTGG AATGTGTGGT TCTGTAATAA CGAAATTAAA CTTAAGTATA       550
ATGATCCTGT ATAAATGTTA CCAACATCTC TATTCCATAA TACGGTTCTG       600
TTGCAAAGTT GAATTTATAG TAT                                   623
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 226

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 651 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de L29436

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 226

```
ATGAAAAATA TTTCAGAATT CTCAGCCCAA CTTGATCAAA CTTTTGATCA        50
AGGGGAAGCC GTCTCTATGG AGTGGTTATT CCGTCCGTTG CTAAAAATGC       100
TGGCGGAGGG CGATCCAGTC CCCGTTGAGG ACATCGCGGC GGAGACCGGG       150
AAGCCCGTCG AGGAAGTTAA GCAAGTCCTA CAGACTCTAC CTAGTGTGGA       200
ACTTGATGAG CAGGGCCGTG TCGTCGGTTA TGGCCTCACA CTGTTCCCTA       250
CCCCCCATCG CTTCGAGGTT GATGGGAAGC AACTATATGC ATGGTGCGCC       300
CTTGACACAC TTATGTTCCC AGCACTCATC GGCCGGACGG TCCACATCGC       350
TTCGCCTTGT CACGGCACCG GTAAGTCCGT CCGGTTGACG GTGGAACCGG       400
ACCGCGTTGT AAGCGTCGAG CCTTCAACAG CCGTTGTCTC GATTGTTACA       450
CCAGATGAAA TGGCCTCGGT TCGGTCGGCC TTCTGTAACG ACGTTCACTT       500
TTTCAGTTCA CCGAGTGCAG CCCAAGACTG GCTTAACCAA CACCCTGAGT       550
CGAGCGTTTT GCCCGTTGAA GATGCCTTTG AACTGGGTCG CCATTTGGGA       600
GCGCGTTATG AGGAGTCAGG ACCTACTAAT GGGTCCTGTT GTAACATTTA       650
A                                                           651
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 227

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 563 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de L29436

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 227

```
ATGAATCTTG AAAAAGGGAA TATAGAAAGG AAAAAACATG GTGTCCATGT        50
TAATGAGTAT TTGCAAAGTG TAAGTAACCC GAATGTCTAT GCAGCTGGAG       100
ATGCTGCAGC AACGGATGGC TTGCCCCTCA CACCTGTAGC CAGTGCAGAT       150
TCTCATGTCG TAGCATCTAA TTTATTGAAA GGGAACAGCA AAAAAATTGA       200
ATATCCCGTG ATTCCATCTG CTGTATTTAC CGTACCTAAA ATGGCATCGG       250
TAGGTATGAG CGAGGAGGAA GCCAAAAACT CTGGCCGGAA TATTAAAGTA       300
AAGCAGAAAA ACATCTCCGA CTGGTTTACG TATAAACGGA CAAATGAGGA       350
CTTTGCTGCG TTTAAAGTGC TGATTGACGA AGATCATGAT CAAATTGTTG       400
GTGCTCATTT GATTAGTAAT GAAGCCGATG AACTGATTAA TCATTTTGCA       450
ACAGCCATTC GTTTTGGGAT TTCAACCAAA GAATTGAAAC AAATGATATT       500
TGCCTATCCA ACGGCAGCTT CGGACATTGC ACACATGTTG TAAGTTTGCG       550
TTTTGTGAGA TGT                                              563
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 228

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1380 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de S67449

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 228

```
TTGTTTAGTT TATATAAAAA ATTTAAAGGT TTGTTTTATA GCGTTTTATT        50
TTGGCTTTGT ATTCTTTCAT TTTTTAGTGT ATTAAATGAA ATGGTTTTAA       100
ATGTTTCTTT ACCTGATATT GCAAATCATT TTAATACTAC TCCTGGAATT       150
ACAAACTGGG TAAACACTGC ATATATGTTA ACTTTTTCGA TAGGAACAGC       200
AGTATATGGA AAATTATCTG ATTATATAAA TATAAAAAAA TTGTTAATTA       250
TTGGTATTAG TTTGAGCTGT CTTGGTTCAT TGATTGCTTT TATTGGTCAC       300
AATCACTTTT TTATTTTGAT TTTTGGTAGG TTAGTACAAG GAGTAGGATC       350
TGCTGCATTC CCTTCACTGA TTATGGTGGT TGTAGCTAGA AATATTACAA       400
GAAAAAAACA AGGCAAAGCC TTTGGTTTTA TAGGATCAAT TGTAGCTTTA       450
GGTGAAGGGT TAGGTCCTTC AATAGGGGGA ATAATAGCAC ATTATATTCA       500
TTGGTCTTAC CTACTTATAC TTCCTATGAT TACAATAGTA ACTATACCTT       550
TTCTTATTAA AGTAATGGTA CCTGGTAAAT CAACAAAAAA TACATTAGAT       600
ATCGTAGGTA TTGTTTTAAT GTCTATAAGT ATTATATGTT TTATGTTATT       650
TACGACAAAT TATAATTGGA CTTTTTTAAT ACTCTTCACA ATCTTTTTTG       700
TGATTTTTAT TAAACATATT TCAAGAGTTT CTAACCCTTT TATTAATCCT       750
AAACTAGGGA AAAACATTCC GTTTATGCTT GGTTTGTTTT CTGGTGGGCT       800
AATATTTTCT ATAGTAGCTG GTTTTATATC AATGGTGCCT TATATGATGA       850
AAACTATTTA TCATGTAAAT GTAGCGACAA TAGGTAATAG TGTTATTTTT       900
CCTGGAACCA TGAGTGTTAT TGTTTTTGGT TATTTTGGTG GTTTTTTAGT       950
GGATAGAAAA GGATCATTAT TTGTTTTTAT TTTAGGATCA TTGTCTATCT      1000
CTATAAGTTT TTTAACTATT GCATTTTTTG TTGAGTTTAG TATGTGGTTG      1050
ACTACTTTTA TGTTTATATT TGTTATGGGC GGATTATCTT TTACTAAAAC      1100
AGTTATATCA AAAATAGTAT CAAGTAGTCT TTCTGAAGAA GAAGTTGCTT      1150
CTGGAATGAG TTTGCTAAAT TTCACAAGTT TTTTATCAGA GGGAACAGGT      1200
ATAGCAATTG TAGGAGGTTT ATTGTCACTA CAATTGATTA ATCGTAAACT      1250
AGTTCTGGAA TTTATAAATT ATTCTTCTGG AGTGTATAGT AATATTCTTG      1300
TAGCCATGGC TATCCTTATT ATTTTATGTT GTCTTTTGAC GATTATTGTA      1350
TTTAAACGTT CTGAAAAGCA GTTTGAATAG                            1380
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 229

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1365 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: HUC19

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AF181950

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 229

```
ATGAGAATAG TGAATGGACC AATAATAATG ACTAGAGAAG AAAGAATGAA      50
GATTGTTCAT GAAATTAAGG AACGAATATT GGATAAATAT GGGGATGATG     100
TTAAGGCTAT TGGTGTTTAT GGCTCTCTTG GTCGTCAGAC TGATGGGCCC     150
TATTCGGATA TTGAGATGAT GTGTGTCATG TCAACAGAAG AAGCAGAGTT     200
CAGCCATGAA TGGACAACCG GTGAGTGGAA GGTGGAAGTG AATTTTGATA     250
GCGAAGAGAT TCTACTAGAT TATGCATCTC AGGTGGAATC AGATTGGCCT     300
CTTACACATG GTCAATTTTT CTCTATTTTG CCGATTTATG ATTCAGGTGG     350
ATACTTAGAG AAAGTGTATC AAACTGCTAA ATCGGTAGAA GCCCAAACGT     400
TCCACGATGC GATTTGTGCC CTTATCGTAG AAGAGCTGTT TGAATATGCA     450
GGCAAATGGC GTAATATTCG TGTGCAAGGA CCGACAACAT TTCTACCATC     500
CTTGACTGTA CAGGTAGCAA TGGCAGGTGC CATGTTGATT GGTCTGCATC     550
ATCGCATCTG TTATACGACG AGCGCTTCGG TCTTAACTGA AGCAGTTAAG     600
CAATCAGATC TTCCTTCAGG TTATGACCAT CTGTGCCAGT TCGTAATGTC     650
TGGTCAACTT TCCGACTCTG AGAAACTTCT GGAATCGCTA GAGAATTTCT     700
GGAATGGGAT TCAGGAGTGG ACAGAACGAC ACGGATATAT AGTGGATGTG     750
TCAAAACGCA TACCATTTTG AACGATGACC TCTAATAATT GTTAATCATG     800
TTGGTTACGT ATTTATTAAC TTCTCCTAGT ATTAGTAATT ATCATGGCTG     850
TCATGGCGCA TTAACGGAAT AAAGGGTGTG CTTAAATCGG GCCATTTTGC     900
GTAATAAGAA AAAGGATTAA TTATGAGCGA ATTGAATTAA TAATAAGGTA     950
ATAGATTTAC ATTAGAAAAT GAAAGGGGAT TTTATGCGTG AGAATGTTAC    1000
AGTCTATCCC GGCATTGCCA GTCGGGGATA TTAAAAAGAG TATAGGTTTT    1050
TATTGCGATA AACTAGGTTT CACTTTGGTT CACCATGAAG ATGGATTCGC    1100
AGTTCTAATG TGTAATGAGG TTCGGATTCA TCTATGGGAG GCAAGTGATG    1150
AAGGCTGGCG CTCTCGTAGT AATGATTCAC CGGTTTGTAC AGGTGCGGAG    1200
TCGTTTATTG CTGGTACTGC TAGTTGCCGC ATTGAAGTAG AGGGAATTGA    1250
TGAATTATAT CAACATATTA AGCCTTTGGG CATTTTGCAC CCCAATACAT    1300
CATTAAAAGA TCAGTGGTGG GATGAACGAG ACTTTGCAGT AATTGATCCC    1350
GACAACAATT TGATT                                         1365
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 230

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 831 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: HUC19

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AF181950

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 230

```
ATGGGGGTTT CTTTTAATAT TATGTGTCCT AATAGTAGCA TTTATTCAGA      50
TGAAAAATCA AGGGTTTTAG TGGACAAGAC AAAGAGTGGA AAAGTGAGAC     100
CATGGAGAGA AAAGAAAATC GCTAATGTTG ATTACTTTGA ACTTCTGCAT     150
ATTCTTGAAT TTAAAAAGGC TGAAAGAGTA AAAGATTGTG CTGAAATATT     200
AGAGTATAAA CAAAATCGTG AAACAGGCGA AAGAAAGTTG TATCGAGTGT     250
GGTTTTGTAA ATCCAGGCTT TGTCCAATGT GCAACTGGAG GAGAGCAATG     300
AAACATGGCA TTCAGTCACA AAAGGTTGTT GCTGAAGTTA TTAAACAAAA     350
GCCAACAGTT CGTTGGTTGT TTCTCACATT AACAGTTAAA AATGTTTATG     400
ATGGCGAAGA ATTAAATAAG AGTTTGTCAG ATATGGCTCA AGGATTTCGC     450
CGAATGACGC AATATAAAAA AATTAATAAA AATCTTGTTG GTTTTATGCG     500
TGCAACGGAA GTGACAATAA ATAATAAAGA TAATTCTTAT AATCAGCACA     550
TGCATGTATT GGTATGTGTG GAACCAACTT ATTTTAAGAA TACAGAAAAC     600
TACGTGAATC AAAAACAATG GATTCAATTT TGGAAAAAGG CAATGAAATT     650
AGACTATGAT CCAAATGTAA AAGTTCAAAT GATTCGACCG AAAAATAAAT     700
ATAAATCGGA TATACAATCG GCAATTGACG AAACTGCAAA ATATCCTGTA     750
AAGGATACGG ATTTTATGAC CGATGATGAA GAAAAGAATT TGTAACGTTT     800
GTCTGATTTG GAGGAAGGTT TACACCGTAA A                         831
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 231

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 4193 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: N315

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AP003129

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 231

```
ATGAGCCGCT TGATACGCAT GAGTGTATTA GCAAGTGGTA GTACAGGTAA      50
CGCCACTTTT GTAGAAAATG AAAAAGGTAG TCTATTAGTT GATGTTGGTT     100
TGACTGGCAA GAAAATGGAA GAATTGTTTA GTCAAATTGA CCGTAATATT     150
CAAGATTTAA ATGGTATTTT AGTAACCCAT GAACATATTG ATCATATTAA     200
AGGATTAGGT GTTTTGGCGC GTAAATATCA ATTGCCAATT TATGCGAATG     250
AAAAGACTTG GCAGGCAATT GAAAAGAAAG ATAGTCGCAT CCCTATGGAT     300
CAGAAATTCA TTTTTAATCC TTATGAAACA AAATCTATTG CAGGTTTCGA     350
TGTTGAATCG TTTAACGTGT CACATGATGC AATAGATCCG CAATTTTATA     400
TTTTCCATAA TAACTATAAG AAGTTTACGA TTTTAACGGA TACGGGTTAC     450
GTGTCTGATC GTATGAAAGG TATGATACGT GGCAGCGATG CGTTTATTTT     500
TGAGAGTAAT CATGACGTCG ATATGTTGAG AATGTGTCGT TATCCATGGA     550
AGACGAAACA ACGTATTTTA GGCGATATGG GTCATGTATC TAATGAGGAT     600
GCGGGTCATG CGATGACAGA TGTGATTACA GGTAACACGA AACGTATTTA     650
CCTATCGCAT TTATCACAAG ACAATAACAT GAAAGATTTG GCGCGTATGA     700
GTGTTGGCCA AGTATTGAAC GAACACGATA TTGATACGGA AAAAGAAGTA     750
TTGCTATGTG ATACGGATAA AGCTATTCCA ACGCCAATAT ATACAATATA     800
AATGAGAGTC ACCCTATAAA GTTCGGCACT GCTGTGAGAC GACTTTATCG     850
GGTGCTTTTT TATGTTATTG GTGGGAAATG GCTGTTGTTG GAATTAAGGT     900
TCTATTTGAA ATGTAAAAAA TAATTCGATA TTAAATGTAA TTTATAAATA     950
ATTTACATAA AATCAATCAT TTTAATATAA GGATTATGAT AATATATTGG    1000
TGTATGACAG TTAATGGAGG GAACGAAATG AAAGCTTTAT TACTTAAAAC    1050
AAGTGTATGG CTCGTTTTGC TTTTTAGTGT GATGGGATTA TGGCAAGTCT    1100
CGAACGCGGC TGAGCAGTAT ACACCAATCA AAGCACATGT AGTAACAACG    1150
ATAGACAAAG CAACAACAGA TAAGCAACAA GTAACGCCAA CAAAGGAAGC    1200
GGCTCATCAA TTTGGTGAAG AAGCGGCAAC CAACGTATCA GCATCAGCAC    1250
AGGGAACAGC TGATGAAATA AACAATAAAG TAACATCCAA CGCATTTTCT    1300
AACAAACCAT CTACAGCAGT TTCAACAAAA GTAAACGAAA CGCACGATGT    1350
AGATACACAA CAAGCCTCAA CACAAAAACC AACTCAATCA GCAACATTCA    1400
CATTATCAAA TGCTAAAACA GCATCACTTT CACCACGAAT GTTTGCTGCC    1450
AATGTACCAC AAACAACAAC ACATAAAATA TTACATACAA ATGATATCCA    1500
TGGCCGACTA GCCGAAGAAA AAGGGCGTGT CATCGGTATG GCTAAATTAA    1550
AAACAATAAA AGAACAAGAA AAGCCTGATT TAATGTTAGA CGCAGGAGAC    1600
GCCTTCCAAG GTTTACCACT TTCAAACCAG TCTAAAGGTG AAGAAATGGC    1650
TAAAGCAATG AATGCAGTAG GTTATGATGC TATGGCAGTG GGTAACCATG    1700
AATTTGACTT TGGATACGAT CAGTTGAAAA AGTTAGAGGG TATGTTAGAC    1750
TTCCCGATGC TAAGTACTAA CGTTTACAAA GATGGGAAAC GCGCGTTTAA    1800
GCCTTCAACA ATTGTAACGA AAAATGGTAT TCGTTATGGA ATTATTGGCG    1850
TAACGACACC AGAAACAAAG ACGAAAACAA GACCTGAGGG CATTAAAGGT    1900
GTTGAATTTA GAGATCCATT ACAAAGTGTG ACAGCAGAAA TGATGCGTAT    1950
TTATAAAGAC GTAGATACAT TTGTTGTTAT ATCACATTTA GGGATTGATC    2000
CTTCAACACA AGAAACATGG CGTGGTGATT ACTTAGTGAA ACAATTAAGT    2050
CAAAATCCAC AATTGAAGAA ACGTATTACA GTCATTGATG GTCATTCACA    2100
TACCGTACTT CAAAATGGTC AAATTTATAA CAATGATGCA TTAGCACAAA    2150
CAGGTACAGC ACTTGCGAAT ATCGGTAAGG TTACATTTAA TTACCGCAAT    2200
GGAGAGGTAT CAAATATTAA ACCGTCATTG ATTAATGTTA AAGACGTTGA    2250
AAATGTAACA CCGAACAAAG CATTAGCTGA ACAAATTAAT CAAGCTGATC    2300
AAACATTTAG AGCACAAACA GCAGAGGTTA TTATTCCAAA TAATACCATT    2350
GATTTCAAAG GAGAAAGAGA TGACGTTAGA ACGCGTGAAA CAAATTTAGG    2400
AAACGCGATT GCAGATGCTA TGGAAGCGTA TGGCGTTAAG AATTTCTCTA    2450
AAAAGACTGA CTTTGCCGTG ACAAATGGTG GAGGTATTCG TGCCTCTATC    2500
GCAAAAGGTA AGGTGACACG CTATGATTTA ATCTCAGTAT TACCATTTGG    2550
AAATACGATT GCGCAAATTG ATGTAAAAGG TTCAGACGTC TGGACAGCTT    2600
TCGAACATAG TTTAGGTGCA CCAACAACAC AAAAAGACGG TAAGACAGTA    2650
TTAACAGCGA ATGGCGGTTT ACTACATATC TCTGATTCAA TTCGTGTTTA    2700
CTATGATATG AATAAACCGT CTGGCAAACG AATTAACGCT ATTCAAATTT    2750
TAAATAAAGA GACAGGTAAG TTTGAAAATA TTGATTTAAA ACGTGTATAT    2800
```

```
CATGTAACGA TGAATGACTT CACAGCATCA GGTGGCGACG GATATAGTAT      2850
GTTCGGTGGC CCTAGAGAAG AAGGTATTTC ATTAGATCAA GTACTAGCAA      2900
GTTATTTAAA AACAGCTAAC ATAGCTAAGT ATGATACGAC AGAACCACAA      2950
CGTATGTTAT TAGGTAAACC AGCAGTAAGT GAACAACCAG CTAAAGGACA      3000
ACAAGGTAGC AAAGGTAGTG AGTCTGGTAA AGATGTACAA CCAATTGGTG      3050
ACGACAAAGC GATGAATCCA GCGAAACAAC CAGCGACAGG TAAAGTTGTA      3100
TTGTTACCAA CGCATAGAGG AACTGTTAGT AGCGGTACAG AAGGTTCTGG      3150
TCGCACATTA GAAGGAGCTA CTGTATCAAG CAAGAGTGGG AACCAATTGG      3200
TTAGAATGTC AGTGCCTAAA GGTAGCGCGC ATGAGAAACA GTTACCAAAA      3250
ACTGGAACTA ATCAAAGCTC AAGCCCAGCA GCGATGTTTG TATTAGTAGC      3300
AGGTATAGGT TTAATCGCGA CTGTACGACG TAGAAAAGCT AGTTAAAATA      3350
TATTGAAAAC AATACTACTG TATTTCTTAA ATAAGAGGTA CGGTAGTGTT      3400
TTTTTATGGA AAAAAGCTAT AAACGTTGAT AAACATGGGA TATAAAAACG      3450
GGGATAAGTA ATAAGACATC AAGGTGTTTA TCCACAGAAA TGGGGATAGT      3500
TATCCAGAAT TGTGTACAAT TTAAAGAGAA ATACCCACAA TGCCCACAGA      3550
GTTATCCACA AATACACAAG TTATACACTA AAAATTGGGC ATAAATGTCA      3600
GGAAAATATC AAAAACTGCA AAAAATATTG GTATAATAAG AGGGAACAGT      3650
GTGAACAAGT TAATAACTTG TGGATAACTG GAAAGTTGAT AACAATTTGG      3700
AGGACCAAAC GACATGAAAA TCACCATTTT AGCTGTAGGG AAACTAAAAG      3750
AGAAATATTG GAAGCAAGCC ATAGCAGAAT ATGAAAAACG TTTAGGCCCA      3800
TACACCAAGA TAGACATCAT AGAAGTTCCA GACGAAAAAG CACCAGAAAA      3850
TATGAGCGAC AAAGAAATTG AGCAAGTAAA AGAAAAAGAA GGCCAACGAA      3900
TACTAGCCAA AATTAAACCA CAATCCACAG TCATTACATT AGAAATACAA      3950
GGAAAGATGC TATCTTCCGA AGGATTGGCC CAAGAATTGA ACCAACGCAT      4000
GACCCAAGGG CAAAGCGACT TTGTATTCGT CATTGGCGGA TCAAACGGCC      4050
TGCACAAGGA CGTCTTACAA CGCAGTAACT ACGCACTATC ATTCAGCAAA      4100
ATGACATTCC CACATCAAAT GATGCGGGTT GTGTTAATTG AGCAAGTGTA      4150
TAGAGCATTT AAGATTATGC GTGGAGAAGC ATATCATAAA TGA             4193
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 232

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2996 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: 85/2082

(C) NÚMERO DE REGISTRO: Extraído de AB037671

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 232

```
ATGAAACGAG CCATTGGTTA TTTGCGCCAA AGTACAACGA AACAACAATC       50
ACTCCCAGCT CAAAAGCAAG CAATAGAATT ATTAGCTCCA AAGCACAATA      100
TTCAAAATAT CCAATACATT AGTGATAAGC AATCAGGCAG AACAGATAAT      150
CGAACAGGCT ATCAACAAGT CACCGAACGC ATCCAACAAA GACAATGTGA      200
CGTATTATGT TGTTATCGCT TGAATCGACT TCATCGCAAC TTGAAAAATG      250
CATTAAAACT CATGAAACTC TGTCAAAAAT ATCATGTTCA TATTCTAAGT      300
GTTCATGATG GCTATTTTGA TATGGATAAA GCGTTTGATC GCCTAAAACT      350
CAATATATTC ATGAGTCTGG CTGAACTTGA ATCCGATAAT ATTGGAGAAC      400
AAGTCAAAAA TGGACTTAGA GAAAAGGCAA AACAAGGTAA ACTCATAACG      450
ACCCATGCGC CTTTCGGTTA TCACTATCAA AATGGTACTT TCATCATTAA      500
TAATGATGAA TCACCTACCG TCAAAGCTGT ATTCAATTAT TATCTTCAAG      550
```

```
GATATGGCTA CAAGAAGATT GCACAATATT TAGAAGACGA TAATAAACTT      600
ATTACCCGCA AGCCTTATCA GGTACGAAAT ATAATTATGA ACCCAAATTA      650
TTGTGGTCGT GTCATCAATC AATATGGTCA ATATAACAAT ATGGTACCAC      700
CTATTGTTTC GGCAACGAAA TATGAACATG CTCAAGCAAT CCGTAATAAG      750
AAGCAACTTC ACTGTATACC TTCAGAGAAT CAGCTGAAAC AAAAGATCAA      800
ATGTCCTTGT TGTGACTCAA CACTGACAAA TATGACAATA AGAAAAAAAC      850
ATACATTGCG ATATTATATT TGTCCTAAAA ATATGAATGA ATCTCGCTTT      900
GTCTGTTCAT TCAAAGGAAT AAATGCACAA AAATTAGAAG TTCAAGTCTT      950
AGCTACATGT CAGAACTTCT TTCAAAACCA ACAGCTCTAT TCAAAAATTA     1000
ATAATGCAAT TCATCAACGC CTCAAAAAAC AAAGAGTGAT AGAAGCTAAA     1050
AGTACGCTAA CTCAAGAACA ACTGATAGAT AAACTTGCCA AAGGTATGAT     1100
TGATGCTGAA TCATTCAGAA AACAGACTCA TTTGATGAAT CAAAAGCACA     1150
AAACCATATC CTCCATAAGT GATAATCAGT TACAAACATC ACTACAAAAG     1200
GTTATACAGA AAAGTTTCAC GTTAAACATG CTGCATCCCT ATATTGATGA     1250
AATTCGCATT ACAAAAAATA AAGCCCTTGT TGGGATCTAT TTCAAAAATG     1300
AACCATTGAA CATTGTGAAC CAAACCTCGC AATCATCGAT TGCTTAATCA     1350
GAAAGGATGA AAAAATCATG CAACAACTCA AACAAAAACG TGTCGGTATC     1400
TATGTTCGTG TATCAACGGA AATCCAAAGT ACTGAAGGCT ATAGTATCGA     1450
TGGACAAATC AATCAAATTC GAGAATATTG TGATTTCAAT AACTTTGTTG     1500
TTGTAGATGT ATACGCGGAT AGAGGTATCT CTGGAAAATC TATGAACCGA     1550
CCAGAACTAC AACGTTTGTT AAAAGATGCG AACGAAGGTC AGATTGATTC     1600
TGTTATGGTC TACAAAACAA ACCGACTAGC ACGTAACACT TCTGACTTAC     1650
TCAAAATTGT TGAAGACCTT CATCGTCAAA ATGTCGAATT CTTCAGCTTA     1700
TCTGAGCGTA TGGAAGTCAA TACAAGCAGT GGTAAATTGA TGCTACAAAT     1750
TCTAGCGAGT TTTTCAGAAT TTGAAAGAAA TAATATTGTC GAAAATGTAT     1800
TCATGGGTCA AACCCGACGC GCTCAAGAAG GCTATTATCA AGGCAATTTG     1850
CCGCTGGGCT ATGACAAAAT ACCGGATAGC AAGCATGAAC TCATGATAAA     1900
CCAACATGAA GCGAATATTG TCAAATATAT ATTTGAGTCA TATGCTAAAG     1950
GCCACGGATA TCGTAAAATT GCGAATGCAC TCAATCACAA AGGATACGTG     2000
ACTAAAAAAG GAAAGCCTTT CAGTATTGGT TCAGTGACCT ATATCTTATC     2050
TAATCCATTC TATGTTGGTA AAATTCAATT CGCAAAGTAC AAAGATTGGA     2100
ATGAAAAGCG TCGTAAAGGG CTGAATGATA AACCAATAAT AGCTGAAGGT     2150
AAGCATTCCC CTATTATTAT TCAAGACTTA TGGGATAAAG TCCAATTACG     2200
TAAAAAACAA GTCAGTCAAA AACCTCAAGT CCACGGTAAA GGAACTAATC     2250
TATTAACAGG TATCGTTCAT TGTCCACAAT GTGGTGCACC AATGGCAGCT     2300
AGTAACACAA CGAACACATT GAAAGATGGT ACCAAGAAGC GAATACGTTA     2350
TTATTCTTGC AGTAACTTCC GAAACAAAGG CTCAAAAGTA TGTTCTGCGA     2400
ATAGCGTTAG AGCTGATGTG ATTGAGAAAT ACGTCATGGA TCAAATACTC     2450
GAAATTGTCA AAAGTGATAA AGTCATTAAC CAAGTCTTAG AACGTGTCAA     2500
TCAAGAAAAT AAAGTCGATA TTGGTGCATT GAACCACGAT ATCGCTTATA     2550
AACAACAACA ATACGATGAA GTCAGCGGGA AACTCCATAA TTTAGTTAAA     2600
ACCATTGAAG ATAATCCGGA CCTAACATCT GCATTGAAAG CAACTATTCA     2650
TCAATATGAA ACACAACTCA ATGACATTAC AAATCAAATG AATCAACTCA     2700
AACAGCAACA AAATCAAGAG AAACTATCTT ATGATACGAA ACAAATCGCT     2750
GCCCTATTAC AACGAATATT TCAAAATATA GAATCAATGG ATAAAGCACA     2800
ACTCAAAGCA TTATATCTTA CAGTCATTGA CCGTATTGAT ATTCGTAAAG     2850
ACGGTAATCA TAAAAAACAG TTCTACGTTA CACTAAAACT CAATAATGAA     2900
ATTATTAAAC AACTTTTCAA TAATACCCCT CTCGACGAAG TGCTCCTCAG     2950
CACTTCGTCT TTATTTTTGC CTCAAACGCT CTTTCTTCAA ATCTAA         2996
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEC ID nº: 233

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1410 bases

(B) TIPO: Ácido nucleico

(C) TIPO FILAMENTO: Doble

(D) TOPOLOGÍA: Lineal

(ii) TIPO MOLECULAR: ADN genómico

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: *Staphylococcus aureus*

(B) CEPA: CCRI-9681

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID nº: 233

```
GCTGTAGGGA AACTAAAAGA GAAATATTGG AAGCAAGCCA TAGCAGAATA       50
TGAAAAACGT TTAGGCCCAT ACACCAAGAT AGACATCATA GAAGTTCCAG      100
ACGAAAAAGC ACCAGAAAAT ATGAGCGACA AAGAAATTGA GCAAGTAAAA      150
GAAAAAGAAG GCCAACGAAT ACTAGCCAAA ATTAAACCAC AATCCACAGT      200
CATTACATTA GAAATACAAG GAAAGATGCT ATCTTCCGAA GGATTGGCCC      250
AAGAATTGAA CCAACGCATG ACCCAAGGGC AAAGCGACTT TGTATTCGTC      300
ATTGGCGGAT CAAACGGCCT GCACAAGGAC GTCTTACAAC GCAGTAACTA      350
CGCACTATCA TTCAGCAAAA TGACATTCCC ACATCAAATG ATGCGGGTTG      400
TGTTAATTGA GCAAGTGTAT AGAGCATTTA AGATTATGCG TGGAGAAGCA      450
TATCATAAAT GATGCGGTTT TTTCAGCCGC TTCATAAAGG GATTTTGAAT      500
GTATCAGAAC ATATGAGGTT TATGTGAATT GCTGTTATGT TTTTAAGAAG      550
CATATCATAA GTGATGCGGT TTTTATTAAT TAGTTGCTAA AAAATGAAGT      600
ATGCAATATT AATTATTATT AAATTTTGAT ATATTTAAAG AAAGATTAAG      650
TTTAGGGTGA ATGAATGGCT TATCAAAGTG AATATGCATT AGAAAATGAA      700
GTACTTCAAC AACTTGAGGA ATTGAACTAT GAAAGAGTAA ATATACATAA      750
TATTAAATTA GAAATTAATG AATATCTCAA AGAACTAGGA GTGTTGAAAA      800
ATGAATAAGC AGACAAATAC TCCAGAACTA AGATTTCCAG AGTTTGATGA      850
GGAATGGAAA AAAAGGAAAT TAGGTGAAGT AGTAAATTAT AAAAATGGTG      900
GTTCATTTGA AAGTTTAGTG AAAAACCATG GTGTATATAA ACTCATAACT      950
CTTAAATCTG TTAATACAGA AGGAAAGTTG TGTAATTCTG GAAAATATAT     1000
CGATGATAAA TGTGTTGAAA CATTGTGTAA TGATACTTTA GTAATGATAC     1050
TGAGCGAGCA AGCACCAGGA CTAGTTGGAA TGACTGCAAT TATACCTAAT     1100
AATAATGAGT ATGTACTAAA TCAACGAGTA GCAGCACTAG TGCCTAAACA     1150
ATTTATAGAT AGTCAATTTC TATCTAAGTT AATTAATAGA AACCAGAAAT     1200
ATTTCAGTGT GAGATCTGCT GGAACAAAAG TGAAAAATAT TTCTAAAGGA     1250
CATGTAGAAA ACTTTAATTT TTTATCTCCT AATTACACTG AACAACAAAA     1300
AATAGGTAAT TTCTTCAGCA AACTCGACCG CCAGATTGAG TTAGAAGAAG     1350
AGAAACTTGA ACTCTTATAG CAACAAAAGC GTGGATATAT TTCAGAAGAT     1400
TTTTCTCAAG                                                1410
```