

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特許公報(B2)

(11) 特許番号

特許第4176146号
(P4176146)

(45) 発行日 平成20年11月5日(2008.11.5)

(24) 登録日 平成20年8月29日(2008.8.29)

(51) Int.Cl. F I
 C 1 2 Q 1/68 (2006.01) C 1 2 Q 1/68 A
 C 1 2 N 15/09 (2006.01) C 1 2 N 15/00 Z N A A

請求項の数 18 (全 130 頁)

(21) 出願番号	特願平8-509781	(73) 特許権者	502225899
(86) (22) 出願日	平成7年9月12日(1995.9.12)		インフエクテイオ・ダイアグノステイツク
(65) 公表番号	特表平10-504973		(アイ・デイ・アイ)・インコーポレイテ
(43) 公表日	平成10年5月19日(1998.5.19)		ッド
(86) 国際出願番号	PCT/CA1995/000528		カナダ国、ジエ・1・ベ・2・カ・8・サ
(87) 国際公開番号	W01996/008582		ントーフオイ(ケベック)、ブルバール・
(87) 国際公開日	平成8年3月21日(1996.3.21)		ルネ・レベスク・ウエスト・2050、カ
審査請求日	平成9年10月30日(1997.10.30)	(74) 代理人	100062007
審判番号	不服2002-11519(P2002-11519/J1)		弁理士 川口 義雄
審判請求日	平成14年6月24日(2002.6.24)	(72) 発明者	ベルジュロン, ミシエル・ジエ
(31) 優先権主張番号	08/304, 732		カナダ国、ケベック・ジエ・1・テ・1・
(32) 優先日	平成6年9月12日(1994.9.12)		ジエ・2、シレリイ、プリユラール・スト
(33) 優先権主張国	米国(US)		リート・2069

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 微生物検査室における日常的診断用の臨床検体からの通常の細菌病原体および抗生物質耐性遺伝子を迅速に検出および同定するための特異的および普遍的プローブおよび増幅プライマー

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項1】

サンプル中において複数の候補細菌種の中から一種類の細菌種の存在を検出し、該細菌種を同定する方法であって、

- サンプルを2種類以上の異なった増幅用プライマー対と接触させ、ここで、(i) 該プライマー対は該細菌種に種特異的かつ遍在的なDNA断片由来であり、(ii) 該プライマーは全て多重PCR増幅し得るように選択され、

- 多重PCR増幅により増幅を進行させ、

- 各プライマー対のいずれかによって産生された増幅産物の存在または量を検出し、それをサンプル中に存在する細菌種の存在の指標とし、

前記の具体的な細菌種が、大腸菌(Escherichia coli)、クレブシエラ・ニューモニエ(Klebsiella pneumoniae)、シュードモナス・アエルギノーサ(Pseudomonas aeruginosa)、プロテウス・ミラピリス(Proteus mirabilis)、ストレプトコッカス・ニューモニエ(Streptococcus pneumoniae)、スタフィロコッカス・アウレウス(Staphylococcus aureus)、スタフィロコッカス・エピデルミディス(Staphylococcus epidermidis)、エンテロコッカス・フェカリス(Enterococcus faecalis)、スタフィロコッカス・サブロフィチカス(Staphylococcus saprophyticus)、ストレプトコッカス・ピオゲネス(Streptococcus pyogenes)、へ

10

20

モフィラス・インフルエンザ (*Haemophilus influenzae*) およびモラキセラ・カタルハリス (*Moraxella catarrhalis*) から選択されることを特徴とする前記方法。

【請求項 2】

いずれかの細菌種の核酸の存在または量を測定するためのユニバーサル増幅プライマーの使用を更に含み、前記多重 PCR 増幅の条件と同一の条件下で当該ユニバーサル増幅プライマーを用いた増幅を実施することを特徴とする請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】

抗生物質耐性遺伝子の核酸の存在または量を測定するための増幅用プライマーの使用を更に含み、抗生物質耐性遺伝子の検出を前記多重 PCR 増幅の条件と同一条件下で実施することを特徴とする請求項 1 または 2 に記載の方法。

10

【請求項 4】

前記の具体的な細菌種が、大腸菌 (*Escherichia coli*)、クレブシエラ・ニューモニエ (*Klebsiella pneumoniae*)、シュードモナス・アエルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*)、プロテウス・ミラピリス (*Proteus mirabilis*)、ストレプトコッカス・ニューモニエ (*Streptococcus pneumoniae*)、スタフィロコッカス・アウレウス (*Staphylococcus aureus*)、スタフィロコッカス・エピデルミディス (*Staphylococcus epidermidis*)、エンテロコッカス・フェカリス (*Enterococcus faecalis*)、スタフィロコッカス・サブロフィチカス (*Staphylococcus saprophyticus*)、ヘモフィラス・インフルエンザ (*Haemophilus influenzae*) およびモラキセラ・カタルハリス (*Moraxella catarrhalis*) から選択される請求項 1 ~ 3 のいずれか 1 項に記載の方法。

20

【請求項 5】

該抗生物質耐性遺伝子が、*bla_{rem}*, *bla_{rob}*, *bla_{shv}*, *aadB*, *aacC1*, *aacC2*, *aacC3*, *aacA4*, *mecA*, *vanA*, *vanH*, *vanX*, *satA*, *aacA-aphD*, *vat*, *vga*, *msrA*, *sul* および *int* から選択される請求項 3 または 4 に記載の方法。

【請求項 6】

30

該 DNA 断片が、

- 大腸菌 (*Escherichia coli*) の存在または量を測定するための配列番号 3、配列番号 4、配列番号 5、配列番号 6、配列番号 7 およびそれらの相補配列、
- クレブシエラ・ニューモニエ (*Klebsiella pneumoniae*) の存在または量を測定するための配列番号 8、配列番号 9、配列番号 10、配列番号 11 およびそれらの相補配列、
- シュードモナス・アエルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*) の存在または量を測定するための配列番号 16、配列番号 17、配列番号 18、配列番号 19、配列番号 20 およびそれらの相補配列、
- プロテウス・ミラピリス (*Proteus mirabilis*) の存在または量を測定するための配列番号 12、配列番号 13、配列番号 14、配列番号 15 およびそれらの相補配列、
- ストレプトコッカス・ニューモニエ (*Streptococcus pneumoniae*) の存在または量を測定するための配列番号 30、配列番号 31、配列番号 34、配列番号 35 およびそれらの相補配列、
- スタフィロコッカス・アウレウス (*Staphylococcus aureus*) の存在または量を測定するための配列番号 37 およびそれらの相補配列、
- スタフィロコッカス・エピデルミディス (*Staphylococcus epidermidis*) の存在または量を測定するための配列番号 36 およびそれらの相補配列、

40

50

- エンテロコッカス・フェカリス (*Enterococcus faecalis*) の存在または量を測定するための配列番号 1、配列番号 2 およびそれらの相補配列、
- スタフィロコッカス・サブロフィチカス (*Staphylococcus saprophyticus*) の存在または量を測定するための配列番号 21、配列番号 22、配列番号 23、配列番号 24 およびそれらの相補配列、
- ヘモフィラス・インフルエンザ (*Haemophilus influenzae*) の存在または量を測定するための配列番号 25、配列番号 26、配列番号 27 およびそれらの相補配列、ならびに
- モラキセラ・カタルハリス (*Moraxella catarrhalis*) の存在または量を測定するための配列番号 28、配列番号 29 およびそれらの相補配列から選択される請求項 1 ~ 5 のいずれか 1 項に記載の方法。

10

【請求項 7】

患者、動物、環境または食物から得られたサンプルに直接実施することを特徴とする請求項 1 ~ 6 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 8】

1 以上の細菌コロニーを含むサンプルに直接実施することを特徴とする請求項 1 ~ 6 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 9】

各増幅サイクルにつき、具体的に伸長工程を実施する時間を設定することなく、55 におけるわずか 1 秒間のアニーリング工程および 95 におけるわずか 1 秒間の変性工程を行うことによって、該産物の存在の測定を達成する請求項 1 ~ 8 のいずれか 1 項に記載の方法。

20

【請求項 10】

試験サンプル中の該細菌種の存在または量を検出する請求項 1 ~ 9 のいずれか 1 項に記載の方法であって、前記増幅および検出が、

(a) 少なくとも 12ヌクレオチドの長さを有する複数のオリゴヌクレオチドプライマーを含む水溶液で該サンプルを処理する工程 (該プライマーの一方は、細菌種 DNA の 2 本の相補鎖のうちの 1 本であって標的配列を含む該細菌種の存在または量を測定するための前記断片のいずれか 1 つと選択的にハイブリダイズでき、該プライマーの他方は該相補鎖のうちの他方とハイブリダイズでき、これによって鋳型として標的配列を含有する伸長産物を形成する)

30

(b) 標的配列を含有する該プライマーの各々の伸長産物を合成し、該標的配列を、もしあれば、検出可能なレベルまで増幅し、

(c) 該試験サンプル中の該細菌種の存在または量の指標として前記の増幅された標的配列の存在または量を検出することを含む前記方法。

【請求項 11】

前記の増幅された標的配列の存在または量の測定の工程 (c) が同配列をプローブとハイブリダイズさせることによって行われる請求項 10 に記載の方法。

【請求項 12】

前記の 2 対以上のプライマーが、
大腸菌検出用の

40

- 配列番号 42 および配列番号 43、
- 配列番号 46 および配列番号 47、
- 配列番号 55 および配列番号 56、ならびに
- 配列番号 131 および配列番号 132；

モラキセラ・カタルハリス (*Moraxella catarrhalis*) 検出用の

- 配列番号 112 および配列番号 113、
- 配列番号 118 および配列番号 119、ならびに
- 配列番号 160 および配列番号 119；

シュードモナス・アエルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*)

50

検出用の

- 配列番号 83 および配列番号 84、ならびに
 - 配列番号 85 および配列番号 86；
 - スタフィロコッカス・エピデルミジス (*Staphylococcus epidermidis*) 検出用の
 - 配列番号 145 および配列番号 146、ならびに
 - 配列番号 147 および配列番号 148；
 - スタフィロコッカス・アウレウス (*Staphylococcus aureus*) 検出用の
 - 配列番号 149 および配列番号 150、
 - 配列番号 149 および配列番号 151、ならびに
 - 配列番号 152 および配列番号 153；
 - ストレプトコッカス・ニューモニエ (*Streptococcus pneumoniae*) 検出用の
 - 配列番号 78 および配列番号 79、
 - 配列番号 156 および配列番号 157、ならびに
 - 配列番号 158 および配列番号 159；
 - エキソトキシン A 遺伝子 *speA* を有する細菌種検出用の
 - 配列番号 143 および配列番号 144；
 - ストレプトコッカス・ピオゲネス (*Streptococcus pyogenes*) 検出用の
 - 配列番号 141 および配列番号 142；
 - エンテロコッカス・フェカリス (*Enterococcus faecalis*) 検出用の
 - 配列番号 38 および配列番号 39、ならびに
 - 配列番号 40 および配列番号 41；
 - クレブシエラ・ニューモニエ (*Klebsiella pneumoniae*) 検出用の
 - 配列番号 61 および配列番号 62、
 - 配列番号 67 および配列番号 68、
 - 配列番号 135 および配列番号 136、ならびに
 - 配列番号 137 および配列番号 138；
 - プロテウス・ミラビリス (*Proteus mirabilis*) 検出用の
 - 配列番号 74 および配列番号 75、ならびに
 - 配列番号 133 および配列番号 134；
 - スタフィロコッカス・サブロフィチカス (*Staphylococcus saprophyticus*) 検出用の
 - 配列番号 98 および配列番号 99、ならびに
 - 配列番号 139 および配列番号 140；または
 - ヘモフィラス・インフルエンザ (*Haemophilus influenzae*) 検出用の
 - 配列番号 154 および配列番号 155
- から選択される少なくとも一対のプライマーを含む請求項 1 ~ 11 のいずれか 1 項に記載の方法。
- 【請求項 13】
- 該プローブが；
- 大腸菌検出用の配列番号 44、配列番号 45、配列番号 48、配列番号 49、配列番号 50、配列番号 51、配列番号 52、配列番号 53、配列番号 54 およびそれらの相補配列；
- プロテウス・ミラビリス (*Proteus mirabilis*) 検出用の配列番号 70、配列番号 71、配列番号 72、配列番号 73、配列番号 76、配列番号 77、配列番号

10

20

30

40

50

80、配列番号81、配列番号82およびそれらの相補配列；
 クレブシエラ・ニューモニエ (*Klebsiella pneumoniae*) 検出用の配列番号57、配列番号58、配列番号59、配列番号60、配列番号63、配列番号64、配列番号65、配列番号66、配列番号69およびそれらの相補配列；
 スタフィロコッカス・サブロフィチカス (*Staphylococcus saprophyticus*) 検出用の配列番号96、配列番号97、配列番号100、配列番号101、配列番号102、配列番号103、配列番号104およびそれらの相補配列；
 モラキセラ・カタルハリス (*Moraxella catarrhalis*) 検出用の配列番号108、配列番号109、配列番号110、配列番号111、配列番号114、配列番号115、配列番号116、配列番号117およびそれらの相補配列；
 シュードモナス・アエルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*) 検出用の配列番号87、配列番号88、配列番号89、配列番号90、配列番号91、配列番号92、配列番号93、配列番号94、配列番号95およびそれらの相補配列；
 ヘモフィラス・インフルエンザ (*Haemophilus influenzae*) 検出用の配列番号105、配列番号106、配列番号107およびそれらの相補配列；ならびに
 ストレプトコッカス・ニューモニエ (*Streptococcus pneumoniae*) 検出用の配列番号120、121およびそれらの相補配列；
 から選択される請求項11に記載の方法。

【請求項14】

増幅用プライマーが、少なくとも12ヌクレオチドの長さを有し以下に記載のヌクレオチド配列のいずれか1つとハイブリダイズし得ることを特徴とする、請求項1～13のいずれか1項に記載の方法；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 bla_{rem} が介在する - ラクタム抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号161またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 bla_{rob} が介在する - ラクタム抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号162またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 bla_{shv} が介在する - ラクタム抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号163またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $aadB$ が介在するアミノグリコシドに対する細菌の耐性を検出するための配列番号164またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $aacC1$ が介在するアミノグリコシド抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号165またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $aacC2$ が介在するアミノグリコシド抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号166またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $aacC3$ が介在するアミノグリコシド抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号167またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $aacA4$ が介在するアミノグリコシド抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号168またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $me cA$ が介在する - ラクタム抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号169またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $vanH$, $vanA$ および $vanX$ が介在するバンコマイシンに対する細菌の耐性を検出するための配列番号170またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $satA$ が介在するストレプトグラミンA (*streptogramin A*) に対する細菌の耐性を検出するための配列番号173またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 $aacA - aphD$ が介在するアミノグリコシド抗生物質に対する細菌の耐性を検出するための配列番号174またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 vat が介在するバージニアマイシンに対する細菌の耐性を検出するための配列番号175またはその相補配列；

10

20

30

40

50

細菌性抗生物質耐性遺伝子 *vga* が介在するバージニアマイシンに対する細菌の耐性を検出するための配列番号 176 またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 *msrA* が介在するエリスロマイシンに対する細菌の耐性を検出するための配列番号 177 またはその相補配列；

細菌性抗生物質耐性遺伝子 *int* が介在する - ラクタム、アミノグリコシド、クロラムフェニコールまたはトリメトプリムに対する細菌の耐性を検出するための配列番号 171 またはその相補配列；および

細菌性抗生物質耐性遺伝子 *sul* が介在する - ラクタム、アミノグリコシド、クロラムフェニコールまたはトリメトプリムに対する細菌の耐性を検出するための配列番号 172 またはその相補配列。

10

【請求項 15】

いずれかの細菌種を検出するためのユニバーサルプローブを更に含み、該プローブが、少なくとも 12 ヌクレオチドの長さを有し、いずれかの細菌種および配列番号 122、配列番号 123、配列番号 124、配列番号 125、配列番号 128、配列番号 129、配列番号 130 およびそれらの相補配列の少なくとも 1 つとハイブリダイズし得るヌクレオチド配列を含む少なくとも 1 種類の一本鎖核酸を含むことを特徴とする請求項 11 ~ 14 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 16】

ユニバーサルプローブが配列番号 122、配列番号 123、配列番号 124、配列番号 125、配列番号 128、配列番号 129、配列番号 130 およびそれらの相補配列から成る群より選択される、請求項 15 に記載の方法。

20

【請求項 17】

ユニバーサルプライマーが少なくとも 1 種類の一本鎖核酸を含み、そのヌクレオチド配列は少なくとも 12 ヌクレオチドの長さを有し、いずれかの細菌種および配列番号 126 および配列番号 127 ならびにそれらの相補配列の少なくとも 1 つとハイブリダイズし得ることを特徴とする請求項 2 ~ 16 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 18】

プライマーが配列番号 126 および 127 を含む、請求項 17 に記載の方法。

【発明の詳細な説明】

発明の背景

30

細菌の古典的同定

細菌は、古典的には、API 20E™ システムのごとき生化学検査の使用を通じて炭素源および窒素源としての異なる基質を利用するその能力によって同定される。グラム陰性桿菌の感受性検査は微量希釈検査法まで進歩した。API および微量希釈システムはコスト的に有利であるが、検体から細菌を単離し同定するのに 2 晩連続してインキュベーションする必要があるため、予備的結果を得るのに少なくとも 2 日必要である。高性能で高価な装置を用いるいくつかのより迅速な検出方法が開発されてきた。例えば、最も速い同定システム、autoSCAN-Walk-Away™ システムは、2 時間で、単離された細菌コロニーからのグラム陰性およびグラム陽性菌を共に同定し、わずか 7 時間で抗生物質に対する感受性パターンを同定する。しかしながら、このシステムは、特に腸内細菌科 (Enterobacteriaceae) 以外の細菌種に関し、許容されない誤差限界を有する (York ら、1992、J. Clin. Microbiol. 30: 2903 - 2910)。それにも拘わらず、この最も迅速な方法でさえ純粋培養体として細菌を一次単離する必要がある、このプロセスは、もし純粋培養体があれば少なくとも 18 時間を要し、あるいはもし混合された培養体があれば、2 ~ 3 日要する。

40

尿検体

細菌同定のために日常的に診断微生物検査室で受容される検体の主体 (40 - 50%) は尿検体である (Pezzillo, 1988, Clin. Microbiol. Rev. 1: 268 - 280)。尿管感染 (UTI) は極めて一般的であり、女性の 20% までが罹り、入院患者のなかで罹患率が高くまた死亡率の増大が報告されている (Johnson お

50

よび Stamm, 1989; Ann. Intern. Med. 111:906-917)。UTIは細菌性病因の一般的なものであって、抗微生物薬療法を要する。グラム陰性桿菌大腸菌 (*Escherichia coli*) は、断然、最も普通の尿病原体であって、UITの50~60%と見積もられている (Pezzlo, 1988, 前掲)。「Centre Hospitalier de l'Université Laval (CHUL)」で最近観察された尿検体から単離された細菌病原体に対する罹患率を表1および表2に示した。

尿検体における通常の病原体同定

尿検体中の病原体の検査は日常的微生物検査室で圧倒的に多く実施されるので、膨大な検査法が開発されてきた。その中心的方法 (gold standard) は依然として古典的な半定量的平板培養方法であり、この方法では、1検量ループの尿を平板上に画線し、18-24時間インキュベートする。次いで、コロニーを計数して、尿1リットル当たりのコロニー形成単位 (CFU) の総数を決定する。細菌性UTIは、通常、尿中の 10^7 CFU/Lの細菌数に関連している。しかしながら、尿中 10^7 未満のCFU/Lでの感染も、特に、病気の発症率の高い患者やカテーテル処置した患者では可能である (StarkおよびMaki, 1984, N. Engl. J. Med. 311:560-564)。重要な点は、検査した尿検体の80%近くが陰性であることである ($< 10^7$ CFU/L; 表3)。

細菌病原体についての正確で迅速な尿スクリーニング方法は、陰性結果のより迅速な判定と患者のより効果的な臨床診断を可能とするであろう。いくつかの迅速な判定方法 (UriscreeenTM, UTIscreeenTM, Flash TrackTM DNAプローブ等) が最近、細菌病原体の培養に基づいたより遅い標準的生化学法と比較されている。かなり速いのであるが、これらの迅速テストは、感度が低くかつ特異性が低いというのに、偽陰性および偽陽性結果の数も多い (Koeningら, 1992, J. Clin. Microbiol. 30:342-345; Pezzloら, 1992, J. Clin. Microbiol. 30:640-684)。

培養によって陽性であることが分かった尿検体はさらに、細菌病原体を同定するために標準的な生化学検査法を用いて特徴付けられ、また抗生物質に対する感受性について検査される。

臨床検体

本明細書中で具体例として使用された尿検体に関しては、本出願人のプローブおよび増幅プライマーは任意の他の臨床検体に対しても適用できる。本発明で提供されるDNAを主体とする検査法は、迅速性および正確さの点で、日常的診断で現在使用されている標準的方法よりも優れている。高パーセンテージの尿検体が陰性である一方、多くの他の臨床検体では、95%を超える培養体が陰性である (表4)。これらのデータはさらに、陰性の臨床検体をスクリーニングするための普遍的プローブの使用を支持する。ヒト以外の生物 (例えば、他の霊長類、哺乳動物、農場動物または家畜) からの臨床検体も使用できる。

迅速なDNA主体の診断検査法の開発

迅速な診断検査法は感染の管理に対して重要な影響を与えるべきである。臨床試料中の病原体および抗生物質耐性遺伝子の同定については、DNAプローブおよびDNA増幅技術が常法よりも優れたいくつかの利点を提供する。継代培養をする必要がなく、従って、生物を臨床試料で直接的に検出でき、それにより、病原体の単離に伴うコストおよび時間を減少させる。DNAを主体とする技術は、臨床微生物検査室において特定の利用者に極めて有用である。例えば、臨床検体中の病原体の直接的検出のためのハイブリダイゼーションプローブまたはDNA増幅の使用に基づく栄養条件の面倒な生物の検出用キットは、商業的に入手可能である (Persingら, 1993, Diagnostic Molecular Microbiology; Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.)。

本発明は、日常的診断のために病院の臨床微生物検査室および私的な診療所で使用される通常の培養同定方法に対する有利な代替法である。かなり速いという以外に、DNA主体の診断検査法は、診断に現在使用されている標準的な生化学検査法よりもより正確である。何故ならば、細菌の遺伝子型（例えば、DNAレベル）は細菌表現型（例えば、生化学的特性）よりもより安定だからである。本発明の独創性は、通常遭遇する細菌病原体の12種に特異的なゲノムDNA断片（少なくとも100塩基対のサイズ）をゲノムライブラリーまたはデータバンクから選択した。ゲノムライブラリーからまたは選択したデータバンク配列からハイブリダイゼーションによって同定された種特異的DNA断片の配列に共に由来する増幅プライマーまたはオリゴヌクレオチドプローブ（共に長さが100ヌクレオチド未満）を診断検査法を開発するためのベースとして使用する。一般的に遭遇し臨床的に重要な細菌耐性遺伝子の検出用のオリゴヌクレオチドプローブおよびプライマーも含まれる。例えば、Annex IおよびIIには、すべてゲノムライブラリーまたはデータバンク配列から選択された種特異的DNA断片に由来する適当なオリゴヌクレオチドプローブおよびPCRプライマーのリストがある。当業者は、Annex 1および2にリストされたもの以外の前記細菌種の特異的検出に適するオリゴヌクレオチド配列を種特異的断片または選択されたデータバンク配列から得ることが明らかに可能であろう。例えば、オリゴヌクレオチドは、本出願人が選択したものよりも短くても長くてもよく、また、同定された種特異的配列または選択されたデータバンク配列のいずれの他のところからも選択できる。あるいは、オリゴヌクレオチドはPCR以外の増幅方法での使用のために設計することもできる。したがって、本発明の核心部分は、細菌ゲノムDNAライブラリーから

10

20

の種特異的ゲノムDNA断片の同定、および種特異的かつ遍在的オリゴヌクレオチド源として使用されるデータバンク配列からのゲノムDNA断片の選択である。種特異的断片の配列または選択されたデータバンク配列からの診断目的に適したオリゴヌクレオチドの選択はかなり努力を要するが、当業者には、本出願人の見出した断片または選択したデータバンク配列から、本出願人が選択し具体例としてテストしたもの（Annex IおよびII）とは異なる適当なオリゴヌクレオチドを選び出すのは全く可能である。

30

なかには、本出願人がその種特異的配列を同定した細菌病原体のいくつかについてそれらの検出および同定のためのDNA主体の検査法を開発した者もいる（PCT出願公開第WO93/03186号）。しかしながら、それらの戦略は高度に保存された16S rRNA遺伝子の増幅、およびその後の内部種特異的オリゴヌクレオチドとのハイブリダイゼーションに基づくものであった。本発明の戦略はかなり簡単でより迅速であるが、これは、種特異的細菌ゲノムDNA断片に由来するオリゴヌクレオチドを用いて種特異的標的の直接的増幅を可能とするからである。

臨床検体の高パーセンテージは陰性であるので、臨床検体で恐らくは遭遇するすべての細菌病原体を検出して、臨床検体が感染されているか否かを判定するために、オリゴヌクレオチドプライマーおよびプローブを高度に保存的な16Sまたは23S rRNA遺伝子から選択した。この戦略は、細菌学的検査に付された多数の陰性臨床検体の迅速なスクリーニングを可能とする。

本出願人はさらに、一般的に遭遇し臨床的に関連する細菌耐性遺伝子を標的化することによって、細菌同定を同時に行い、抗生物質に対する推定感受性を迅速に測定するために、他のDNA主体検査法を開発している。選択された抗生物質耐性遺伝子からの配列が利用でき、それを用いてそれらの検出のためのDNA主体の検査法が開発されてきたが（EhrlichおよびGreenberg, 1994, PCR-based Diagnostics in Infectious Disease, Blackwell Scientific Publications, Boston, Massachusetts; Persingら、1993, Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.）、本出願人のアプローチは細菌の培養に基づく現在の「中心的方法たる」診断法よりも優れた主要な改良を示す点で革新的である。何故なら、1

40

50

時間以内で直接的に臨床検体から、特異的細菌病原体の存在の迅速な同定および抗生物質に対するその感受性の評価を可能にするからである。

本出願人は、本出願人が開発して細菌培養に基づかない迅速で単純な診断検査法が病院の臨床微生物検査室および個人的診療所で現在使用されている時間のかかる通常の細菌同定方法と徐々に置き換わるであろうと信じている。本出願人の意見では、ひどくかつ通常の細菌病原体および抗生物質耐性についてのこれらの迅速なDNA主体診断検査法は(i)治療を最適化することによって生命を救い、(ii)広域スペクトル抗生物質の使用を減少させることによって抗生物質耐性を低減させ、(iii)入院をなくしまたは短期間とすることによって総健康費用を低減させるであろう。

発明の概要

本発明により、臨床検体中の通常に遭遇する細菌病原体(すなわち、大腸菌(*Escherichia coli*)、クレブシエラ・ニューモニエ(*Klebsiella pneumoniae*)、シュードモナス・アエルギノーサ(*Pseudomonas aeruginosa*)、プロテウス・ミラビリス(*Proteus mirabilis*)、ストレプトコッカス・ニューモニエ(*Streptococcus pneumoniae*)、スタフィロコッカス・アウレウス(*Staphylococcus aureus*)、スタフィロコッカス・エピデルミディス(*Staphylococcus epidermidis*)、エンテロコッカス・フェカリス(*Enterococcus faecalis*)、スタフィロコッカス・サブロフィティカス(*Staphylococcus saprophyticus*)、ストレプトコッカス・ピオゲネス(*Streptococcus pyogenes*)、ヘモフィラス・インフルエンザ(*Haemophilus influenzae*)およびモラキセラ・カタールハリス(*Moraxella catarrhalis*))の検出に特異的である、ゲノムライブラリーまたはデータバンクからハイブリダイゼーションによって選択されたゲノムDNA断片(配列表に記載した全部又は少なくとも100塩基対のサイズ)からの配列が提供される。これらの細菌種は、尿管感染の約90%に、および敗血症、髄膜炎、肺炎、腹腔内感染、皮膚感染および多くの他の重症呼吸器管感染の高パーセンテージに関連する。総じて、前記細菌種は、日常的微生物検査室で単離された細菌病原体の80%までを占める。

ハイブリダイゼーション(プローブ)またはDNA増幅(プライマー)のための合成オリゴヌクレオチドは、前記種特異的DNA断片(0.25~5.0キロベース対(kbp)のサイズ範囲)または選択されたデータバンク配列(GenBankおよびEMBL)に由来するものであった。そのオリゴヌクレオチドプローブおよび増幅プライマーのいくつかは、選択されたデータバンク配列に由来する細菌種は、大腸菌(*Escherichia coli*)、エンテロコッカス・フェカリス(*Enterococcus faecalis*)、ストレプトコッカス・ピオゲネス(*Streptococcus pyogenes*)およびシュードモナス・アエルギノーサ(*Pseudomonas aeruginosa*)である。当業者ならば、本発明の重要な革新部分が、ハイブリダイゼーションによって細菌ゲノムライブラリーから、またはデータバンク配列から選択された種特異的DNA断片の同定であることが分かるだろう。診断目的に適したこれらの断片からのオリゴヌクレオチドの選択も革新的であることが分かるだろう。実際にテストされたものとは異なる特異的かつ普遍的オリゴヌクレオチドは本発明の具体例とみなされる。

臨床検体からの病原体の検出用のハイブリダイゼーション(断片またはオリゴヌクレオチドプローブを使用する)またはDNA増幅プロトコルの開発は非常に迅速な細菌同定を可能にする。これは、臨床検査室において病原体の同定に現在必要とされている時間を大いに短縮する。これらの技術は、細菌DNAを放出させるための任意の生物学的検体の前処理が最小であって、臨床検体から直接細菌の検出および同定に適用できるからである。100%特異的であることに加えて、プローブおよび増幅プライマーは直接的に、臨床検体から、あるいは単離したコロニーから細菌種の同定を可能にする。DNA増幅アッセイは、ハイブリダイゼーションアッセイよりも速くかつ感度が良いというさらなる利点を有する。それらのアッセイは、細菌ゲノムからのDNAの標的セグメントの迅速で指数的なイ

10

20

30

40

50

ン・ピトロ複製を可能とするからである。いずれの細菌病原体の検出も可能とする、細菌間で高度に保存された16S又は23S rRNA遺伝子から選択された普遍的プローブおよび増幅プライマーは、診断検査室で受容された多数の陰性臨床検体をスクリーニングする手法として供されるであろう。一般的に遭遇し臨床的に重要な耐性遺伝子を同定するための抗生物質耐性をコードする特徴付けられた細菌遺伝子に相補的なオリゴヌクレオチドプローブまたはプライマーも本発明の範囲内にある。

発明の詳細な説明

種特異的DNAプローブの開発

以下の細菌種：大腸菌 (*Escherichia coli*)、クレブシエラ・ニューモニエ (*Klebsiella pneumoniae*)、シウドモナス・アエルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*)、プロテウス・ミラビリス (*Proteus mirabilis*)、ストレプトコッカス・ニューモニエ (*Streptococcus pneumoniae*)、スタフィロコッカス・アウレウス (*Staphylococcus aureus*)、スタフィロコッカス・エピデルミディス (*Staphylococcus epidermidis*)、スタフィロコッカス・サブロフィティカス (*Staphylococcus saprophyticus*)、ヘモフィラス・インフルエンザ (*Haemophilus influenzae*) およびモラキセラ・カタルハリス (*Moraxella catarrhalis*) についてDNA断片プローブを開発した。(エンテロコッカス・フェカリス (*Enterococcus faecalis*) およびストレプトコッカス・ピオゲネス (*Staphylococcus pyogenes*) については、オリゴヌクレオチド配列は、絶対的に、選択されたデータバンク配列に由来した)。これらの種特異的断片を、種々のグラム陽性およびグラム陰性細菌種からのDNAに対するハイブリダイゼーションによって細菌ゲノムライブラリーから選択した(表5)。

プローブが求められる各細菌種からの染色体DNAは標準的な方法を用いて単離した。Sau3AIのごとき頻繁に切断する制限酵素でDNAを消化し、次いで、適当な制限エンドヌクレアーゼ消化によって線状化した細菌プラスミドベクターpGEM3Zf (Promega) に連結した。次いで、組換えプラスミドを用いて、コンピテントな大腸菌 (*E. coli*) 株DH5 を形質転換し、それにより、ゲノムライブラリーを得た。標準的な方法を用いて形質転換細菌細胞のプラスミド含量を分析した。0.25 ~ 5.0キロベース対 (kbp) のサイズ範囲の標的細菌のDNA断片を、種々ののエンドヌクレアーゼでの組換えプラスミドの消化によってベクターから切り出した。アガロース電気泳動によってインサートをベクターから分離し、低融点アガロースゲル中で精製した。次いで、細菌ゲノムDNAの精製断片の各々を特異性テストのためのプローブとして用いた。

各与えられた種につき、コーディング可能性が未知のゲル精製制限断片を、ランダムプライミング標識反応によってDNA断片に取り込まれた放射性ヌクレオチド ^{32}P (dATP) で標識した。標識として使用するために、非放射性の改変されたヌクレオチドもこの方法によってDNAに取り込むことができた。

次いで、各DNA断片プローブ(すなわち、ゲノムライブラリーからランダムに選択されたクローンから切り出した少なくとも100bp長さの細菌ゲノムDNAのセグメント)を、種々の細菌種からのDNAとのハイブリダイゼーションによってその特異性についてテストした(表5)。二本鎖標識DNAプローブを熱変性して、標識された一本鎖DNAが得られ、これを次いで固体支持体に固定化されたまたは溶液中のいずれかの一本鎖標的DNAにハイブリダイズさせることができた。標的DNAは、臨床試料で見い出された細菌種の列からの全細胞DNAよりなるものであった(表5)。各標的DNAを細菌細胞から遊離させ、常法によって変性し、次いで、固体支持体(例えば、ナイロンまたはニトロセルロース膜)に不可逆的に固定し、あるいは溶液中に遊離させた。次いで、固定した一本鎖標的DNAを一本鎖プローブとハイブリダイズさせた。プレ-ハイブリダイゼーション、ハイブリダイゼーションおよびポスト-ハイブリダイゼーション条件は以下の通りであった：(1)プレ-ハイブリダイゼーション；1M NaCl + 10%デキストラン硫

10

20

30

40

50

酸 + 1% SDS (ドデシル硫酸ナトリウム) + 100 µg/ml サケ精子DNA 中、65 15分、(ii) ハイブリダイゼーション; 標識したプローブを含有する新鮮なプレ-ハイブリダイゼーション溶液中、65 一晚、(iii) ポスト-ハイブリダイゼーション; 1% SDS を含有する 3 × SSC (1 × SSC は 0.15 M NaCl、0.015 M クエン酸ナトリウムである) 中で 2 回、および 0.1% SDS を含有する 0.1 × SSC 中で 2 回洗浄; 全ての洗浄は 65 において 15 分間であった。洗浄したフィルターのオートラジオグラフィは、選択的にハイブリダイズしたプローブの検出を可能とした。特異的標的 DNA とプローブのハイブリダイゼーションは、これらの 2 の DNA のヌクレオチド配列間の高度の類似性を示した。

0.25 ~ 5.0 kbp のサイズ範囲の種々の細菌ゲノムライブラリーから選択した種特異的 DNA 断片を、前記したごとくに行った種々の細菌からの染色体 DNA に対するハイブリダイゼーションに基づいて、10 種の通常の細菌病原体 (表 6) につき単離した。テストした細菌種のすべて (表 5 にリストした 66 種) は通常の感染に関連した病原体または臨床検体から単離できる可能な夾雑物のようであった。DNA 断片プローブは、それを単離した病原体のみにハイブリダイズした場合のみ、特異的とみなされた。特異的であることが判明した DNA 断片プローブを、引き続いて、目的とする種の約 10 ~ 80 種の臨床単離体からの細菌 DNA に対するハイブリダイゼーションによってその遍在性につきテストした (すなわち、遍在性プローブは標的種のほとんどの単離体を認識した) (表 6) 。DNA を変性し、ナイロン膜に固定し、前記したごとくハイブリダイズさせた。

種特異的断片プローブの配列決定

Sequenase (USB Biochemicals) または T7 DNA ポリメラーゼ (Pharmacia) を用いて行ったジデオキシヌクレオチド終止配列決定法を用いて、単離された種特異的 DNA 断片 (表 6) の全体または一部のヌクレオチド配列を決定した。これらのヌクレオチド配列を配列表に示す。また、データバンク (GenBank および EMBL) から選択した配列を、大腸菌、エンテロコッカス・フェカリス、ストレプトコッカス・ピオゲネスおよびシウドモナス・アエルギノーサ用の診断目的でオリゴヌクレオチド源として用いた。この戦略では、データバンクから選択した種々のゲノム DNA 断片 (100 bp を超えるサイズ) に由来する適当なオリゴヌクレオチドプライマーまたはプローブの列を、後記するごとく、PCR およびハイブリダイゼーションアッセイにおいてそれらの特異性および普遍性につきテストした。データバンク配列は、利用できる配列情報に応じて種特異的であるそれらの可能性に基づいて選択されたことに注意するのが重要である。種特異的オリゴヌクレオチドが由来するデータバンク配列のみが本発明に含まれる。

ゲノムライブラリーからまたはデータバンク配列から選択された種特異的断片に由来するオリゴヌクレオチドプローブおよび増幅用プライマーを、自動 DNA 合成装置 (Millipore) を用いて合成した。合成に先立ち、すべてのオリゴヌクレオチド (ハイブリダイゼーション用のプローブおよび DNA 増幅用のプライマー) を、標準的なプログラム (例えば、Genetics Computer Group (GCG) および Oligo™ 4.0 (National Biosciences)) を用いるコンピューター解析によるポリメラーゼ連鎖反応によって、ハイブリダイゼーションまたは DNA 増幅についてのそれらの適性につき評価した。また、PCR プライマー対の可能な適性も、1 ヌクレオチドの長いストレッチ、3' 末端における高い割合の G または C 残基、および 3' - 末端 T 残基のごとき望まない特徴の不存在を確認することによって合成に先立ち評価した (Persingら、1993, Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.)。

オリゴヌクレオチドプライマーとのハイブリダイゼーション

ハイブリダイゼーション実験では、オリゴヌクレオチド (100 ヌクレオチド未満のサイズ) は、大量調製の容易性、バッチ間の結果の一致性、および化学的安定性のごとき、細

10

20

30

40

50

菌検出用のDNA断片プローブとしてのいくつかの利点を有する。簡言すれば、ハイブリダイゼーションでは、オリゴヌクレオチドはT4ポリヌクレオチドキナーゼ(Pharmacia)を用いて放射性ヌクレオチド³²P(ATP)で5'-末端標識した。Sephadex G50カラムを通して標識一本鎖オリゴヌクレオチドを通過させることによって取り込まれなかった放射性ヌクレオチドを除去した。別法として、オリゴヌクレオチドをピオチンで、酵素的にそれらの3'末端にて標識し、またはジゴキシゲニンで、それらの5'末端にて合成の間に直接的に取り込んだ。当業者ならば、3つの前記標識以外の標識手段が使用できることを認識するであろう。

標的DNAを変性し、固体支持体に固定し、DNA断片プローブにつき前記したごとくにハイブリダイズさせた。プレ-ハイブリダイゼーションおよびハイブリダイゼーションについての条件は前記した通りである。ポスト-ハイブリダイゼーション洗浄条件は以下の通りである：1%SDSを含有する3×SSC中で2回、1%SDSを含有する2×SSC中で2回、および1%SDSを含有する1×SSC中で2回(これらの洗浄の全ては65において15分間)、および25で15分間の1%SDSを含有する0.1×SSC中での最終洗浄。放射性標識で標識したプローブについては、ハイブリッドの検出は前記したオートラジオグラフィーによった。非放射性標識については、検出は比色または化学発光法によった。

オリゴヌクレオチドプローブは二本鎖DNAのいずれかの鎖に由来するものでよい。プローブは塩基A、G、C、またはTまたは類似体よりなるものでよい。プローブは任意の適当な長さでよく、ゲノムライブラリーからまたはデータバンク配列から選択された種特異的ゲノムDNA断片内の全ての場所から選択できる。

DNA増幅

広く使用されるPCR(ポリメラーゼ連鎖反応)方法によるDNA増幅については、プライマー対は、配列決定した種特異的DNA断片から、またはデータバンク配列からのいずれかに由来するものであり、あるいは、オリゴヌクレオチドプローブの短縮バージョンである。合成に先立ち、OligoTM4.0(National Biosciences)を用いることによって潜在的なプライマー対を分析して、それらがPCR増幅用の候補であるかを確認した。

PCRによるDNA増幅の間に、各々が細菌ゲノムからの変性二本鎖標的DNAの各鎖に結合する2つのオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、DNAの変性、プライマーのアニーリングおよび各サイクルにおける新しい標的の合成を行う連続的熱サイクルによってイン・ピットにて標的DNAを指数的に増幅させた(Persingら、1993、Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications, American Society for Microbiology, Washington, D.C.)。簡言すると、PCRプロトコルは以下の通りである。50mM KCl、10mMトリス-HCl pH8.3、2.5mM MgCl₂、0.4μMの2つのプライマーの各々、200μMの4のdNTPの各々、および1.25ユニットのTaq DNAポリメラーゼ(Perkin Elmer)を含有する50μL PCR反応混合物に、臨床的検体または細菌コロニーを直接添加した。次いで、Perkin Elmer 480TMサーマルサイクラーを用いて、PCR反応を熱サイクル(95で3分、続いて95で1秒および55で1秒の30サイクル)に付し、続いて、標準的なエチジウムブロミド-染色アガロースゲル電気泳動によって分析した。日常的診断についてのより速くより実用的であり得る、特異的増幅産物の検出用の他の方法を使用できるのは明らかである。かかる方法は、増幅後の蛍光(例えば、Perkin ElmerからのTaqManTMシステムまたはBiotronicsからのAmplisensorTM)または特異的増幅産物の内部配列に結合するオリゴヌクレオチドプローブとの液体ハイブリダイゼーションの検出に基づくものであってよい。これらの新規プローブは本出願人の種特異的断片プローブから作成することができる。蛍光の検出に基づく方法は、特に、非常に迅速で定量的かつ自動化できるので、日常的診断での利用に有望である。

10

20

30

40

50

PCR効率を確実にするために、グリセロールまたはジメチルスルホキシド(DMSO)または他の関連溶媒を用いて、PCRの感度を増加させ、高いGC含量または強い二次構造を伴う標的での増幅に関連する問題を克服することができる。グリセロールおよびDMSOについての濃度範囲は、各々、5 - 15% (v/v) および3 - 10% (v/v) である。PCR反応混合物については、増幅プライマーおよびMgCl₂についての濃度範囲は、各々、0.1 - 1.0 μM および1.5 - 3.5 mM である。外部およびネステッド(nested)プライマー(すなわち、ネステッド(nested)PCR)を用いる、あるいは1を超えるプライマー対(すなわち、多重PCR)を用いる標準的なPCRプロトコルの改良型を用いることもできる(Persingら、1993, *Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications*, American Society for Microbiology, Washington, D.C.)。PCRプロトコルおよびアンプリコン検出方法についてのより詳細は、実施例7および8を参照されたい。DNA増幅の当業者は、リガーゼ連鎖反応(LCR)、転写-ベース増幅システム(TAS)、自己保持配列複製(3SR)、核酸配列-ベース増幅(NASBA)、鎖置換増幅(SDA)および分岐DNA(bDNA)のごとき他の迅速な増幅手法の存在を知っているであろう(Persingら、1993, *Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and Applications*, American Society for Microbiology, Washington, D.C.)。本発明の範囲はPCRによる増幅の使用に限定されず、むしろ、検査の迅速性および感度を増加させるのに使用できるいずれの迅速な核酸増幅方法またはいずれの他の手法の使用も含む。PCR以外のアプローチによる核酸の増幅に適し、本明細書に含まれる種特異的断片からの、および選択された抗生物質耐性遺伝子配列から由来のオリゴヌクレオチドも本発明の範囲内にある。

オリゴヌクレオチドプローブおよびプライマーについての特異性および遍在性テスト

配列決定した種特異的断片またはデータバンク配列のいずれかに由来するオリゴヌクレオチドプローブの特異性を、前記した表5にリストした細菌種の列からのDNAに対するハイブリダイゼーションによってテストした。特異的であることが判明したオリゴヌクレオチドを、ひき続いて、断片プローブにつき前記したごとく標的種の約80の単離体からの細菌DNAに対するハイブリダイゼーションによってそれらの遍在性につきテストした。プローブが単離体の少なくとも80%からのDNAと特異的にハイブリダイズした場合にプローブを遍在性とみなした。オリゴヌクレオチドプローブについての特異性および遍在性テストの結果は表6にまとめた。増幅プライマー対の特異性および遍在性は、同一細菌株の培養体(実施例7参照)から直接テストした。特異性および遍在性テストについては、PCRアッセイは、標的種の約80の単離体の細菌コロニーから直接行った。結果を表7にまとめた。調べた12の細菌種の各々についてのすべての特異的および普遍的オリゴヌクレオチドプローブおよび増幅用プライマーを、各々、Annex IおよびIIにリストする。配列決定したDNA断片において分岐(divergence)が起こり得、これらの配列またはその一部の分岐がプローブまたは増幅用プライマーの特異性に影響しない限り、細菌DNA変異体は本発明の範囲内にある。

普遍的細菌検出

日常的微生物検査室においては、細菌同定のために送られた臨床検体は高パーセンテージで陰性である(表4)。例えば、2年以上の期間にわたり、「Center Hospitalier de l'Université Laval (CHUL)」の検査室が受け取った尿検体の約80%が陰性であった(すなわち、 $< 10^7$ CFU/L)(表3)。特異的同定に先立って、細菌の存在につき検出し、多数の陰性検体をスクリーニングするための、普遍的プローブまたは普遍的増幅プライマーで臨床試料を検査することは、したがって、コストを節約し、患者の臨床的管理を迅速に方向づけるので有用である。従って、データバンクで入手できる細菌16Sまたは23SリボソームRNA遺伝子配列の高度に保存された部分から、いくつかのオリゴヌクレオチドおよび増幅プライマーを合成

10

20

30

40

50

した (Annex III および IV)。ハイブリダイゼーションテストにおいて、7つのオリゴヌクレオチドのプール (Annex I; 表6) が表5にリストしたすべての細菌種からのDNAに強くハイブリダイズした。放射性ヌクレオチドまたは任意の他の改変ヌクレオチドで標識した普遍的プローブのこのプールは、したがって、尿試料中の細菌の検出で非常に有用であり、 10^7 CFU/Lの感度範囲である。また、これらのプローブは他の臨床試料における細菌検出に適用することもできる。

やはり高度に保存されたりボソームRNA遺伝子の配列に由来する増幅プライマーを、直接臨床検体から普遍的細菌を検出するための代替戦略として使用した (Annex IV; 表7)。検査の感度および迅速性を増大させるために、DNA増幅戦略を開発した。この増幅は普遍的である。というのは、臨床検体で遭遇する23の異なる細菌種からのDNAを特異的に増幅したからである。

リボソームRNA遺伝子以外のよく保存された細菌遺伝子も直接的な臨床検体からの普遍的細菌検出についての良好な候補である。かかる遺伝子は細菌生存に必須の過程 (例えば、蛋白質合成、DNA合成、細胞分裂またはDNA修復) に関連し得、従って、進化の間に高度に保存されたのであろう。本出願人は、直接臨床検体から細菌を普遍的に検出するための新しい迅速な検査法を開発するためにこれらの候補遺伝子について研究をしている。

抗生物質耐性遺伝子

抗微生物耐性は治療を複雑化し、しばしば、治療の失敗に導く。さらに、抗生物質の過剰使用は不可避免的に細菌耐性の出現に導く。本出願人の目標は、1時間以内に、臨床医に必要な情報を提供して、最適の治療を可能にすることにある。遍在性細菌検出用のDNA主体の検査での陰性臨床検体の迅速な同定および特異的細菌検出用のDNA主体の検査で陽性検体における特異的病原体の存在の同定に加え、臨床医は、細菌病原体が抗生物質治療に抵抗する能力についてのタイムリーな情報も必要とする。本出願人は、抗微生物剤に対する細菌耐性を迅速に評価する最も効果的な戦略は、臨床検体から最も普通で重要な抗生物質耐性遺伝子を直接検出すること (すなわち、抗生物質耐性遺伝子の検出用のDNA主体の検査) であると感じる。最も重要で普通の細菌の抗生物質耐性遺伝子からの配列はデータベースから入手できるので、本出願人の戦略は、全遺伝子または一部からの配列を用いて、迅速なDNA主体の検査の開発用のベースとして使用される特異的オリゴヌクレオチドを設計することである。その臨床的罹患率 (すなわち、高い発症率および重要性) に基づいて選択した細菌抗生物質耐性遺伝子からの配列を配列表に示す。表8は選択した抗生物質耐性遺伝子のいくつかの特徴をまとめたものである。

実施例

以下の実施例は本発明の種々の方法および化合物を説明することを意図したものである。

実施例 1

断片の単離およびクローニング

大腸菌株 ATCC 25922、クレブシエラ・ニューモニエ株 CK2、シウドモナス・エルギノーサ株 ATCC 27853、プロテウス・ミラビリス株 ATCC 35657、ストレプトコッカス・ニューモニエ株 ATCC 27336、スタフィロコッカス・アウレウス株 ATCC 25923、スタフィロコッカス・エピデルミディス株 ATCC 12228、スタフィロコッカス・サブロフィチカス株 ATCC 15305、ヘモフィラス・インフルエンザ参照株 Rd およびモラキセラ・カタルハリス株 ATCC 53879 からのゲノムDNAを標準的な手法を用いて調製した。細菌ゲノムDNAは前記したもの以外の株から単離してもよいことは理解されるであろう (エンテロコッカス・フェカリスおよびストレプトコッカス・ピオゲネスについては、オリゴヌクレオチド配列は専らデータベースに由来した)。Sau3AIのごときDNAをしばしば切断する制限酵素で各DNAを消化した。得られたDNA断片をプラスミドベクター (pGEM3Zf) に連結して、組換えプラスミドを得、コンピテントな大腸菌 (E. coli) 細胞 (DH5) に形質転換した。ベクターおよび対応するコンピテント細胞は特に例示した前記のものに限定されないことは理解されるであろう。組換えプラスミドおよび形質転換細胞を得る目的は、プロ

ープとして有用なDNA断片を容易に再生できる供給源として供することにある。従って、挿入された断片が標的細菌DNAに対して特異的で選択的である限り、いずれの組換えプラスミドおよび対応する形質転換宿主細胞も本発明の範囲内のものである。形質転換細菌細胞のプラスミド含量は標準的な方法を用いて分析した。0.25~5.0kbpのサイズ範囲の標的細菌からのDNA断片を、種々の制限エンドヌクレアーゼでの組換えプラスミドの消化によってベクターから切り出した。インサートをアガロースゲル電気泳動によってベクターから分離し、低融点アガロースゲル中で精製した。次いで、精製断片の各々を特異的テストのために使用した。

DNA断片プローブの標識化

使用した標識は³²P(dATP)であり、これは、二本鎖DNA分子に酵素的に取り込むことができる放射性ヌクレオチドである。95℃で5分間加熱することによって目的の断片をまず変性し、次いで、ランダムプライマーの混合物を断片の鎖にアニールさせた。これらのプライマーは、一旦アニールされると、DNA合成のための開始点を提供する。DNAポリメラーゼ、通常はクレノウ断片を4つのヌクレオチドに沿って供し、そのうちの1つは放射性である。反応を停止させたら、新しいDNA分子の混合物を再度変性して放射性の一本鎖DNA分子(すなわち、プローブ)を供する。前記したごとく、他の改変ヌクレオチドを用いてプローブを標識することもできる。

DNA断片プローブについての特異性および遍在性テスト

0.25~5.0kbpのサイズ範囲の種特異的DNA断片を、種々の細菌からの染色体に対するハイブリダイゼーションに基づいて10種の通常の細菌病原体(表6)につき単離した。表5にリストした各細菌株についての全細胞DNAの試料を、ドットプロット装置を用いてナイロン膜に移し、不可逆的に固定する前に洗浄し変性した。ハイブリダイゼーション条件は前記した通りである。DNA断片プローブは、それが単離された病原体のみにハイブリダイズした場合にのみ特異的とみなした。次いで、標的細菌種に対してのみ特異的にハイブリダイズする(すなわち、特異的である)標識DNA断片を、前記したごとく、目的の種の約10~80単離体からのDNAに対するハイブリダイゼーションによってそれらの遍在性につきテストした。プレ-ハイブリダイゼーション、ハイブリダイゼーションおよびポスト-ハイブリダイゼーションについての条件は前記した通りである。オートラグオグラフィー(または使用した非放射性標識に適した他の検出手段)の後、各個々のプローブの特異性を決定することができる。特異的であること(すなわち、それが単離された細菌種からのDNAに対してのみハイブリダイズすること)および普遍的であること(すなわち、標的種のほとんどの単離体にハイブリダイズすること)が判明した各プローブをさらなる実験のために保存した。

実施例 2

株のテストがコロニーハイブリダイゼーションによる以外は実施例1に同じ。細菌株を、栄養寒天上に置いたナイロン膜に接種した。該膜を37℃で2時間インキュベートし、次いで、細菌の溶解およびDNA変性を標準的な方法に従って行った。DNAハイブリダイゼーションは前記したごとくに行った。

実施例 3

細菌を直接臨床試料から検出した以外は実施例1に同じ。いずれの生物学的試料も直接ドットプロット装置にロードし、細胞を細菌検出のためにイン・サイチュ(in situ)溶解させた。ドットプロット装置への便利なローディングを妨げる凝固を回避するために、血液試料はヘパリン処理すべきである。

実施例 4

DNA断片のヌクレオチド配列決定

特異的および普遍的であることが判明した各断片の全部または一部のヌクレオチド配列(実施例1)を、ジデオキシヌクレオチド終止配列決定法(Sangerら、1977、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74:5463-5467)を用いて決定した。これらのDNA配列を配列表に示す。オリゴヌクレオチドプローブおよび増幅用プライマーはこれらのヌクレオチド配列から選択するか、あるいは、選択したデータバン

10

20

30

40

50

クから選択し、次いで、ホスホアミダイト化学を用いて、自動Biosearch合成装置(Millipore™)で合成した。

オリゴヌクレオチドの標識化

前記したごとくに、T4ポリヌクレオチドキナーゼによって、各オリゴヌクレオチドを³²P-ATPで5'末端標識した。標識は非放射性であってもよい。

オリゴヌクレオチドプローブについての特異的テスト

前記したごとくに、種々のグラム陽性およびグラム陰性細菌種からのDNAに対するハイブリダイゼーションによって、すべての標識したオリゴヌクレオチドプローブをそれらの特異性につきテストした。種特異的プローブは、それが単離された細菌種からのDNAに対してのみハイブリダイズするものであった。特異的であることが判明したオリゴヌクレオチドプローブを以下のごとくに遍在性テストに供した。

10

オリゴヌクレオチドプローブについての遍在性テスト

次いで、異的オリゴヌクレオチドプローブを、標的種の約80株につき遍在性テストで用いた。単離体からの染色体DNAをナイロン膜に移し、特異性テストにつき前記したごとくに標識オリゴヌクレオチドプローブとハイブリダイズさせた。各標的種について構築した約80の単離体群は参照ATCC株ならびに種々の供給源から得られた臨床単離体を含む。普遍的プローブは、標的種の臨床的単離体群からのDNAの少なくとも80%にハイブリダイズするものであった。特異的および普遍的オリゴヌクレオチドプローブの例はAnnex 1にリストする。

実施例 5

20

細菌同定のために特異的オリゴヌクレオチドプローブのプールを用いて、(i)感度を増加させ、100%遍在性を確実とし、あるいは(ii)1を超える細菌種を同時に同定する。細菌同定は単離コロニーから、あるいは直接臨床検体から行うことができた。

実施例 6

PCR増幅

PCRの技術を用いてテストの感度および迅速性を増加させた。使用したPCRプライマーはしばしばハイブリダイゼーションアッセイにつき従前に開発したオリゴヌクレオチドの広範なセットのより短い誘導體であった(表6)。プライマーセットを、直接細菌コロニーまたは細菌懸濁液から行ったPCRアッセイでテストして(実施例7参照)、それらの特異性および遍在性を測定した(表7)。特異的および普遍的PCRプライマー対の例をAnnex IIにリストする。

30

増幅プライマーについての特異性および遍在性テスト

すべての選択されたPCRプライマーの特異性を、オリゴヌクレオチドプライマーをテストするのに使用したグラム陰性およびグラム陽性菌群に対してテストした(表5)。次いで、各種につき特異的であることが判明したプライマー対をそれらの遍在性につきテストして、プライマーの各セットが標的種の約80の単離体群からのDNAの少なくとも80%を増幅できることを確認した。各種につき構築した単離体群は参照ATCC株および各種についての臨床的多様性に代表的な種々の臨床単離体を含む。

偽陽性PCR結果を回避するための標準的注意を払うべきである。ウラシル-N-グリコシラーゼによる不活性化のごときPCR増幅産物を不活性化する方法を用いてPCR持ちだし(carry over)を制御することができる。

40

実施例 7

細菌コロニーまたは懸濁液からの直接的増幅

PCRアッセイを、細菌コロニーまたは細菌懸濁液から直接的に行ったが、後者は標準McFarland 0.5に調整した(1.5×10^8 細菌/mLに対応)。コロニーからの直接増幅の場合、プラスチックロッドを用いて、該コロニーの一部を直接50 μ L PCR反応混合物(50 mM KCl、10 mM トリス pH 8.3、2.5 mM MgCl₂、各0.4 μ Mの2つのプライマー、各200 μ Mの4つのdNTPおよび1.25ユニットのTaq DNAポリメラーゼ(Perkin Elmer)を含有)に移した。細菌懸濁液については、4 μ Lの細胞懸濁液を46 μ Lの同一PCR反応混合物に添加し

50

た。両戦略につき、反応混合物に50 µLの鉱油を重層し、Perkin Elmer 480™サーマルサイクラーにて、95 における3分間の最初の変性工程、続いての95 における1秒間の変性工程および55 における1秒間のアニーリング工程からなる30サイクルを行った。次いで、標準的なアガロースゲル(2%)電気泳動によってPCR増幅産物を分析した。増幅産物を、254 nmの紫外線下で、2.5 µg/mLのエチジウムブロミドを含有するアガロースゲル中で可視化した。全PCRアッセイは約1時間内に完了することができる。

また、「ホットスタート(hot start)」プロトコルを用いる以外は前記と同様にして、細菌培養からの増幅を行った。その場合、標的DNA、プライマーおよびdNTPを含有する最初の反応混合物を、PCR反応混合物の他の成分の添加に先立って、85 10 で加熱した。すべての試薬の最終濃度は前記した通りである。引き続き、前記したごとくにPCR反応物をサーマルサイクルおよび分析に付した。

実施例 8

臨床検体からの直接的増幅

尿検体からの増幅には、4 µLの非希釈または希釈(1:10)尿を前記PCR反応混合物46 µLに直接添加し、前記したごとくに増幅した。

細菌細胞溶解を改良し、臨床検体のPCR阻害作用を排除するために、試料を、界面活性剤を含有する溶解緩衝液にルーチン的に希釈した。続いて、溶解物をPCR反応混合物に直接添加した。DNA増幅に先立って、サーモサイクラーまたはマイクロ波オープンを用いる溶解物の加熱処理を行って、細胞溶解の効率を増加させることもできた。 20

1つの戦略は、臨床検体のPCR阻害作用を排除し、細菌細胞を溶解させて、直接的に種々の生物学的試料からDNA増幅を行うための迅速で簡便なプロトコルを開発することである。PCRは粗製DNA調製物に適合するという利点を有する。例えば、血液、脳脊髄液および血清を、簡単な加熱処理の後にPCRアッセイで直接使用することができる。本出願人は、かかる迅速で簡便な戦略を使用して、種々の臨床検体からのDNA増幅用の迅速なプロトコルを開発することを意図する。

実施例 9

抗生物質耐性遺伝子の検出

頻繁に遭遇し臨床的に重要な特異的抗生物質耐性遺伝子の存在は、前章に記載したPCR増幅またはハイブリダイゼーションプロトコルを用いて同定される。DNA主体の検査の 30 ベースとして使用される特異的オリゴヌクレオチドは抗生物質耐性遺伝子配列から選択される。これらの検査は直接的に臨床検体からまたは細菌コロニーから行うことができ、特異的細菌同定についての診断用検査を補完するべきである。

実施例 10

多重PCRによって(すなわち、単一PCR反応における数個の対のプライマーを用いて)アッセイを行って、(i)特異的標的病原体につき100%の遍在性に到達するか、または(ii)細菌病原体のいくつかの種を同時に検出する以外は実施例7および8と同じ。

例えば、大腸菌の検出は、100%の遍在性を確認するには3対のPCRプライマーを要する。従って、それらのプライマー対での(「ホット-スタート」プロトコル(実施例7) 40)を用いる)多重PCRアッセイを開発した。また、この戦略を、100%の遍在性に到達するのに要する1を超えるプライマー対についての他の細菌病原体で用いた。

また、多重PCRアッセイを用いて、(i)いくつかの細菌種を同時に測定し、あるいは、(ii)直接に臨床検体からまたは細菌コロニーから、細菌病原体を同時に同定し、特異的抗生物質耐性遺伝子を検出した。

これらの適用については、アンプリコン検出方法を適用して、生じた種々のアンプリコンを区別すべきである。標準的なアガロースゲル電気泳動はそれらのサイズに基づいてアンプリコンを区別するので、それを用いることができた。この目的でもう1つの有用な戦略は、各々が、増幅の間に分解して発蛍光団を放出する蛍光クエンチャーに結合した特異的オリゴヌクレオチドとカップリングする、異なる波長で放射する種々の発蛍光団(例えば 50

、TaqMan™、Perkin Elmer)を用いる検出である。

実施例 1 1

増幅産物の検出

当業者ならば、標準的なアガロースゲル電気泳動(実施例 7)以外の別法を増幅産物の解明に使用できることを認識するであろう。かかる方法は、増幅後の蛍光(例えば、Amplisensor™, Biotronics; TaqMan™)またはビオチンのごとき他の標識(SHARP Signal™, Digene Diagnostics)の検出に基づくものであり得る。これらの方法は定量的であって、容易に自動化される。種特異的断片プローブに由来するアンプリコンに特異的な増幅プライマーまたは内部オリゴヌクレオチドプローブの1つを発蛍光団または任意の他の標識とカップリングさせる。蛍光の検出に基づく方法は、迅速で、異なる波長を放射する発蛍光団をフレキシブルに利用できる(Perkin Elmer)ので、診断用検査に特に適する。

10

実施例 1 2

種特異的、普遍のおよび抗生物質耐性遺伝子増幅用プライマーを、検査の感度を増加させるために、リガーゼ連鎖反応(LCR)、転写ベース増幅システム(TAS)、自己保持配列複製(3SR)、核酸配列ベース増幅(NASBA)、鎖置換増幅(SDA)および分岐DNA(bDNA)またはいずれかの他の方法のごとき他の迅速な増幅手法で用いることができる。増幅は、単離した細菌コロニーからまたは直接に臨床検体から行うことができる。従って、本発明の方法は、PCRの使用に限定されず、むしろ検査の迅速性および感度を増加させるのに使用できる、細菌DNAを特異的に同定するための任意の手法を含む。

20

実施例 1 3

検査キットは、各細菌に特異的なプローブのセットならびに普遍的プローブのセットを含有する。該キットは、非放射性標識で標識した普遍的プローブのセットならびに特異的臨床試料中の目的の各細菌の検出用の標識特異的プローブよりなる、検査成分の形態で提供される。該キットは、プレ-ハイブリダイゼーション、ハイブリダイゼーション、洗浄工程およびハイブリッド検出を行うのに必要な検査試薬も含む。最終的に、公知の抗生物質耐性遺伝子(またはそれからの誘導體)の検出用の検査成分が含まれる。勿論、該キットは、各ハイブリダイゼーション検査用の陰性および陽性対照として使用される標準的試料を含むであろう。

30

キットに含めるべき成分は各検体の種類に適合させ、その種類の検体で通常遭遇する病原体を検出する。また、細菌の普遍的検出用の試薬も含まれるであろう。感染の部位に基づき、病原体の特異的検出のための以下のキットを開発できる：

細菌ゲノムの高度に保存された領域に特異的なプローブのセットを含有する、ほとんどの臨床検体からの細菌病原体の普遍的検出用のキット、

8つの特異的検査成分(大腸菌、エンテロコッカス・フェカリス、クレブシエラ・ニューモニエ、プロテウス・ミラビリス、シュードモナス・アエルギノーサ、スタフィロコッカス・サブロフィチカス、スタフィロコッカス・アウレウスおよびスタフィロコッカス・エピデルミジスの検出用のプローブセット)を含有する、尿試料からの細菌病原体の検出用のキット、

40

7つの特異的検査成分(ストレプトコッカス・ニューモニエ、モラキセラ・カトルハリス、ヘモフィラス・インフルエンザ、クレブシエラ・ニューモニエ、シュードモナス・アエルギノーサ、ストレプトコッカス・ピオゲネスおよびスタフィロコッカス・アウレウスを検出するためのプローブセット)を含有する呼吸器系病原体の検出用のキット、

11個の特異的検査成分(ストレプトコッカス・ニューモニエ、モラキセラ・カトルハリス、ヘモフィラス・インフルエンザ、プロテウス・ミラビリス、クレブシエラ・ニューモニエ、シュードモナス・アエルギノーサ、大腸菌、エンテロコッカス・フェカリス、スタフィロコッカス・アウレウス、ストレプトコッカス・ピオゲネスおよびスタフィロコッカス・エピデルミジスの検出用のプローブセット)を含有する、血液試料からの病原体の検出用のキット、

50

4つの特異的検査成分（ヘモフィラス・インフルエンザ、ストレプトコッカス・ニューモニエ、大腸菌およびシュードモナス・アエルギノーサの検出用のプローブセット）を含有する、髄膜炎を引き起こす病原体の検出用のキット、

細菌耐性に関連する19個の以下の遺伝子：*bla_{tem}*、*bla_{rob}*、*bla_{shv}*、*aadB*、*aacC1*、*aacC2*、*aacC3*、*aacA4*、*mecA*、*vanA*、*vanH*、*vanX*、*satA*、*aacA-aphD*、*vat*、*vga*、*msrA*、*sul*および*int*の少なくとも1つの特異的検出のためのプローブセットを含有する臨床的に重要な抗生物質耐性遺伝子の検出用のキット、

皮膚、腹部負傷からの病原体の検出に適した他のキットまたはいずれかの他の臨床的に重要なキット、

が開発される。

10

実施例 14

検査キットがDNA増幅アッセイを行うための全ての試薬および対照を含有する以外は実施例13に同じ。診断用キットは、直接的に臨床検体または細菌コロニーから行うPCR（または他の増幅方法）による増幅に適する。普遍的細菌検出、細菌同定および抗生物質耐性遺伝子検出に必要な成分が含まれる。

試験管中、または多数のウェルを有するマイクロ滴定プレート中にて、増幅アッセイを行うことができた。プレートにおけるアッセイでは、ウェルは、特異的増幅プライマーおよび対照DNAで被覆され、増幅産物の検出は自動化されるであろう。普遍的細菌検出のための試薬および増幅用プライマーは、直接的に臨床検体から行う検査用キットに含まれる。

20

細菌同定および抗生物質耐性遺伝子検出に要する成分は、直接的にコロニーから検査するためのキット、ならびに直接的に臨床検体から検査するためのキットに含まれる。該キットは、ハイブリダイゼーション-ベース診断キットのための実施例13に記載した各種の検体での使用に適するであろう。

実施例 15

細菌の検出および同定用の本発明で記載したプローブおよび増幅用プライマーの使用は、臨床的微生物への適用に限定されない。事実、本出願人は、他の分野もこれらの新しい技術から恩恵を受け得ると感じている。例えば、これらの検査は、食品、水、医薬品、その他微生物抑制を必要とする他の製品の品質管理のための産業において使用できるである。また、これらの検査法を使用して、ヒト以外の生物（例えば、他の霊長類、哺乳動物、農場動物および家畜）からの生物学的試料中の細菌を検出し同定し得る。また、これらの診断手段は、臨床試験および疫学的研究を含めた研究目的でも非常に有用であろう。

30

表1

1992-1994年の期間のCenter Hospitalier de l'Université Laval (CHUL)における陽性尿試料 ($\geq 10^7$ CFU/L)からの尿単離体の分布

生物	単離体の%			
	92年11月 n=267 ^a	93年4月 n=265	93年7月 n=238	94年1月 n=281
Escherichia coli	53.2	51.7	53.8	54.1
Enterococcus faecalis	13.8	12.4	11.7	11.4
Klebsiella pneumoniae	6.4	6.4	5.5	5.3
Staphylococcus epidermidis	7.1	7.9	3.0	6.4
Proteus mirabilis	2.6	3.4	3.8	2.5
Pseudomonas aeruginosa	3.7	3.0	5.0	2.9
Staphylococcus saprophyticus	3.0	1.9	5.4	1.4
他のもの ^b	10.2	13.3	11.8	16.0

^a n = 示した月での単離体の合計数

^b 表2参照

10

20

表2

1992-1994年の期間のCenter Hospitalier de l'Université Laval (CHUL)における陽性尿試料 ($\geq 10^7$ CFU/L)からの非一般的^a尿単離体の分布

生物 ^a	単離体の%			
	92年11月	93年4月	93年7月	94年1月
Staphylococcus aureus	0.4	1.1	1.3	1.4
Staphylococcus spp.	2.2	4.9	1.7	6.0
Micrococcus spp.	0.0	0.0	0.4	0.7
Enterococcus faecium	0.4	0.4	1.3	1.4
Citrobacter spp.	1.4	0.8	0.4	0.7
Enterobacter spp.	1.5	1.1	1.3	1.4
Klebsiella oxytoca	1.1	1.5	2.5	1.8
Serratia spp.	0.8	0.0	0.5	0.0
Proteus spp.	0.4	0.4	0.0	1.1
MorganellaおよびProvidencia	0.4	0.8	0.4	0.0
Hafnia alvei	0.8	0.0	0.0	0.0
NFB ^b	0.0	0.4	1.3	1.1
Candida spp.	0.8	1.9	0.7	0.4

10

20

^a 非一般的尿単離体は表1で「他のもの」としたもの

^b NFB: 非発酵性桿菌 (すなわち、Stenotrophomonas および Acinetobacter)

30

表3

1992-1994年の期間にCenter Hospitalier de l'Université Laval (CHUL)でテストした陽性^a (細菌数 $\geq 10^7$ CFU/L) および陰性 (細菌数 $< 10^7$ CFU/L) 尿検体の分布

検体	単離体の数 (%)			
	92年11月	93年4月	93年7月	94年1月
受入:	1383(100)	1338(100)	1139(100)	1345(100)
陽性:	267(19.3)	265(19.8)	238(20.9)	281(20.9)
陰性:	1116(80.7)	1073(80.2)	901(79.1)	1064(79.1)

40

^a 標準的な診断方法に基づき、尿管感染を示す尿試料中の細菌病原体の最小数は通常 10^7 CFU/Lである。

表4

CHULの微生物検査室でテストした陽性および陰性の臨床検体の分布

臨床検体 ^a	テストした 試料数	陰性検体 の%	陽性検体 の%	
尿	17,981	19.4	80.6	
血液培養 / 骨髄	10,010	6.9	93.1	10
痰	1,266	68.4	31.6	
表在膿	1,136	72.3	27.7	
脳脊髄液	553	1.0	99.0	
滑液 - 関節	523	2.7	97.3	
気管支 / 気管 / 扁桃 / 喉	502	56.6	43.4	
深在膿	473	56.8	43.2	
耳	289	47.1	52.9	
胸膜および心膜液	132	1.0	99.0	20
腹膜液	101	28.6	71.4	

^a 1994年2月～1995年1月にテストした検体

表5

DNA断片プローブ、オリゴヌクレオチドプローブおよびPCRプライマーの特異性をテストするのに使用した細菌種(66)

細菌種	テストした細菌種 株数	テストした 株数	
グラム陰性：			10
<i>Proteus mirabilis</i>	5		
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	5		
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	5		
<i>Escherichia coli</i>	5		
<i>Moraxella catarrhalis</i>	5		
<i>Proteus vulgaris</i>	2		
<i>Morganella morganii</i>	2		
<i>Enterobacter cloacae</i>	2		20
<i>Providencia stuartii</i>	1		
<i>Providencia species</i>	1		
<i>Enterobacter agglomerans</i>	2		
<i>Providencia rettgeri</i>	2		
<i>Neisseria mucosa</i>	1		
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1		
<i>Providencia rustigianii</i>	1		
<i>Burkholderia cepacia</i>	2		30
<i>Enterobacter aerogenes</i>	2		
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	2		
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	1		
<i>Comamonas acidovorans</i>	2		
<i>Pseudomonas putida</i>	2		
<i>Haemophilus influenzae</i>	5		
		グラム陽性：	
		<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	2
		<i>Bordetella pertussis</i>	2
		<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>	2
		<i>Haemophilus haemolyticus</i>	2
		<i>Haemophilus aegyptius</i>	1
		<i>Kingella indologenes</i>	1
		<i>Moraxella atlantae</i>	1
		<i>Neisseria caviae</i>	1
		<i>Neisseria subflava</i>	1
		<i>Moraxella urethralis</i>	1
		<i>Shigella sonnei</i>	1
		<i>Shigella flexneri</i>	1
		<i>Klebsiella oxytoca</i>	2
		<i>Serratia marcescens</i>	2
		<i>Salmonella typhimurium</i>	1
		<i>Yersinia enterocolitica</i>	1
		<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	1
		<i>Acinetobacter lwoffii</i>	1
		<i>Hafnia alvei</i>	2
		<i>Citrobacter diversus</i>	1
		<i>Citrobacter freundii</i>	1
		<i>Salmonella species</i>	1

表5 (続き)

D N A 断片プローブ、オリゴヌクレオチドプローブおよび
P C R プライマーの特異性をテストするのに使用した細菌種
(6 6)

細菌種	テストした 株数	
グラム陽性：		10
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	7	
<i>Streptococcus salivarius</i>	2	
<i>Streptococcus viridans</i>	2	
<i>Streptococcus pyogenes</i>	2	
<i>Staphylococcus aureus</i>	2	
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2	
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	5	
<i>Micrococcus species</i>	2	20
<i>Corynebacterium species</i>	2	
<i>Streptococcus groupe B</i>	2	
<i>Staphylococcus simulans</i>	2	
<i>Staphylococcus ludgunensis</i>	2	
<i>Staphylococcus capitis</i>	2	
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2	
<i>Staphylococcus hominis</i>	2	
<i>Enterococcus faecalis</i>	2	30
<i>Enterococcus faecium</i>	1	
<i>Staphylococcus warneri</i>	1	
<i>Enterococcus durans</i>	1	
<i>Streptococcus bovis</i>	1	
Diphtheroids	1	
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	1	

表6

ハイブリダイゼーション用の種特異的DNA断片およびオリゴヌクレオチドプローブ

生物 ^a	断片プローブの数 ^b			オリゴヌクレオチドプローブの数			
	テストしたもの	特異的	普遍的 ^c	合成物	特異的	普遍的 ^c	
<i>E. coli</i> ^d	-	-	-	20	12	9 ^f	10
<i>E. coli</i>	14	2	2 ^e	-	-	-	
<i>K. pneumoniae</i> ^d	-	-	-	15	1	1	
<i>K. pneumoniae</i>	33	3	3	18	12	8	
<i>P. mirabilis</i> ^d	-	-	-	3	3	2	
<i>P. mirabilis</i>	14	3	3 ^e	15	8	7	
<i>P. aeruginosa</i> ^d	-	-	-	26	13	9	
<i>P. aeruginosa</i>	6	2	2 ^e	6	0	0	
<i>S. saprophyticus</i>	7	4	4	20	9	7	20
<i>H. influenzae</i> ^d	-	-	-	16	2	2	
<i>H. influenzae</i>	1	1	1	20	1	1	
<i>S. pneumoniae</i> ^d	-	-	-	6	1	1	
<i>S. pneumoniae</i>	19	2	2	4	1	1	
<i>M. catarrhalis</i>	2	2	2	9	8	8	
<i>S. epidermidis</i>	62	1	1	-	-	-	
<i>S. aureus</i>	30	1	1	-	-	-	
普遍的プローブ ^d	-	-	-	7	-	7 ^g	

^a *E. faecalis* および *S. pyogenes* については、DNA断片またはオリゴヌクレオチドプローブをテストしなかった。

^b 0.25 ~ 5.0 kbp のDNA断片範囲のサイズ。

^c 標的種の単離体の少なくとも80% (約80の単離体) が各特異的プローブによって認められた場合に、特異的プローブは普遍的とみなした。2以上のプローブを組合せ、単離体の100%が認められた。

^d これらの配列はデータバンクから選択した。

^e 標的種の約10の単離体でテストした遍在性。

^f プローブの大部分 (8/9) は *E. coli* および *Shigella* spp. を区別しない。

^g 7つのプローブのプールでテストした遍在性は表5にリストした66細菌種のすべてを検出した。

表7

尿、痰、血液、脳脊髄液および他の検体で通常に遭遇する細菌病原体についてのPCR増幅

生物	プライマー対番号 (配列番号)	アンプリコン サイズ (bp)	遍在性 ^b	下記のものからの DNA増幅			
				コロニー ^c	検体 ^d		
E. coli	1 ^e	(55+56)	107	75/80	+	+	10
	2 ^e	(46+47)	297	77/80	+	+	
	3	(42+43)	102	78/80	+	+	
	4	(131+132)	134	73/80	+	+	
	1+3+4	-	-	80/80	+	+	
E. faecalis	1 ^e	(38+39)	200	71/80	+	+	
	2 ^e	(40+41)	121	79/80	+	+	
	1+2	-	-	80/80	+	+	
K. pneumoniae	1	(67+68)	198	76/80	+	+	20
	2	(61+62)	143	67/80	+	+	
	3 ^h	(135+136)	148	78/80	+	N.T. ⁱ	
	4	(137+138)	116	69/80	+	N.T.	
	1+2+3	-	-	80/80	+	N.T.	
P. mirabilis	1	(74+75)	167	73/80	+	N.T.	
	2	(133+134)	123	80/80	+	N.T.	
P. aeruginosa	1 ^e	(83+84)	139	79/80	+	N.T.	
	2 ^e	(85+86)	223	80/80	+	N.T.	
S. saprophyticus	1	(98+99)	126	79/80	+	+	
	2	(139+140)	190	80/80	+	N.T.	
M. catarrhalis	1	(112+113)	157	79/80	+	N.T.	30
	2	(118+119)	118	80/80	+	N.T.	
	3	(160+119)	137	80/80	+	N.T.	
H. influenzae	1 ^e	(154+155)	217	80/80	+	N.T.	
S. pneumoniae	1 ^e	(156+157)	134	80/80	+	N.T.	
	2 ^e	(158+159)	197	74/80	+	N.T.	
	3	(78+79)	175	67/80	+	N.T.	

表7 (続き)

尿、痰、血液、脳脊髄液および他の検体で通常に遭遇する細菌病原体についてのPCR増幅

生物	プライマー対 ^a 番号 (配列番号)	アンプリコン サイズ (bp)	遍在性 ^b	下記のものからの DNA増幅	
				コロニー ^c	検体 ^d
S. epidermidis	1	(147+148)	80/80	+	N.T.
	2	(145+146)	80/80	+	N.T.
S. aureus	1	(152+153)	80/80	+	N.T.
	2	(149+150)	80/80	+	N.T.
	3	(149+151)	80/80	+	N.T.
S. pyogenes ^f	1 ^e	(141+142)	80/80	+	N.T.
	2 ^e	(143+144)	24/24	+	N.T.
普遍的	1 ^e	(126-127)	241	194/195 ^g	+

^a すべてのプライマー対はPCRアッセイで特異的である。というのは、注目する種以外のグラム陽性菌およびグラム陰性菌の66の異なる種からのDNAで増幅が観察されなかったからである。

^b 遍在性は、通常、注目する種の80株につきテストした。すべての保持されたプライマー対は単離体の少なくとも90%を増幅した。プライマーの組合せを用いた場合、100%の遍在性が達成された。

^c すべてのプライマー対および多重組合せでは、直接的に細菌コロニーから行ったPCR増幅は100%種特異的であった。

^d 直接的に尿検体から行ったPCRアッセイ。

^e データバンク配列に由来するプライマー対。「e」を付さないプライマー対は本出願人の種特異的断片に由来する。

^f S. Pyogenesでは、プライマー対番号1はA群のStreptococci(GAS)に対して特異的である。プライマー対番号2はGAS-産生エンドトキシンA遺伝子(SpeA)に対して特異的である。

^g 臨床検体で通常に遭遇する細菌病原体に代表的な23種からの195単離体につきテストした遍在性。

^h 標的種以外のいくつかの細菌種で観察された非特異的増幅を排除するための最適化は進行中である。

ⁱ N. T. : テストせず。

10

20

30

40

表8

診断目的用の選択された抗生物質耐性遺伝子

遺伝子	抗生物質	細菌 ^a	配列番号	
(bla _{TEM}) TEM-1	β-ラクタム類	Enterobacteriaceae, Pseudomonadaceae, Haemophilus, Neisseria	161	
(bla _{ROB}) ROB-1	β-ラクタム類	Haemophilus, Pasteurella	162	10
(bla _{SHV}) SHV-1	β-ラクタム類	Klebsiella および他の Enterobacteriaceae	163	
aadB, aacC1, aacC2, aacC3, aacA4	アミノグリコシド類	Enterobacteriaceae, Pseudomonadaceae	164, 165, 166 167, 168	
mecA	β-ラクタム類	Staphylococci	169	
vanH, vanA, vanX	バンコマイシン	Enterococci	170	
satA	マクロライド類	Enterococci	173	
aacA-aphD	アミノグリコシド類	Enterococci, Staphylococci	174	20
vat	マクロライド類	Staphylococci	175	
vga	マクロライド類	Staphylococci	176	
msrA	エリスロマイシン	Staphylococci	177	
Int および Sul 保存配列	β-ラクタム類、トリ メトプリン、アミノグ リコシド類、抗敗血症 菌、クロラムフェニコ ール	Enterobacteriaceae, Pseudomonadaceae	171, 172	30

^a 特定の抗生物質耐性遺伝子につき高発生率を有する細菌。他の細菌における存在は排除されない。

Annex I : ハイブリダイゼーション用の特異的および遍在性オリゴヌクレオチド

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種</u> : <i>Escherichia coli</i>			
44	5'-CAC CCG CTT GCG TGG CAA GCT GCC C	5a	213-237
45	5'-CGT TTG TGG ATT CCA GTT CCA TCC G	5a	489-513
48	5'-TGA AGC ACT GGC CGA AAT GCT GCG T	6a	759-783
49	5'-GAT GTA CAG GAT TCG TTG AAG GCT T	6a	898-922
50	5'-TAG CGA AGG CGT AGC AGA AAC TAA C	7a	1264-1288
51	5'-GCA ACC CGA ACT CAA CGC CGG ATT T	7a	1227-1251
52	5'-ATA CAC AAG GGT CGC ATC TGC GGC C	7a	1313-1337
53	5'-TGC GTA TGC ATT GCA GAC CTT GTG GC	7a	111-136
54	5'-GCT TTC ACT GGA TAT CGC GCT TGG G	7a	373-397
<u>細菌種</u> : <i>Proteus mirabilis</i>			
70 ^b	5'-TGG TTC ACT GAC TTT GCG ATG TTT C	12	23-47
71	5'-TCG AGG ATG GCA TGC ACT AGA AAA T	12	53-77
72 ^b	5'-CGC TGA TTA GGT TTC GCT AAA ATC TTA TTA	12	80-109
73	5'-TTG ATC CTC APT TTA TTA ATC ACA TGA CCA	12	174-203

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

10

20

30

Annex I :

ハイブリダイゼーション用の特異的および遍在性オリゴヌクレオチド

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Proteus mirabilis</u>			
76	5'-CCG CCT TTA GCA TTA ATT GGT GTT TAT AGT	13	246-275
77	5'-CCT ATT GCA GAT ACC TTA AAT GTC TTG GGC	13	291-320
80 ^b	5'-TTG AGT GAT GAT TTC ACT GAC TCC C	14	18-42
81	5'-GTC AGA CAG TGA TGC TGA CGA CAC A	15 ^a	1185-1209
82	5'-TGG TTG TCA TGC TGT TTG TGT GAA AAT	15 ^a	1224-1250
<u>細菌種 : Klebsiella pneumoniae</u>			
57	5'-GTG GTG TCG TTC AGC GCT TTC AC	8	45-67
58	5'-GCG ATA TTC ACA CCC TAC GCA GCC A	9	161-185
59 ^b	5'-GTC GAA AAT GCC GGA AGA GGT ATA CG	9	203-228
60 ^b	5'-ACT GAG CTG CAG ACC GGT AAA ACT CA	9	233-258
63 ^b	5'-CGT GAT GGA TAT TCT TAA CGA AGG GC	10	250-275
64 ^b	5'-ACC AAA CTG TTG AGC CGC CTG GA	10	201-223
65	5'-GTG ATC GCC CCT CAT CTG CTA CT	10	77-99
66	5'-CGC CCT TCG TTA AGA ATA TCC ATC AC	10	249-274
69	5'-CAG GAA GAT GCT GCA CCG GTT GTT G	11 ^a	296-320

10

20

30

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

Annex I :

ハイブリダイゼーション用の特異的および遍在性オリゴヌクレオチド

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Pseudomonas aeruginosa</u>			
87	5'-AAT GCG GCT GTA CCT CGG CGC TGG T	18 ^a	2985-3009
88	5'-GGC GGA GGG CCA GTT GCA CCT GCC A	18 ^a	2929-2953
89	5'-AGC CCT GCT CCT CGG CAG CCT CTG C	18 ^a	2821-2845
90	5'-TGG CTT TTG CAA CCG CGT TCA GGT T	18 ^a	1079-1103
91	5'-GCG CCC GCG AGG GCA TGC TTC GAT G	19 ^a	705-729
92	5'-ACC TGG GCG CCA ACT ACA AGT TCT A	19 ^a	668-692
93	5'-GGC TAC GCT GCC GGG CTG CAG GCC G	19 ^a	505-529
94	5'-CCG ATC TAC ACC ATC GAG ATG GGC G	20 ^a	1211-1235
95	5'-GAG CGC GGC TAT GTG TTC GTC GGC T	20 ^a	2111-2135
<u>細菌種 : Streptococcus pneumoniae</u>			
120	5'-TCT GTG CTA GAG ACT GCC CCA TTT C	30	423-447
121	5'-CGA TGT CTT GAT TGA GCA GGG TTA T	31 ^a	1198-1222

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

10

20

30

Annex I :

ハイブリダイゼーション用の特異的および遍在性オリゴヌクレオチド

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Staphylococcus saprophyticus</u>			
96	5'-CGT TTT TAC CCT TAC CTT TTC GTA CTA CC	21	45-73
97 ^b	5'-TCA GGC AGA GGT AGT ACG AAA AGG TAA GGG	21	53-82
100	5'-CAC CAA GTT TGA CAC GTG AAG ATT CAT	22	89-115
101 ^b	5'-ATG AGT GAA GCG GAG TCA GAT TAT GTG CAG	23	105-134
102	5'-CGC TCA TTA CGT ACA GTG ACA ATC G	24	20-44
103	5'-CTG GTT AGC TTG ACT CTT AAC AAT CTT GTC	24	61-90
104 ^b	5'-GAC GCG ATT GTC ACT GTA CGT AAT GAG CGA	24	19-48
<u>細菌種 : Moraxella catarrhalis</u>			
108	5'-GCC CCA AAA CAA TGA AAC ATA TGG T	28	81-105
109	5'-CTG CAG ATT TTG GAA TCA TAT CGC C	28	126-150
110	5'-TGG TTT GAC CAG TAT TTA ACG CCA T	28	165-189
111	5'-CAA CGG CAC CTG ATG TAC CTT GTA C	28	232-256
114	5'-TTA CAA CCT GCA CCA CAA GTC ATC A	29	97-121
115	5'-GTA CAA ACA AGC CGT CAG CGA CTT A	29	139-163
116	5'-CAA TCT GCG TGT GTG CGT TCA CT	29	178-200
117	5'-GCT ACT TTG TCA GCT TTA GCC ATT CA	29	287-312

10

20

30

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

Annex I :

ハイブリダイゼーション用の特異的および遍在性オリゴヌクレオチド

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Haemophilus influenzae</u>			
105 ^b	5'-GCG TCA GAA AAA GTA GGC GAA ATG AAA G	25	138-165
106 ^b	5'-AGC GGC TCT ATC TTG TAA TGA CAC A	26 ^a	770-794
107 ^b	5'-GAA ACG TGA ACT CCC CTC TAT ATA A	27 ^a	5184-5208
普遍的プローブ ^c			
122 ^b	5'-ATC CCA CCT TAG GCG GCT GGC TCC A	-	-
123	5'-ACG TCA AGT CAT CAT GGC CCT TAC GAG TAG G	-	-
124 ^b	5'-GTG TGA CGG GCG GTG TGT ACA AGG C	-	-
125 ^b	5'-GAG TTG CAG ACT CCA ATC CGG ACT ACG A	-	-
128 ^b	5'-CCC TAT ACA TCA CCT TGC GGT TTA GCA GAG AG	-	-
129	5'-GGG GGG ACC ATC CTC CAA GGC TAA ATA C	-	-
130 ^b	5'-CGT CCA CTT TCG TGT TTG CAG AGT GCT GTG TT	-	-

10

20

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

^c 普遍的プローブは配列表に含まれない16Sまたは23SリボソームRNA遺伝子配列に由来した。

30

Annex II:

DNA増幅用の特異的および普遍的プライマー

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種</u> : <i>Escherichia coli</i>			
42	5'-GCT TTC CAG CGT CAT ATT G	4	177-195
43 ^b	5'-GAT CTC GAC AAA ATG GTG A	4	260-278
46	5'-TCA CCC GCT TGC GTG GC	5 ^a	212-228
47 ^b	5'-GGA ACT GGA ATC CAC AAA C	5 ^a	490-508
55	5'-GCA ACC CGA ACT CAA CGC C	7 ^a	1227-1245
56 ^b	5'-GCA GAT GCG ACC CTT GTG T	7 ^a	1315-1333
131	5'-CAG GAG TAC GGT GAT TTT TA	3	60-79
132 ^b	5'-ATT TCT GGT TTG GTC ATA CA	3	174-193
<u>細菌種</u> : <i>Enterococcus faecalis</i>			
38	5'-GCA ATA CAG GGA AAA ATG TC	1 ^a	69-88
39 ^b	5'-CTT CAT CAA ACA ATT AAC TC	1 ^a	249-268
40	5'-GAA CAG AAG AAG CCA AAA AA	2 ^a	569-588
41 ^b	5'-GCA ATC CCA AAT AAT ACG GT	2 ^a	670-689

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

10

20

30

Annex II :

DNA増幅用の特異的および普遍的プライマー

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Klebsiella pneumoniae</u>			
61	5'-GAC AGT CAG TTC GTC AGC C	9	37-55
62 ^b	5'-CGT AGG GTG TGA ATA TCG C	9	161-179
67	5'-TCG CCC CTC ATC TGC TAC T	10	81-99
68 ^b	5'-GAT CGT GAT GGA TAT TCT T	10	260-278
135	5'-GCA GCG TGG TGT CGT TCA	8	40-57
136 ^b	5'-AGC TGG CAA CGG CTG GTC	8	170-187
137	5'-ATT CAC ACC CTA CGC AGC CA	9	166-185
138 ^b	5'-ATC CGG CAG CAT CTC TTT GT	9	262-281
<u>細菌種 : Proteus mirabilis</u>			
74	5'-GAA ACA TCG CAA AGT CAG T	12	23-41
75 ^b	5'-ATA AAA TGA GGA TCA AGT TC	12	170-189
133	5'-CGG GAG TCA GTG AAA TCA TC	14	17-36
134 ^b	5'-CTA AAA TCG CCA CAC CTC TT	14	120-139

10

20

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

30

Annex II :

DNA増幅用の特異的および普遍的プライマー

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Staphylococcus saprophyticus</u>			
98	5'-CGT TTT TAC CCT TAC CTT TTC GTA CT	21	45-70
99b	5'-ATC GAT CAT CAC ATT CCA TTT GTT TTT A	21	143-170
139	5'-CTG GTT AGC TTG ACT CTT AAC AAT C	24	61-85
140b	5'-TCT TAA CGA TAG AAT GGA GCA ACT G	24	226-250
<u>細菌種 : Pseudomonas aeruginosa</u>			
83	5'-CGA GCG GGT GGT GTT CAT C	16 ^a	554-572
84b	5'-CAA GTC GTC GTC GGA GGG A	16 ^a	674-692
85	5'-TCG CTG TTC ATC AAG ACC C	17 ^a	1423-1441
86b	5'-CCG AGA ACC AGA CTT CAT C	17 ^a	1627-1645
<u>細菌種 : Moraxella catarrhalis</u>			
112	5'-GGC ACC TGA TGT ACC TTG	28	235-252
113b	5'-AAC AGC TCA CAC GCA TT	28	375-391
118	5'-TGT TTT GAG CTT TTT ATT TTT TGA	29	41-64
119b	5'-CGC TGA CGG CTT GTT TGT ACC A	29	137-158
160	5'-GCT CAA ATC AGG GTC AGC	29	22-39
119b	5'-CGC TGA CGG CTT GTT TGT ACC A	29	137-158

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

Annex II :

DNA増幅用の特異的および普遍的プライマー

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Staphylococcus epidermidis</u>			
145	5'-ATC AAA AAG TTG GCG AAC CTT TTC A	36	21-45
146 ^b	5'-CAA AAG AGC GTG GAG AAA AGT ATC A	36	121-145
147	5'-TCT CTT TTA ATT TCA TCT TCA ATT CCA TAG	36	448-477
148 ^b	5'-AAA CAC AAT TAC AGT CTG GTT ATC CAT ATC	36	593-622
<u>細菌種 : Staphylococcus aureus</u>			
149 ^b	5'-CTT CAT TTT ACG GTG ACT TCT TAG AAG ATT	37	409-438
150	5'-TCA ACT GTA GCT TCT TTA TCC ATA CGT TGA	37	288-317
149 ^b	5'-CTT CAT TTT ACG GTG ACT TCT TAG AAG ATT	37	409-438
151	5'-ATA TTT TAG CTT TTC AGT TTC TAT ATC AAC	37	263-292
152	5'-AAT CTT TGT CGG TAC ACG ATA TTC TTC ACG	37	5-34
153 ^b	5'-CGT AAT GAG ATT TCA GTA GAT AAT ACA ACA	37	83-112

10

20

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

Annex II :

DNA増幅用の特異的および普遍的プライマー

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
<u>細菌種 : Haemophilus influenzae</u>			
154	5'-TTT AAC GAT CCT TTT ACT CCT TTT G	27 ^a	5074-5098
155 ^b	5'-ACT GCT GTT GTA AAG AGG TTA AAA T	27 ^a	5266-5290
<u>細菌種 : Streptococcus pneumoniae</u>			
78	5'-AGT AAA ATG AAA TAA GAA CAG GAC AG	34	164-189
79 ^b	5'-AAA ACA GGA TAG GAG AAC GGG AAA A	34	314-338
156	5'-ATT TGG TGA CGG GTG ACT TT	31 ^a	1401-1420
157 ^b	5'-GCT GAG GAT TTG TTC TTC TT	31 ^a	1515-1534
158	5'-GAG CGG TTT CTA TGA TTG TA	35 ^a	1342-1361
159 ^b	5'-ATC TTT CCT TTC TTG TTC TT	35 ^a	1519-1538
<u>細菌種 : Streptococcus pyogenes</u>			
141	5'-TGA AAA TTC TTG TAA CAG GC	32 ^a	286-305
142 ^b	5'-GGC CAC CAG CTT GCC CAA TA	32 ^a	479-498
143	5'-ATA TTT TCT TTA TGA GGG TG	33 ^a	966-985
144 ^b	5'-ATC CTT AAA TAA AGT TGC CA	33 ^a	1103-1122

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

10

20

30

Annex II :

DNA増幅用の特異的および普遍的プライマー

配列番号	ヌクレオチド配列	由来DNA断片	
		配列番号	ヌクレオチド位置
普遍的プライマー [°]			
126	5'-GGA GGA AGG TGG GGA TGA CG	-	-
127 ^b	5'-ATG GTG TGA CGG GCG GTG TG	-	-

10

^a データバンクからの配列

^b これらの配列は配列表に示す配列の対向DNA鎖からのものである。

[°] 普遍的プローブは配列表に含まれない16SリボソームRNA遺伝子配列に由来した。

Annex III.
 細菌16Sおよび23SリボソームRNA
 遺伝子配列の整理による普遍的プローブの選択

配列番号122の逆鎖

		TGGAGCC	AGCCGCCCTAA	GGTGGGAT	
	1461				1510
<i>Streptococcus salivarius</i>	TGAGGTAACC	TTTTGGAGCC	AGCCGCCCTAA	GGTGGGATAG	ATGANNGGGG
<i>Proteus vulgaris</i>	TAGCTTAACC	TTCGGGAGGG	CGCTTACCAC	TTTGTGATTTC	ATGACTGGGG
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	TAGTCTAACC	GCAAGGGGGG	CGGTTACCAC	GGAGTGATTTC	ATGACTGGGG
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	TAGGGTAACC	GCAAGGAGTC	CGCTTACCAC	GGTATGCTTTC	ATGACTGGGG
<i>Streptococcus lactis</i>	TTGCCTAACC	GCAAGGAGGG	CGCTTCCCTAA	GGTAAAGACCG	ATGACNNGGG

10

20

30

40

Annex III.

細菌16Sおよび23SリボソームRNA

遺伝子配列の整理による普遍的プロローブの選択

配列番号	123	ACGTCAAAGTC	ATCATGGC CCTTACGAGT AGG	1300
<i>Haemophilus influenzae</i>	GGTNGGGATG	ACGTCAAAGTC	..ATCATGGC CCTTACGAGT AGGGCTACAC	
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	GGTGGGGATG	ACGTCAAAGTC	..CTCATGGC CCTTATGACC AGGGCTTCAC	
<i>Pseudomonas cepacia</i>	GGTNGGGATG	ACGTCAAAGTC	..CTCATGGC CCTTATGGGT AGGGCTTCAC	
<i>Serratia marcescens</i>	GGTGGGGATG	ACGTCAAAGTC	..ATCATGGC CCTTACGAGT AGGGCTACAC	
<i>Escherichia coli</i>	GGTGGGGATG	ACGTCAAAGTC	..ATCATGGC CCTTACGACC AGGGCTACAC	
<i>Proteus vulgaris</i>	GGTGGGGATG	ACGTTAAAGTC	GTATCATGGC CCTTACGAGT AGGGCTACAC	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	GGTGGGGATG	ACGTCAAAGTC	..ATCATGGC CCTTACGGCN AGGGCTACAC	
<i>Clostridium perfringens</i>	GGTGGGGATG	ACGTNNAATC	..ATCATGCC CNTTATGTGT AGGGCTACAC	
<i>Mycoplasma hominis</i>	GGTGGGGATG	ACGTCAAAATC	..ATCATGCC TCTTACGAGT GGGGCCACAC	
<i>Helicobacter pylori</i>	GGTGGGGACG	ACGTCAAAGTC	..ATCATGGC CCTTACGCCT AGGGCTACAC	
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	GGAAGGGATG	ACGTCAAAATC	..ATCATGCC CCTTATGTCT AGGGCTGCAA	

10

20

30

40

Annex III.

細菌16Sおよび23SリボソームRNA

遺伝子配列の整理による普遍的プロープの選択

配列番号124のプロープの逆鎖

GCCTTGTACA CACCGCCCGT CACAC

1451 1490

- Escherichia coli*
- Neisseria gonorrhoeae*
- Pseudomonas cepacia*
- Serratia marcescens*
- Proteus vulgaris*
- Haemophilus influenzae*
- Pseudomonas aeruginosa*
- Clostridium perfringens*
- Mycoplasma hominis*
- Helicobacter pylori*
- Mycoplasma pneumoniae*

ACGTTCCCGG GCCTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG NNCTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GTCTTGTACA CACNGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GCCTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GCCTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GCNTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GCNTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GCCTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GTCTTGTACA CACCGCNCGT CACACCATGA
 ACGTTCTCGG GTCTTGTACA CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCCCGG GTCTTGTACT CACCGCCCGT CACACCATGG
 ACGTTCTCGG GTCTTGTACA CACCGCCCGT CAAACTATGA

10
20
30

Annex III.

細菌16Sおよび23SリボソームRNA

遺伝子配列の整理による普遍的プロープの選択

配列番号125の逆鎖

	TCG TAGTCCGGAT	TGGAGTCTGC AACTC	1400
<i>Escherichia coli</i>	AAGTGGCTCG TAGTCCGGAT	TGGAGTCTGC AACTCGACTC	
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	AAACCGATCG TAGTCCGGAT	TGCACCTCTGC AACTCGAGTG	
<i>Pseudomonas cepacia</i>	AAACCGATCG TAGTCCGGAT	TGCACCTCTGC AACTCGAGTG	
<i>Serratia marcescens</i>	AAGTATGTCC TAGTCCGGAT	TGGAGTCTGC AACTCGACTC	
<i>Proteus vulgaris</i>	AAGTCTGTCC TAGTCCGGAT	TGGAGTCTGC AACTCGACTC	
<i>Haemophilus influenzae</i>	AAGTACGTCT AAGTCCGGAT	TGGAGTCTGC AACTCGACTC	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	AAACCGATCG TAGTCCGGAT	CGCAGTCTGC AACTCGACTG	
<i>Clostridium perfringens</i>	AAACCGATCT CAGTTCCGGAT	TGTAGGCTGA AACTCGCCTA	
<i>Mycoplasma hominis</i>	AAGCCGATCT CAGTTCCGGAT	TGTAGTCTGC AATTGACTC	
<i>Helicobacter pylori</i>	ACACC..TCT CAGTTCCGGAT	TGTAGGCTGC AACTCGCCTG	
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	AAGTTGGTCT CAGTTCCGGAT	TGAGGGCTGC AATTGTCCT	

1361

10

20

30

Annex III.

細菌 16S および 23S リボソーム RNA

遺伝子配列の整理による普遍的プロープの選択

配列番号 128 の逆鎖

CT CTCTGCTAAA CCGCAAGGTG ATGTATAGGG

1991

Lactobacillus lactis 2040
Escherichia coli GGTGACGCCCT
Pseudomonas aeruginosa TGTGACGCCCT
Pseudomonas cepacia TGTGACGCCCT
Bacillus stearothermophilus TGTGACGCCCT
Micrococcus luteus GCTGACACCT
 A AACACAGCT CTCTGCTAAA CCGCAAGGTG ATGTATAGGG
 A AACACAGCA CTGTGCAAAAC ACGAAAGTGG ACGTATACGG
 A AACACAGCA CTCTGCAAAAC ACGAAAGTGG ACGTATAGGG
 A AACACAGCA CTCTGCAAAAC ACGAAAGTGG ACGTATAGGG
 A AACACAGGT CTCTGCGAAG TCGTAAAGCC ACGTATAGGG
 A AACACAGGT CCATGCGAAG TCGTAAAGCC ATGTATATGG ACTGACTCCT

配列番号 129

GGGGGGACC ATCCTCCCAAG GCTAAATAC

481

Escherichia coli 530
Pseudomonas aeruginosa CCTGACTGAC
Pseudomonas cepacia ACTGACTGAC
Lactobacillus lactis CGTGATCGAC
Micrococcus luteus CCTTAGTGAC
 TGTCTGAATA TGGGGGGACC ATCCTCCCAAG GCTAAATACT
 TGTCTGAACA TGGGGGGACC ATCCTCCCAAG GCTAAATACT
 TGTCTGAAGA TGGGGGGACC ATCCTCCCAAG GCTAAATACT
 AGTTTGAATC CGGGAGGACC ATCTCCCAAC CCTAAATACT
 CGTGTGAATC TGCCAGGACC ACCTGGTAA GCTAAATACT

Annex III.

細菌16Sおよび23SリボソームRNA

遺伝子配列の整理による普遍的プロープの選択

配列番号130の逆鎖

AAACACAGCA CTCTGCAAAC ACGAAAGTGG ACG

1981

Pseudomonas aeruginosa

TGTTTATTAA

2030

Escherichia coli

TGTTTATTAA

AAACACAGCA CTCTGCAAAC ACGAAAGTGG ACGTATAGGG

Pseudomonas cepacia

TGTTTAAATAA

AAACACAGCA CTCTGCAAAC ACGAAAGTGG ACGTATACGG

Bacillus stearothermophilus

TGTTTATCAA

AAACACAGGT CTCTGCAGAG TCGTAAAGCC ACGTATAGGG

Lactobacillus lactis

TGTTTATCAA

AAACACAGCT CTCTGCTAAA CCGCAAGGTG ATGTATAGGG

Micrococcus luteus

TGTTTATCAA

AAACACAGGT CCATGCGAAG TCGTAAAGACG ATGTATATGG

10

20

30

40

Annex III.

細菌16Sおよび23SリボソームRNA

遺伝子配列の整理による普遍的プロープの選択

配列番号 126 GGAGGAA GGTGGGATG ACG
配列番号127の逆鎖

	1241	1270.....1461	1490
<i>Escherichia coli</i>	ACTGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCAT
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	GCCGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Pseudomonas cepacia</i>	ACCGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Serratia marcescens</i>	ACTGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Proteus vulgaris</i>	ACCGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Haemophilus influenzae</i>	ACTGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Legionella pneumophila</i>	ACCGAGGAA GCGGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	ACCGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Clostridium perfringens</i>	CCAGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Mycoplasma hominis</i>	CTGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Helicobacter pylori</i>	GGAGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	ATTGGAGGAA GGTGGGATG ACCTCAAGTC.....GCCTTGATCA	CACCGCCCGT	CACACCCATGG

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：1817

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

10

20

30

40

50

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Enterococcus faecalis

配列

ACAGTAAAA	AGTTGTTAAC	GAATGAATTT	GTTAACAAC	TTTTTGCTAT	50	
GGTATTGAGT	TATGAGGGGC	AATACAGGGA	AAAATGTCGG	CTGATTAAGG	100	
AATTTAGATA	GTGCCGGTTA	GTAGTTGTCT	ATAATGAAAA	TAGCAACAAA	150	
TATTTACGCA	GGGAAAGGGG	CGGTCGTTTA	ACGGGAAAAA	TTAGGGAGGA	200	10
TAAAGCAATA	CTTTTGTTGG	GAAAAGAAAT	AAAAGGAAAC	TGGGAAGGA	250	
GTTAATTGTT	TGATGAAGGG	AAATAAAAT	TTATACATTT	TAGGTACAGG	300	
CATCTTTGTT	GGAAGTTCAT	GTCTATTTTC	TTCACTTTTT	GTAGCCGCAG	350	
AAGAACAAGT	TTATTCAGAA	AGTGAAGTTT	CAACAGTTTT	ATCGAAGTTG	400	
GAAAAGGAGG	CAATTTCTGA	GGCAGCTGCT	GAACAATATA	CGGTTGTAGA	450	
TCGAAAAGAA	GACGCGTGGG	GGATGAAGCA	TCTTAAGTTA	GAAAAGCAAA	500	
CGGAAGGCGT	TACTGTTGAT	TCAGATAATG	TGATTATTCA	TTTAGATAAA	550	
AACGGTGCAG	TAACAAGTGT	TACAGGAAAT	CCAGTTGATC	AAGTTGTGAA	600	20

AATCAATCG	GTTGATGCAA	TCGGTGAAGA	AGGAGTTAAA	AAAATTGTTG	650	
CTTCTGATAA	TCCAGAAACT	AAAGATCTTG	TCTTTTTAGC	TATTGACAAA	700	
CGTGTAATA	ATGAAGGGCA	ATTATTTTAT	AAAGTCAGAG	TAACCTCTTC	750	
ACCAACTGGT	GACCCCGTAT	CATTGGTTTA	TAAAGTGAAC	GCTACAGATG	800	
GAACAATTAT	GGAAAAACAA	GATTTAACGG	AACATGTCCG	TAGTGAAGTA	850	
ACGTAAAAA	ACTCTTTTCA	AGTAACGTTT	AATGTACCAG	TTGAAAAAAG	900	
CAATACGGGA	ATTGCTTTAC	ACGGAACGGA	TAACACAGGG	GTTTACCATG	950	
CAGTAGTTGA	TGGCAAAAAT	AATTATTCTA	TTATTCAAGC	GCCATCACTA	1000	10
GCGACATTAA	ATCAGAATGC	TATTGACGCC	TATACGCATG	GAAAATTTGT	1050	
GAAAACATAT	TATGAAGATC	ATTTCCAACG	ACACAGTATT	GATGATCGAG	1100	
GGATGCCCAT	CTTGTCAGTT	GTTGATGAAC	AACATCCAGA	TGCTTATGAC	1150	
AATGCTTTTT	GGGATGGAAA	AGCAATGCGT	TATGGTGAAA	CAAGTACACC	1200	
AACAGGAAAA	ACGTATGCTT	CCTCTTTAGA	TGTAGTTGGT	CATGAAATGA	1250	
CACATGGTGT	GACGGAACAT	ACTGCCGGTT	TAGAATATTT	AGGACAATCA	1300	
GGTGCCTTGA	ATGAATCTTA	TTCTGATTTG	ATGGGTTATA	TTATTTCCGG	1350	
TGCATCTAAT	CCAGAAATTG	GTGCGGATAC	TCAGAGTGTT	GACCGAAAAA	1400	20
CAGGTATTCG	AAATTTACAA	ACGCCAAGTA	AACACGGACA	ACCAGAAACC	1450	
ATGGCTCAAT	ACGACGATCG	AGCACGGTAT	AAAGGAACGC	CTTATTATGA	1500	
TCAAGGCGGT	GTTCATTATA	ACAGTGGAAT	TATTAATCGG	ATTGGTTACA	1550	
CCATTATCCA	GAACCTAGGC	ATTGAAAAAG	CACAGACTAT	TTTCTACAGC	1600	
TCGTTAGTAA	ATTACTTAAC	ACCTAAAGCA	CAATTCAGTG	ATGCTCGTGC	1650	
TGCGATGCTT	GCTGCTGCAA	AAGTTCAATA	TGGCGATGAA	GCAGCTTCAG	1700	
TGGTGTCAGC	AGCCTTTAAC	TCTGCTGGAA	TCGGAGCTAA	AGAAGACATT	1750	
CAGGTAAACC	AACCAAGTGA	ATCTGTTCTG	GTCAATGAAT	GAAAAAAATT	1800	30
CCCCAATTAA	ATAAAAA				1817	

配列番号：2

配列の長さ：2 2 7 5

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：E n t e r o c o c c u s f a e c a l i s

配列

GGTACCAAAG	AAAAAACGA	ACGCCACAAC	CAACAGCCTC	TAAAGCAACA	50	
CCTGCTTCTG	AAATTGAGGG	AGATTTAGCA	AATGTCAATG	AGATTCTTTT	100	
GGTTCACGAT	GATCGTGTCG	GGTCAGCAAC	GATGGGAATG	AAAGTCTTAG	150	
AAGAAATTTT	AGATAAAGAG	AAAATTTCAA	TGCCGATTCG	AAAAATTAAT	200	
ATTAATGAAT	TAACTCAACA	AACACAGGCT	TTAATTGTCA	CAAAAGCTGA	250	
ACTAACGGAA	CAAGCACGTA	AAAAGCACC	GAAAGCGACA	CACTTATCAG	300	
TAAAAAGTTA	TGGTTAATCC	CCAAAAATAT	GAAACAGTGG	GTTTCGCTCT	350	
TAAAAGAAAG	TGCCTAGAGA	GGAAGAAAAC	AATGGAAAAT	CTTACGAATA	400	10
TTTCAATTGA	ATTAAATCAA	CAGTTTAATA	CAAAAGAAGA	AGCTATTTCGC	450	
TTTTCCGGCC	AGAAACTAGT	CGAGGCAGGC	TGTGTTGAGC	CCGCTTATAT	500	
CGAAGCAATG	ATTGAAAGAG	ACCAATTGCT	ATCTGCCCAT	ATGGGGAATT	550	
TTATTGCCAT	TCCTCATGGA	ACAGAAGAAG	CCAAAAAATT	AGTGAAAAAA	600	
TCAGGAATCT	GTGTAGTGCA	AGTCCCAGAG	GCGGTTAATT	TTGGCACCGA	650	
AGAAGATGAA	AAAATTGCTA	CCGTATTATT	TGGGATTGCC	GGAGTCGGTG	700	
AAGAACATTT	GCAATTAGTC	CAACAAATTG	CACTTTATTG	TAGTGATATG	750	
GATAACGTGG	TGCAACTTGC	CGATGCATTA	AGTAAAGAAG	AAATAACAGA	800	20

配列番号 : 3

配列の長さ : 2 2 7

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : DNA (g e n o m i c)

起源 :

生物名 : E s c h e r i c h i a c o l i

配列

GATCCGCCAT	GGGTTGTTTT	CCGATTGAGG	ATTTTATAGA	TGGTTTCTGG	50	30
CGACCTGCAC	AGGAGTACGG	TGATTTTTAA	TTATTGCAAT	TGCACAAGAG	100	
TCAGTTCTCC	CCCAAAGACA	GCACCGGTAT	CAATATAATG	CAGGTTGCCA	150	
ATATCCACGC	GATGGCGCAA	AGGTGTATGA	CCAAACCAGA	AATGATCGGC	200	
CACCTGCATC	GCCAGTTCGC	GAGTCGG			227	

配列番号 : 4

配列の長さ : 2 7 8

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : DNA (g e n o m i c)

起源 :

生物名 : E s c h e r i c h i a c o l i

配列

40

GATCTAAATC	AAATTAATTG	GTAAAGATA	ACCACAGCGG	GGCCGACATA	50
AACTCTGACA	AGAAGTTAAC	AACCATATAA	CCTGCACAGG	ACGCGAACAT	100
GTCTTCTCAT	CCGTATGTCA	CCCAGCAAAA	TACCCCGCTG	GCGGACGACA	150
CCACTCTGAT	GTCCACTACC	GATCTCGCTT	TCCAGCGTCA	TATTGGGGCG	200
CGCTACGTTG	GGGCGTGGGC	GTAATTGGTC	AATCAGGCGC	GGGGTCAGCG	250
GATAAACATT	CACCATTTTG	TCGAGATC			278

配列番号：5

配列の長さ：1596

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

ATGGCTGACA	TTCTGCTGCT	CGATAATATC	GACTCTTTTA	CGTACAACCT	50
GGCAGATCAG	TTGCGCAGCA	ATGGGCATAA	CGTGGTGATT	TACCGCAACC	100
ATATACCGGC	GCAAACCTTA	ATTGAACGCT	TGGCGACCAT	GAGTAATCCG	150
GTGCTGATGC	TTTCTCCTGG	CCCCGGTGTG	CCGAGCGAAG	CCGGTTGTAT	200
GCCGGAACTC	CTCACCCGCT	TGCGTGGCAA	GCTGCCCAT	ATTGGCATTT	250
GCCTCGGACA	TCAGGCGATT	GTCGAAGCTT	ACGGGGGCTA	TGTCGGTCAG	300
GCGGGCGAAA	TTCTCCACGG	TAAAGCCTCC	AGCATTGAAC	ATGACGGTCA	350
GGCGATGTTT	GCCGGATTAA	CAAACCCGCT	GCCGGTGGCG	CGTTATCACT	400
CGCTGGTTGG	CAGTAACATT	CCGGCCGGTT	TAACCATCAA	CGCCATTTT	450
AATGGCATGG	TGATGGCAGT	ACGTCACGAT	GCGGATCGCG	TTTGTGGATT	500
CCAGTTCAT	CCGGAATCCA	TTCTCACCAC	CCAGGGCGCT	CGCCTGCTGG	550
AACAAACGCT	GGCCTGGGCG	CAGCATAAAC	TAGAGCCAGC	CAACACGCTG	600
CAACCGATT	TGGA AAAACT	GTATCAGGCG	CAGACGCTTA	GCCAACAAGA	650
AAGCCACCAG	CTGTTTTAG	CGGTGGTGG	TGGCGAGCTG	AAGCCGGAAC	700
AACTGGCGGC	GGCGCTGGTG	AGCATGAAAA	TTGCGGGTGA	GCACCCGAAC	750
GAGATCGCCG	GGCAGCAAC	CGCGCTACTG	GAAAACGCAG	CGCCGTTCCC	800
GCGCCCGGAT	TATCTGTTTG	CTGATATCGT	CGTACTGGC	GGTGACGGCA	850
GCAACAGTAT	CAATATTTCT	ACCGCCAGTG	CGTTTGTCGC	CGCGGCCCTGT	900
GGGCTGAAAG	TGGCGAAACA	CGGCAACCGT	AGCGTCTCCA	GTAAATCTGG	950
TTGCTCCGAT	CTGCTGGCGG	CGTTCGGTAT	TAATCTTGAT	ATGAACGCCG	1000
ATAAATCGCG	CCAGGCGCTG	GATGAGTTAG	GTGTATGTTT	CCTCTTGGCG	1050
CCGAAGTATC	ACACCGGATT	CCGCCACGCG	ATGCCGGTTC	GCCAGCAACT	1100
GAAAACCCGC	ACCCTGTTCA	ATGTGCTGGG	GCCATTGATT	AACCCGGCGC	1150
ATCCGCCGCT	GGCGTTAATT	GGTGTTTATA	GTCCGGAAC	GGTGCTGCCG	1200
ATTGCCGAAA	CCTTGCGCGT	GCTGGGGTAT	CAACGCGCGG	CGGTGGTGCA	1250
CAGCGGCGGG	ATGGATGAAG	TTTCATTACA	CGCGCCGACA	ATCGTTGCCG	1300
AACTGCATGA	CGGCGAAATT	AAAAGCTATC	AGCTCACCGC	AGAAGACTTT	1350
GGCCTGACAC	CCTACCACCA	GGAGCAACTG	GCAGGCGGAA	CACCGGAAGA	1400
AAACCGTGAC	ATTTTAACAC	GTTTGTTACA	AGGTAAAGGC	GACGCCGCC	1450
ATGAAGCAGC	CGTCGCTGCG	AACGTCGCCA	TGTTAATGCG	CCTGCATGGC	1500
CATGAAGATC	TGCAAGCCAA	TGCGCAAACC	GTTCTTGAGG	TACTGCGCAG	1550
TGGTCCGCT	TACGACAGAG	TCACCCCACT	GCGGCACGA	GGGTAA	1596

配列番号：6

配列の長さ：2703

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

GACGACTTAG	TTTTGACGGA	ATCAGCATAG	TTAATCACTT	CACTGTGGAA	50
AATGAGGAAA	TATTATTTTT	TTTGCGCTTC	GTAATTAATG	GTTATAAGGT	100
CGGCCAGAAA	CCTTCTAAT	GCAAGCGATG	ACGTTTTTTT	ATGTGTCTGA	150
ATTTGCACTG	TGTCACAATT	CCAAATCTTT	ATTAACAAC	CACCTAAAAC	200
GACGCTGATC	CAGCGTGAAT	ACTGGTTTCC	CTTATGTTCA	TCAGATTCAT	250
TTAAGCAAGG	GTTTCTTCTT	CATTCCTGAT	GAAAGTGCCA	TCTAAAAGA	300
TGATCTTAAT	AAATCTATTA	AGAATGAGAT	GGAGCACACT	GGATATTTTA	350
CTTATGAAAC	TGTTTCACTC	CTTTACTTAA	TTTATAGAGT	TACCTTCGCG	400
TTTTTGAAAA	TACGCAACGG	CCATTTTTTG	CACTTAGATA	CAGATTTTCT	450
GCGCTGTATT	GCATTGATTT	GATGCTAATC	CTGTGGTTTG	CACTAGCTTT	500

AAGTGGTTGA	GATCACATTT	CCTTGCTCAT	CCCCGCAACT	CCTCCCTGCC	550	
TAATCCCCCG	CAGGATGAGG	AAGGTCAACA	TCGAGCCTGG	CAAAC TAGCG	600	
ATAACGTTGT	GTTGAAAATC	TAAGAAAAGT	GGAAC TCCTA	TGTCACAACC	650	
TATTTTTAAC	GATAAGCAAT	TTCAGGAAGC	GCTTTCACGT	CAGTGGCAGC	700	
GTTATGGCTT	AAATTCTGCG	GCTGAAATGA	CTCCTCGCCA	GTGGTGGCTA	750	
GCAGTGAGTG	AAGCACTGGC	CGAAATGCTG	CGTGCTCAGC	CATTCGCCAA	800	
GCCGGTGGCG	AATCAGCGAC	ATGTTAACTA	CATCTCAATG	GAGTTTTTGA	850	
TTGGTCGCCT	GACGGGCAAC	AACCTGTTGA	ATCTCGGCTG	GTATCAGGAT	900	10
GTACAGGATT	CGTTGAAGGC	TTATGACATC	AATCTGACGG	ACCTGCTGGA	950	
AGAAGAGATC	GACCCGGCGC	TGGGTAACGG	TGGTCTGGGA	CGTCTGGCGG	1000	
CGTGCTTCCT	CGACTCAATG	GCAACTGTGC	GTCAGTCTGC	GACGGGTTAC	1050	
GGTCTGAACT	ATCAATATGG	TTTGTTCGGC	CAGTCTTTTG	TCGATGGCAA	1100	
ACAGGTTGAA	GCGCCGGATG	ACTGGCATCG	CAGTAACTAC	CCGTGGTTCC	1150	
GCCACAACGA	AGCACTGGAT	GTGCAGGTAG	GGATTGGCGG	TAAAGTGACG	1200	
AAAGACGGAC	GCTGGGAGCC	GGAGTTTACC	ATTACCGGTC	AAGCGTGGGA	1250	
TCTCCCCGTT	GTCGGCTATC	GTAATGGCGT	GGCGCAGCCG	CTGCGTCTGT	1300	20
GGCAGGCGAC	GCACGCGCAT	CCGTTTGATC	TGACTAAATT	TAACGACGGT	1350	
GATTTCTTGC	GTGCCGAACA	GCAGGGCATC	AATGCGGAAA	AACTGACCAA	1400	
AGTTCTCTAT	CCAAACGACA	ACCATACTGC	CGGTAAAAAG	CTGCGCCTGA	1450	
TGCAGCAATA	CTTCCAGTGT	GCCTGTTCCG	TAGCGGATAT	TTTGCGTFCG	1500	
CATCATCTGG	CGGGGCGTGA	ACTGCACGAA	CTGGCGGATT	ACTAAGTTAT	1550	
TCAGCTGAAC	GATACCCACC	CAACTATCGC	GATTCCAGAA	CTGCTGCGCG	1600	
TGCTGATCGA	TGAGCACCAG	ATGAGCTGGG	ATGACGCTTG	GGCCATTACC	1650	
AGCAAAACTT	TCGCTTACAC	CAACCATACC	CTGATGCCAG	AAGCGCTGGA	1700	30
ACGCTGGGAT	GTGAAACTGG	TGAAAGGCTT	ACTGCCGCGC	CACATGCAGA	1750	
TTATTAACGA	AATTAATACT	CGCTTTAAAA	CGCTGGTAGA	GAAAACCTGG	1800	
CCGGGCGATG	AAAAAGTGTG	GGCCAAACTG	GCGGTGGTGC	ACGACAAACA	1850	
AGTGCATATG	GCGAACCTGT	GTGTGGTTGG	CGGTTTCGCG	GTGAACGGTG	1900	
TTGCGGCGCT	GCACTCGGAT	CTGGTGGTGA	AAGATCTGTT	CCC GGAATAT	1950	
CACCAGCTAT	GGCCGAACAA	ATTCCATAAC	GTCACCAACG	GTATTACCCC	2000	
ACGTCGCTGG	ATCAAACAGT	GCAACCCGGC	ACTGGCGGCT	CTGTTGGATA	2050	
AATCACTGCA	AAAAGAGTGG	GCTAACGATC	TCGATCAGCT	GATCAATCTG	2100	40

GTAAATTGG	CTGATGATGC	GAAATCCGT	CAGCTTTATC	GCGTGATCAA	2150
GCAGGCGAAT	AAAGTCCGTC	TGGCGGAGTT	TGTGAAAGTT	CGTACCGGTA	2200
TTGACATCAA	TCCACAGGCG	ATTTTCGATA	TTCAGATCAA	ACGTTTGCAC	2250
GAGTACAAAC	GCCAGCACCT	GAATCTGCTG	CGTATTCTGG	CGTTGTACAA	2300
AGAAATTCGT	GAAAACCCGC	AGGCTGATCG	CGTACCGCGC	GTCTTCCTCT	2350
TCGGCGCGAA	AGCGGCACCG	GGCTACTACC	TGGCTAAGAA	TATTATCTTT	2400
GCGATCAACA	AAGTGGCTGA	CGTGATCAAC	AACGATCCGC	TGGTTGGCGA	2450
TAAGTTGAAG	GTGGTGTTCC	TGCCGGATTA	TTGCGTTTCG	GCGGCGGAAA	2500
AACTGATCCC	GGCGGCGGAT	ATCTCCGAAC	AAATTTTCGAC	TGCAGGTAAA	2550
GAAGCTTCCG	GTACCGGCAA	TATGAAACTG	GCGCTCAATG	GTGCGCTTAC	2600
TGTCGGTACG	CTGGATGGGG	CGAACGTTGA	AATCGCCGAG	AAAGTCGGTG	2650
AAGAAAATAT	CTTTATTTTT	GGTCATACGG	TCAAACAAGT	GAAGGCAATC	2700
GAC					2703

10

配列番号：7

配列の長さ：1391

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

20

AGAGAAGCCT	GTCGGCACCG	TCTGGTTTGC	TTTTGCCACT	GCCCCGCGGTG	50	
AAGGCATTAC	CCGGCGGGAT	GCTTCAGCGG	CGACCGTGAT	GCGGTGCGTC	100	
GTCAGGCTAC	TGCGTATGCA	TTGCAGACCT	TGTGGCAACA	ATTTCTACAA	150	
AACACTTGAT	ACTGTATGAG	CATACAGTAT	AATTGCTTCA	ACAGAACATA	200	
TTGACTATCC	GGTATTACCC	GGCATGACAG	GAGTAAAAAT	GGCTATCGAC	250	
GAAAACAAAC	AGAAAGCGTT	GGCGGCAGCA	CTGGGCCAGA	TTGAGAAACA	300	
ATTTGGTAAA	GGCTCCATCA	TGCGCCTGGG	TGAAGACCGT	TCCATGGATG	350	
TGGAAACCAT	CTCTACCGGT	TCGCTTTCAC	TGGATATCGC	GCTTGGGGCA	400	10
GGTGGTCTGC	CGATGGGCCG	TATCGTCGAA	ATCTACGGAC	CGGAATCTTC	450	
CGGTAAAACC	ACGCTGACGC	TGCAGGTGAT	CGCCGCAGCG	CAGCGTGAAG	500	
GTA AACCTG	TGCGTTTATC	GATGCTGAAC	ACGCGCTGGA	CCCAATCTAC	550	
GCACGTAAAC	TGGGCGTCGA	TATCGACAAC	CTGCTGTGCT	CCCAGCCGGA	600	
CACCGGCGAG	CAGGCACTGG	AAATCTGTGA	CGCCCTGGCG	CGTTCTGGCG	650	
CAGTAGACGT	TATCGTCGTT	GACTCCGTGG	CGGCACTGAC	GCCGAAAGCG	700	
GAAATCGAAG	GCGAAATCGG	CGACTCTCAC	ATGGGCCTTG	CGGCACGTAT	750	
GATGAGCCAG	GCGATGCGTA	AGCTGGCGGG	TAACCTGAAG	CAGTCCAACA	800	20
CGCTGCTGAT	CTTCATCAAC	CAGATCCGTA	TGAAAATTGG	TGTGATGTTT	850	
GGTAACCCCG	AAACCACTAC	CGGTGGTAAC	GCGCTGAAAT	TCTACGCCTC	900	
TGTTTCGTCTC	GACATCCGTC	GTATCGGCGC	GGTGAAAGAG	GGCGAAAACG	950	
TGGTGGGTAG	CGAAACCCGC	GTGAAAGTGG	TGAAGAACAA	AATCGCTGCG	1000	
CCGTTTAAAC	AGGCTGAATT	CCAGATCCTC	TACGGCGAAG	GTATCAACTT	1050	
CTACGGCGAA	CTGGTTGACC	TGGGCGTAAA	AGAGAAGCTG	ATCGAGAAAG	1100	
CAGGCGCGTG	GTACAGCTAC	AAAGGTGAGA	AGATCGGTCA	GGGTAAAGCG	1150	
AATGCGACTG	CCTGGCTGAA	AGATAACCCG	GAAACCGCGA	AAGAGATCGA	1200	30
GAAGAAAGTA	CGTGAGTTGC	TGCTGAGCAA	CCCGAACTCA	ACGCCGGATT	1250	
TCTCTGTAGA	TGATAGCGAA	GGCGTAGCAG	AAACTAACGA	AGATTTTTAA	1300	
TCGTCTTGTT	TGATACACAA	GGGTGCGATC	TGCGGCCCTT	TTGCTTTTTT	1350	
AAGTTGTAAG	GATATGCCAT	GACAGAATCA	ACATCCCGTC	G	1391	

配列番号：8

配列の長さ：238

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

TCGCCAGGAA	GGCGGCATTC	GGCTGGGTCA	GAGTGACCTG	CAGCGTGGTG	50	
TGTTTCAGCG	CTTTCACCCC	CAACGTCTCG	GGTCCCTTTT	GCCCCAGGGC	100	
AATCTCGCGG	GCGTTGGCGA	TATGCATATT	GCCAGGGTAG	CTCGCGTAGG	150	
GGGAGGCTGT	TGCCGGCGAG	ACCAGCCGTT	GCCAGCTCCA	GACGATATCC	200	
TGCGCTGTAA	TGGCCGTGCC	GTCAGACCAG	GTCAGACC		238	50

配列番号：9

配列の長さ：385

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

CAGCGTAATG	CGCCGCGGCA	TAACGGCGCC	ACTATCGACA	GTCAGTTCGT	50	10
CAGCCTGCAG	CCTGGGCTGA	ATCTGGGACC	ATGGCGCCTG	CCGAACTACA	100	
GCACCTATAG	CCACAGCGAT	AACAACAGCC	GCTGGGAGTC	GGTTTACTCC	150	
TATCTTGCCC	GCGATATTCA	CACCCTACGC	AGCCAGCTGG	TGGTCGGTAA	200	
TACGTATACC	TCTTCCGGCA	TTTTTCGACAG	TTTGAGTTTT	ACCGGTCTGC	250	
AGCTCAGTTC	GACAAAGAGA	TGCTGCCGGA	TAGCCTGCAT	GCTTTGCGCC	300	
GACGATTCGA	GGGATCGCGC	GCACCACCGC	GGAGGTCTCG	GTTTATCAGA	350	
ATGGTTACAG	CATTTATAAA	ACCACCGTCG	CTACC		385	

配列番号：10

配列の長さ：462

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

CTCTATATTC	AGGACGAACA	TATCTGGACC	TCTGGCGGGG	TCAGTTCGGG	50	30
CMTTGATCGC	CCTGCACCCG	CAGCGGGTGA	TCGCCCTCA	TCTGCTACTG	100	
CGGCGCTGCA	ACAGGCGACG	ATCGATGACG	TTATTCCTGG	CCAGCAAACA	150	
GCAGACCAAT	TAAGGTCTGA	TAGTGGCTCT	CTTCCTCCGG	CGCGCGACGG	200	
TCCAGGCGGC	TCAACAGTTT	GGTGCATAGC	GCTTTGCGGT	TGAGATGACG	250	
CCCTTCGTTA	AGAATATCCA	TCACGATCTC	CGTCCATGGA	GAGTAGCGTT	300	
TATTCCAGAA	TAGGGTTTTT	CAGGATCTCA	TGGATCTGCG	CCTGCTTATC	350	
GCTATTTTGT	AACCAGATCG	CATAAAGTGG	ACGGGATAAC	GTAGCGCTGT	400	
CCATGACCGT	ATGTAACCCA	TGCTTCTCTT	TCGCCAGCG	AGCAGGTAGC	450	40
CAACAGCAGC	CG				462	

配列番号：11

配列の長さ：730

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

50

GCTGACCGCT	AAACTGGGTT	ACCCGATCAC	TGACGATCTG	GACATCTACA	50
CCCGTCTGGG	CGGCATGGTT	TGGCGCGCTG	ACTCCAAAGG	CAACTACGCT	100
TCAACCGGCG	TTCCCGCTAG	CGAACACGAC	ACTGGCGTTT	CCCCAGTATT	150
TGCTGGCGGC	GTAGAGTGGG	CTGTTACTCG	TGACATCGCT	ACCCGTCTGG	200
AATACCAGTG	GGTTAACAAC	ATCGGCGACG	CGGGCACTGT	GGGTACCCGT	250
CCTGATAACG	GCATGCTGAG	CCTGGGCGTT	TCCTACCGCT	TCGGTCAGGA	300
AGATGCTGCA	CCGTTTGTG	CTCCGGCTCC	GGCTCCGGCT	CCGGAAGTGG	350
CTACCAAGCA	CTTCACCCTG	AAGTCTGACG	TTCTGTTCAA	CTTCAACAAA	400
GCTACCCTGA	AACCGGAAGG	TCAGCAGGCT	CTGGATCAGC	TGTACACTCA	450
GCTGAGCAAC	ATGGATCCGA	AAGACGGTTC	CGCTGTTGTT	CTGGGCTACA	500
CCGACCGCAT	CGGTTCCGAA	GCTTACAACC	AGCAGCTGTC	TGAGAAACGT	550
GCTCAGTCCG	TTGTTGACTA	CCTGGTTGCT	AAAGGCATCC	CGGCTGGCAA	600
AATCTCCGCT	CGCGGCATGG	GTGAATCCAA	CCCGGTTACT	GGCAACACCT	650
GTGACAACGT	GAAAGCTCGC	GCTGCCCTGA	TCGATTGCCT	GGCTCCGGAT	700
CGTCGTGTAG	AGATCGAAGT	TAAAGGTATC			730

配列番号：1 2

配列の長さ：2 2 5

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：P r o t e u s m i r a b i l i s

配列

CGCTACTGTT	TAAATCTCAT	TTGAAACATC	GCAAAGTCAG	TGAACCACAT	50
ATTCGAGGAT	GGCATGCACT	AGAAAATATT	AATAAGATTT	TAGCGAAACC	100
TAATCAGCGC	AATATCGCTT	AATTATTTTA	GGTATGTTCT	CTTCTATCCT	150
ACAGTCACGA	GGCAGTGTCG	AACTTGATCC	TCATTTTATT	AATCACATGA	200
CCAATGGTAT	AAGCGTCGTC	ACATA			225

配列番号：1 3

配列の長さ：4 0 2

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：P r o t e u s m i r a b i l i s

配列

ACATTTTAAA	TAGGAAGCCA	CCTGATAACA	TCCCCGCAGT	TGGATCATCA	50
GATTTATAGC	GGCATTGGT	ATCCGCTAGA	TAAAAGCAGT	CCAACGATCC	100
CGCCAATTGT	TAGATGAAAT	TGGACTATTC	TTTTTATTTG	CTCCGCTTTA	150
TCACAGTGGT	TTTCGCTTTG	CCGCCCCTGT	GCGCCAACAG	CTAAGAACAC	200
GCACGCTCTT	TAATGTGTTA	GGCCCATTA	TTAATCCAGC	GCGTTCGCGC	250
TTTAGCATT	ATTGGTGTTT	ATAGTCCTGA	ATTATTAATG	CCTATTGCAG	300
ATACCTTAAA	TGTCCTGGGC	TACAAACGTG	CGGCAGTGGT	CCATAGTGGT	350
GGAATGGATG	AAGTGTCATT	ACATGCTCCC	ACACAAGTGG	CTGAGTTACA	400
CA					402

10

配列番号：14

配列の長さ：157

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

CTGAAACGCA	TTTATGCGGG	AGTCAGTGAA	ATCATCACTC	AATTTTCACC	50
CGATGTATTT	TCTGTTGAAC	AAGTCTTTAT	GGCAAAAAT	GCAGACTCAG	100
CATTTAAAATT	AGGCCAAGCA	AGAGGTGTGG	CGATTTTAGC	GGCAGTCAAT	150
AATGATC					157

20

配列番号：15

配列の長さ：1348

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

30

TTTCTCTTTA	AAATCAATTC	TAAAGAAAT	TATTAATAAT	TAACCTGATA	50	
CTGTATGATT	ATACAGTATA	ATGAGTTTCA	ACAAGCAAAA	TCATATACGT	100	
TTTAATGGTA	GTGACCCATC	TTTATGCTTC	ACTGCCCAGA	GGGAGATAAC	150	
ATGGCTATTG	ATGAAAACAA	ACAAAAAGCA	TTGGCCGCAG	CACTTGGTCA	200	
AATGAAAAG	CAATTTGGTA	AAGGTTCTAT	CATGCGTCTG	GGCGAAGACC	250	
GTTCCATGAA	CGTAGAAACT	ATCTCTACAG	GATCTTTATC	ATTAGACGTT	300	
GCTTTAGGTG	CAGGTGGATT	GCCACGTGGC	CGTATTGTTG	AAATCTATGG	350	
CCCTGAATCT	TCTGGTAAAA	CAACCTTGAC	TCTACAAGTT	ATTGCCTCTG	400	10
CTCAGCGTGA	AGGAAAAATT	TGTGCATTTA	TTGATGCTGA	ACATGCATTA	450	
GACCCAATTT	ATGCTCAAAA	GCTAGGTGTC	GATATCGATA	ATCTACTCTG	500	
CTCTCAACCT	GACACAGGTG	AACAAGCTCT	GGAAATTTGT	GATGCATTAT	550	
CTCGCTCTGG	TGCGGTCGAT	GTTATTGTCTG	TGGACTCCGT	GGCAGCATTA	600	
ACACCAAAAG	CTGAAATTGA	AGGTGAAATT	GGTGATTCAC	ACGTTGGTTT	650	
AGCCGCACGT	ATGATGAGCC	AAGCTATGCG	TAAACTAGCG	GGTAACTTA	700	
AAAACCTCTAA	TACACTGCTG	ATTTTCATTA	ACCAAATTCG	TATGAAAATC	750	
GGTGTATATGT	TTGGTAACCC	AGAAACCACG	ACCGGTGGTA	ATGCGCTTAA	800	20
ATTCTATGCT	TCTGTTCGTT	TAGACATTCG	TGCGATTGGC	TCTGTCAAAA	850	
ATGGTGATGA	AGTCATTGGT	AGTGAGACTC	GCGTTAAAGT	TGTTAAAAAT	900	
AAAGTGGCTG	CACCGTTTAA	ACAAGCTGAA	TTCCAAATTA	TGTACGGTGA	950	
AGGTATTAAT	ACCTATGGCG	AACTGATTGA	TTTAGGTGTT	AAACATAAGT	1000	
TAGTAGAGAA	AGCAGGTGCT	TGGTATAGCT	ACAATGGCGA	AAAAATTGGT	1050	
CAAGGTAAAG	CTAACGCAAC	CAATTACTTA	AAAGAACATC	CTGAAATGTA	1100	
CAATGAGTTA	AACACTAAAT	TGCGTGAAAT	GTTGTAAAT	CATGCTGGTG	1150	
AATTCACAAG	TGCTGCGGAT	TTTGCAGGTG	AAGAGTCAGA	CAGTGATGCT	1200	30
GACGACACAA	AAGAGTAATT	AGCTGGTTGT	CATGCTGTTT	GTGTGAAAAT	1250	
AGACCTTAAA	TCATTGGCTA	TTATCACGAC	AGCATCCCAT	AGAATAACTT	1300	
GTTTGTATAA	ATTTTATTCA	GATGGCAAAG	GAAGCCTTAA	AAAAGCTT	1348	

配列番号：16

配列の長さ：2167

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

GGTACCGCTG	GCCGAGCATC	TGCTCGATCA	CCACCAGCCG	GGCGACGGGA	50
ACTGCACGAT	CTACCTGGCG	AGCCTGGAGC	ACGAGCGGGT	TCGCTTCGTA	100
CGGCGCTGAG	CGACAGTCAC	AGGAGAGGAA	ACGGATGGGA	TCGCACCAGG	150
AGCGGCCGCT	GATCGGCCTG	CTGTTCTCCG	AAACCGGCGT	CACCGCCGAT	200
ATCGAGCGCT	CGCACGCGTA	TGGCGCATTG	CTCGCGGTCG	AGCAACTGAA	250
CCGCGAGGGC	GGCGTCGGCG	GTCGCCCGAT	CGAAACGCTG	TCCCAGGACC	300
CCGGCGGCGA	CCCGGACCGC	TATCGGCTGT	GCGCCGAGGA	CTTCATTCGC	350
AACCGGGGGG	TACGGTTCCT	CGTGGGCTGC	TACATGTTCG	ACACGCGCAA	400
GGCGGTGATG	CCGGTGGTCG	AGCGCGCCGA	CGCGCTGCTC	TGCTACCGA	450

CCCCCTACGA	GGGCTTCGAG	TATTCGCCGA	ACATCGTCTA	CGGCGGTCCG	500	
GCGCCGAACC	AGAACAGTGC	GCCGCTGGCG	GCGTACCTGA	TTCGCCACTA	550	
CGGCGAGCGG	GTGGTGTTC	TCGGCTCGGA	CTACATCTAT	CCGCGGGAAA	600	
GCAACCATGT	GATGCGCCAC	CTGTATCGCC	AGCACGGCGG	CACGGTGCTC	650	
GAGGAAATCT	ACATTCGGCT	GTATCCCTCC	GACGACGACT	TGCAGCGCGC	700	
CGTCGAGCGC	ATCTACCAGG	CGCGCGCCGA	CGTGGTCTTC	TCCACCGTGG	750	
TGGGCACCGG	CACCGCCGAG	CTGTATCGCG	CCATCGCCCG	TCGCTACGGC	800	
GACGGCAGGC	GGCCGCCGAT	CGCCAGCCTG	ACCACCAGCG	AGGCGGAGGT	850	10
GGCGAAGATG	GAGAGTGACG	TGGCAGAGGG	GCAGGTGGTG	GTCGCGCCTT	900	
ACTTCTCCAG	CATCGATACG	CCCGCCAGCC	GGGCCTTCGT	CCAGGCCTGC	950	
CATGGTTTCT	TCCCGGAGAA	CGCGACCATC	ACCGCCTGGG	CCGAGGCGGC	1000	
CTACTGGCAG	ACCTTGTTGC	TCGGCCGCGC	CGCGCAGGCC	GCAGGCAACT	1050	
GGCGGGTGA	AGACGTGCAG	CGGCACCTGT	ACGACATCGA	CATCGACGCG	1100	
CCACAGGGGC	CGGTCCGGGT	GGAGCGCCAG	AACAACCACA	GCCGCCTGTC	1150	
TTCGCGCATC	GCGGAAATCG	ATGCGCGCGG	CGTGMTCCAG	GTCCGCTGGC	1200	
AGTCGCCCCA	ACCGATTCGC	CCCGACCCTT	ATGTCGTTCGT	GCATAACCTC	1250	20
GACGACTGGT	CCGCCAGCAT	GGGCGGGGGA	CCGCTCCCAT	GAGCGCCAAC	1300	
TCGCTGCTCG	GCAGCCTGCG	CGAGTTGCAG	GTGCTGGTCC	TCAACCCGCC	1350	
GGGGGAGGTC	AGCGACGCCC	TGGTCTTGCA	GCTGATCCGC	ATCGGTTGTT	1400	
CGGTGCGCCA	GTGCTGGCCG	CCGCCGGAAG	CCTTCGACGT	GCCGGTGGAC	1450	
GTGGTCTTCA	CCAGCATTTT	CCAGAATGGC	CACCACGACG	AGATCGCTGC	1500	
GCTGCTCGCC	GCCGGGACTC	CGCGCACTAC	CCTGGTGGCG	CTGGTGGAGT	1550	
ACGAAAGCCC	CGCGGTGCTC	TCGCAGATCA	TCGAGCTGGA	GTGCCACGGC	1600	
GTGATCACCC	AGCCGCTCGA	TGCCACCCGG	GTGCTGCCTG	TGCTGGTATC	1650	30
GGCGCGGCGC	ATCAGCGAGG	AAATGGCGAA	GCTGAAGCAG	AAGACCGAGC	1700	
AGCTCCAGGA	CCGCATCGCC	GGCCAGGCCC	GGATCAACCA	GGCCAAGGTG	1750	
TTGCTGATGC	AGCGCCATGG	CTGGGACGAG	CGCGAGGCGC	ACCAGCACCT	1800	
GTCGCGGGAA	GCGATGAAGC	GGCGCGAGCC	GATCCTGAAG	ATCGCTCAGG	1850	
AGTTGCTGGG	AAACGAGCCG	TCCGCCTGAG	CGATCCGGGC	CGACCAGAAC	1900	
AATAACAAGA	GGGGTATCGT	CATCATGCTG	GGACTGGTTC	TGCTGTACGT	1950	
TGGCGCGGTG	CTGTTTCTCA	ATGCCGTCTG	GTTGCTGGGC	AAGATCAGCG	2000	
GTCGGGAGGT	GGCGGTGATC	AACTTCCTGG	TCGGCGTGCT	GAGCGCCTGC	2050	40
GTCGCGTTCT	ACCTGATCTT	TTCCGCAGCA	GCCGGGCAGG	GCTCGCTGAA	2100	
GGCCGGAGCG	CTGACCCTGC	TATTCGCTTT	TACCTATCTG	TGGGTGGCCG	2150	
CCAACCAGTT	CCTCGAG				2167	

配列番号：17

配列の長さ：1872

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

GAATTCCCGG	GAGTTCCTGA	CGCAGCCACC	CCCAAAACAC	TGCTAAGGGA	50
GCGCCTCGCA	GGGCTCCTGA	GGAGATAGAC	CATGCCATTT	GGCAAGCCAC	100
TGGTGGGCAC	CTTGCTCGCC	TCGCTGACGC	TGCTGGGCCT	GGCCACCGCT	150
CACGCCAAGG	ACGACATGAA	AGCCGCCGAG	CAATACCAGG	GTGCCGCTTC	200
CGCCGTCGAT	CCCGCTCACG	TGGTGCACAC	CAACGGCGCT	CCCGACATGA	250
GTGAAAGCGA	GTTCAACGAG	GCCAAGCAGA	TCTACTTCCA	ACGCTGCGCC	300
GGTTGCCACG	GCGTCCTGCG	CAAGGGCGCC	ACCGGCAAGC	CGCTGACCCC	350
GGACATCACC	CAGCAACGCG	GCCAGCAATA	CCTGGAAGCG	CTGATCACCT	400
ACGGCACCCC	GCTGGGCATG	CCGAACTGGG	GCAGCTCCGG	CGAGCTGAGC	450
AAGGAACAGA	TCACCCTGAT	GGCCAAGTAC	ATCCAGCACA	CCCCGCCGCA	500
ACCGCCGGAG	TGGGGCATGC	CGGAGATGCG	CGAATCGTGG	AAGGTGCTGG	550
TGAAGCCGGA	GGACCGGCCG	AAGAAACAGC	TCAACGACCT	CGACCTGCCC	600
AACCTGTTCT	CGGTGACCCT	GCGCGACGCC	GGGCAGATCG	CCCTGGTCGA	650
CGGCGACAGC	AAAAAGATCG	TCAAGGTCAT	CGATACCGGC	TATGCCGTGC	700
ATATCTCGCG	GATGTCCGCT	TCCGGCCGCT	ACCTGCTGGT	GATCGGCCGC	750
GACGCGCGGA	TCGACATGAT	CGACCTGTGG	GCCAAGGAGC	CGACCAAGGT	800
CGCCGAGATC	AAGATCGGCA	TCGAGGCGCG	CTCGGTGGAA	AGCTCCAAGT	850
TCAAGGGCTA	CGAGGACCGC	TACACCATCG	CCGGCGCCTA	CTGGCCGCCG	900
CAGTTCGCGA	TCATGGACGG	CGAGACCCTG	GAACCGAAGC	AGATCGTCTC	950
CACCCGCGGC	ATGACCGTAG	ACACCCAGAC	CTACCACCCG	GAACCGCGCG	1000
TGGCGGCGAT	CATCGCCTCC	CACGAGCACC	CCGAGTTCAT	CGTCAACGTG	1050
AAGGAGACCG	GCAAGGTCCT	GCTGGTCAAC	TACAAGGATA	TCGACAACCT	1100
CACCGTCACC	AGCATCGGTG	CGGCGCCGTT	CCTCCACGAC	GGCGGCTGGG	1150
ACAGCAGCCA	CCGCTACTTC	ATGACCGCCG	CCAACAATC	CAACAAGGTT	1200
GCCGTGATCG	ACTCCAAGGA	CCGTGCGCTG	TCGGCCCTGG	TCGACGTCGG	1250
CAAGACCCCG	CACCCGGGGC	GTGGCGCCAA	CTTCGTGCAT	CCCAAGTACG	1300
GCCCGGTGTG	GAGCACCAGC	CACCTGGGCG	ACGGCAGCAT	CTCGCTGATC	1350
GGCACCGATC	CGAAGAACCA	TCCGCAGTAC	GCCTGGAAGA	AAGTCGCCGA	1400
ACTACAGGGC	CAGGGCGGCG	GCTCGCTGTT	CATCAAGACC	CATCCGAAGT	1450
CCTCGCACCT	CTACGTCGAC	ACCACCTTCA	ACCCCGACGC	CAGGATCAGC	1500
CAGAGCGTCG	CGGTGTTCTG	CCTGAAGAAC	CTCGACGCCA	AGTACCAGGT	1550
GCTGCCGATC	GCCGAATGGG	CCGATCTCGG	CGAAGGCGCC	AAGCGGGTGG	1600
TGCAGCCCGA	GTACAACAAG	CGCGGCGATG	AAGTCTGGTT	CTCGGTGTGG	1650
AACGGCAAGA	ACGACAGCTC	CGCGCTGGTG	GTGGTGGACG	ACAAGACCCT	1700
GAAGCTCAAG	GCCGTGGTCA	AGGACCCGCG	GCTGATCACC	CCGACCCGTA	1750
AGTTC AACGT	CTACAACACC	CAGCAGCAGC	TGTA CTGAGA	CCCGCGTGCG	1800
GGGCACGCCC	CGCACGCTCC	CCCCTACGAG	GAACCGTGAT	GAAACCGTAC	1850
GCACTGCTTT	CGCTGCTCGC	CA			1872

配列番号：18

配列の長さ：3451

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

TCGAGACGGG	AAGCCACTCT	CTACGAGAAG	ACAGAAGCCC	CTCACAGAGG	50	10
CCTCTGTCTA	CGCCTACTAA	AGCTCGGCTT	ATTTCATATGT	ATTTATATTC	100	
TTTCAATAGA	TCACTCAGCG	CTATTTTAAG	TTCACCCTCT	GTAAGTTCAC	150	
CTGGGCGCTC	TTTCTTTTCT	TCGGTAAAGC	TGTCGGCCAG	ACCAAACATT	200	
AAACTCAAGC	ATCTCCCAAG	CGATGCATCA	TCTTGGGCCA	GCATCCCTGA	250	
ATCGCGCGTC	GGACCTCCAA	GTCTTAAAAA	ATTCTTCGCT	GAAGGTTTTTC	300	
CCATCAATCG	ATGAGGCTAA	TAGCTTCTTT	GCAATATCTA	TCATTTCCAT	350	
GCTCACCTTA	AAGCACCTCA	TMTTTCATGT	AAAAATTGTA	TTGATCCGTG	400	
CCAGACTCAA	TCCTCCACCC	AGAAACAAAC	ATCCCATCCT	CTCCAATGAT	450	20
AACAACAATA	TTAGTCCTGG	CATTGTAATG	TACTTTTGAG	TTTACTTCGG	500	
AGTGGTAAGT	CCCTTTTTTCT	ACGGTTGCAG	GATCAGCAAG	GTGCTCAAGA	550	
ATTTTATCCC	TAAACTCTGC	AAGCGTCCA	TTGTTGGCGC	TTTTTTCACC	600	
CAGCCCAAAA	TCATATTTGT	GGCTATCAAA	TMTTTTCTGT	AGTTGCCTCC	650	
GTGTGAAGAT	ACCACTATCA	AGAGGACTAC	TGAGCATTAC	ATAAACAGGT	700	
TTGACTCCAG	AATCCGCCGG	GAAAATCACG	ATCAGATCGT	TTAGGTCCAG	750	
TAGCATTCCC	GGATAGGACT	CCGGGCCGGT	CTTCAACGGT	GTGAGGGCCG	800	
CTCCCTCATA	TACCGGCACC	GGCTTCGGTA	TGACCGGAGT	GGTACTCGAA	850	30
GGGTTCCTGGT	TTCTTGAGG	ACTCGCCGGC	GTCCAAGTCA	GGATCAGTGG	900	
CGGCGCTTCT	GCGACCGTAG	AGGGAACCGT	AACCTCGTAC	AGTCCTGTTG	950	
CGGCGTTATA	GGCCCCATCC	GGACCGGAAC	GCTTTCGGAA	CGCTCACACC	1000	
ATCGGTCTGA	CCACCGAAAG	GTCGTCTGT	TGCCTCGCGC	CTCGTTGGTC	1050	

AGGCGCATCG	GCAGATCGAC	GGTACCGCTG	GCTTTTGCAA	CCGCGTTCAG	1100
GTTTACGCTT	GGGGGAAGCC	CCAATTTAGC	GGCATCCATG	CCCAGGGCGT	1150
AACGAACGCT	ATCGGGCGTT	TGGTCCTGCC	ATTGCTCGGC	AGTCCGGGAG	1200
AGTAGGTCAG	ACTGGCAAGC	CACGGCCATC	ACCGAGGTGC	TGAAGCCAGG	1250
ACCGCCAGGA	CGGCAATCGC	ATCGGAGATC	GCTTGAGCAA	GGGATGCGGC	1300
GCCTGTGCCA	CCTGGATCAG	ACCCCGCTGC	GGCGGTGGCG	CACCCGCTGC	1350
CATTGGCTGG	CATGGCATAA	GTATTGGCAG	CCCTGATCGC	CGCTTGACGA	1400
GCGATTTCCCT	TGCGCCTTGC	CGTTTCGGCG	TTCAGCTTGT	CCAGCCGTGC	1450
TTGCAGGCTG	GCGATTTTCAT	CCACTAGGTA	GGACATCGGC	GTTGTAGGTT	1500
GCCTTTTGTT	TCTCCAGTGC	ATTGGGTGCC	TTGGCAATCA	AGGCATTGTT	1550
TGCAGTCTGC	AATTCTTCTT	ATTGCGATCG	CCTGCGTAAG	GAGTTGAGTA	1600
GCGCGTTCAA	GCCACTGCTC	TGGCGTTGGA	TTGGTCAGTT	GAGGCAAAGC	1650
ATTCCCAGCC	TGGTCAAGCT	CGGACTGCAC	TTTTTTCTCG	ACATTTGCCT	1700
TCCTGGCCTT	GTAGTCCGCC	TCCACCTCAG	CAGCGGCTCG	CTGGGCTTCT	1750
GCTTCCAATG	ACCGGGCTTT	ATTCTCCAGC	TCTTGAGACG	TTTGTTTCAA	1800
GATAGCGATT	TGCGCCTTAT	AGATATCGGC	GCTGTACGCT	TTGGCCAGCT	1850
CACTCATATG	GCGATCCAGG	AACTCTCCAT	AGAATTTTCG	GCTGGCCAGC	1900
AACTGACTCT	GGTACATCGA	CTCTGACTTC	TGAGGAAAGT	CTGAAGCCGT	1950
ATAAAGATTG	GCCGGGCGAT	CCTCAATGAC	CTTTAGCGAT	TTTGCTTTGG	2000
CATCCATGAG	TGCATCAACG	ATACTCTTTT	CATCGCGGAT	GTCATTGGCA	2050
CTGACCGCTT	TACCTGGCAA	CCCCGCTTCA	CTCTTGAGTT	CATCAACCTC	2100
CTTCAGGGTT	TCATTTTTC	GGTTTTTCTT	GAGTTCTGAA	TGGGACTTAT	2150
CAAGCGTACT	TCTTAGCTTC	CTGTACTCCT	GCATTCCAGT	ACCGACATAC	2200
GGACTTGGTC	CTGGTGGGAC	AAATGGTGG	GTACCGTAGC	TTGATCGAGC	2250
AGGAATATAC	TGGATTATGT	CACGCCACC	ACCCTGCACA	TGTGTAATAA	2300
CCATCGAACC	AGGTTCGTAA	TCATTGACAG	CCATAGATCG	CCCCTACATT	2350
AATTTGAAAG	TGTAATGTAT	TGAGCGACTC	CCACCTAGAG	AACCCTCTCC	2400
CAGTCAATAA	GCCCCAATGC	ATCGGCAATA	CACTGCAATC	AACTTCAATA	2450
TCCCGTGTTT	AGATGATCCA	GAAGGTGCGC	TCTCTCGCCT	CTTATAATCG	2500

10

20

30

CGCCTGCGTC	AAACGGTCAT	TTCCTTAACG	CACACCTCAT	CTACCCCGGC	2550
CAGTCACGGA	AGCCGCATAC	CTTCGGTTCA	TTAACGAACT	CCCACTTTCA	2600
AAATTCATCC	ATGCCGCCCC	TTCGCGAGCT	TCCGGACAAA	GCCACGCTGA	2650
TTGCGAGCCC	AGCGTTTTTG	ATTGCAAGCC	GCTGCAGCTG	GTCAGGCCGT	2700
TTCCGCAACG	CTTGAAGTCC	TGGCCGATAT	ACCGGCAGGG	CCAGCCATCG	2750
TTCGACGAAT	AAAGCCACCT	CAGCCATGAT	GCCCTTTCCA	TCCCCAGCGG	2800
AACCCCGACA	TGGACGCCAA	AGCCCTGCTC	CTCGGCAGCC	TCTGCCTGGC	2850
CGCCCCATTC	GCCGACGCGG	CGACGCTCGA	CAATGCTCTC	TCCGCCTGCC	2900
TCGCCGCCCG	GCTCGGTGCA	CCGCACACGG	CGGAGGGCCA	GTTGCACCTG	2950
CCACTCACCC	TTGAGGCCCG	GCGCTCCACC	GGCGAATGCG	GCTGTACCTC	3000
GGCGCTGGTG	CGATATCGGC	TGCTGGCCAG	GGGCGCCAGC	GCCGACAGCC	3050
TCGTGCTTCA	AGAGGGCTGC	TCGATAGTCG	CCAGGACACG	CCGCGCACGC	3100
TGACCCTGGC	GGCGGACGCC	GGCTTGCGCA	GCGGCCCGCA	ACTGGTCGTC	3150
ACCCTGGGTT	GTCAGGCGCC	TGACTGACAG	GCCGGGCTGC	CACCACCAGG	3200
CCGAGATGGA	CGCCCTGCAT	GTATCCTCCG	ATCGGCAAGC	CTCCCGTTTCG	3250
CACATTCACC	ACTCTGCAAT	CCAGTTCATA	AATCCCATAA	AAGCCCTCTT	3300
CCGCTCCCCG	CCAGCCTCCC	CGCATCCCCG	ACCCTAGACG	CCCCGCCGCT	3350
CTCCGCCGGC	TCGCCCGACA	AGAAAAACCA	ACCGCTCGAT	CAGCCTCATC	3400
CTTCACCCAT	CACAGGAGCC	ATCGCGATGC	ACCTGATACC	CCATTGGATC	3450
C					3451

10

20

配列番号：19

配列の長さ：744

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

30

GGGTCAGCA	AGCGTTCAGG	GGCGGTTTCAG	TACCCTGTCC	GTACTCTGCA	50
AGCCGTGAAC	GACACGACTC	TCGCAGAACG	GAGAAACACC	ATGAAAGCAC	100
TCAAGACTCT	CTTCATCGCC	ACCGCCCTGC	TGGGTTCCGC	CGCCGGCGTC	150
CAGGCCGCCG	ACAACTTCGT	CGGCCTGACC	TGGGGCGAGA	CCAGCAACAA	200
CATCCAGAAA	TCCAAGTCGC	TGAACCGCAA	CCTGAACAGC	CCGAACCTCG	250
ACAAGGTGAT	CGACAACACC	GGCACCTGGG	GCATCCGCGC	CGGCCAGCAG	300
TTCGAGCAGG	GCCGCTACTA	CGCGACCTAC	GAGAACATCT	CCGACACCAG	350
CAGCGGCAAC	AAGCTGCGCC	AGCAGAACCT	GCTCGGCAGC	TACGACGCCT	400
TCCTGCCGAT	CGGCGACAAC	AACACCAAGC	TGTTCCGGCGG	TGCCACCCTC	450
GGCCTGGTCA	AGCTGGAACA	GGACGGCAAG	GGCTTCAAGC	GCGACAGCGA	500
TGTCGGCTAC	GCTGCCGGGC	TGCAGGCCGG	TATCCTGCAG	GAGCTGAGCA	550
AGAATGCCTC	GATCGAAGGC	GGCTATCGTT	ACCTGCGCAC	CAACGCCAGC	600
ACCGAGATGA	CCCCGCATGG	CGGCAACAAG	CTGGGCTCCC	TGGACCTGCA	650
CAGCAGCTCG	CAATTCTACC	TGGGCGCCAA	CTACAAGTTC	TAAATGACCG	700
CGCAGCGCCC	GCGAGGGCAT	GCTTCGATGG	CCGGGCCGGA	AGGT	744

10

配列番号：20

配列の長さ：2760

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

20

CTGCAGCTGG	TCAGGCCGTT	TCCGCAACGC	TTGAAGTCCT	GGCCGATATA	50
CCGGCAGGGC	CAGCCATCGT	TCGACGAATA	AAGCCACCTC	AGCCATGATG	100
CCCTTTCCAT	CCCCAGCGGA	ACCCCGACAT	GGACGCCAAA	GCCCTGCTCC	150
TCGGCAGCCT	CTGCCTGGCC	GCCCCATTCG	CCGACGCGGC	GACGCTCGAC	200
AATGCTCTCT	CCGCCTGCCT	CGCCGCCCGG	CTCGGTGCAC	CGCACACGGC	250
GGAGGGCCAG	TTGCACCTGC	CACTCACCTT	TGAGGCCCGG	CGCTCCACCG	300
GCGAATGCGG	CTGTACCTCG	GCGCTGGTGC	GATATCGGCT	GCTGGCCAGG	350
GGCGCCAGCG	CCGACAGCCT	CGTGCTTCAA	GAGGGCTGCT	CGATAGTCGC	400
CAGGACACGC	CGCGCACGCT	GACCCTGGCG	GCGGACGCCG	GCTTGGCGAG	450
CGGCCGCGAA	CTGGTCGTCA	CCCTGGGTTG	TCAGGCGCCT	GACTGACAGG	500
CCGGGCTGCC	ACCACCAGGC	CGAGATGGAC	GCCCTGCATG	TATCCTCCGA	550
TCGGCAAGCC	TCCCGTTCGC	ACATTCACCA	CTCTGCAATC	CAGTTCATAA	600
ATCCCATAAA	AGCCCTCTTC	CGCTCCCCGC	CAGCCTCCCC	GCATCCCGCA	650
CCCTAGACGC	CCCGCCGCTC	TCCGCCGGCT	CGCCCGACAA	GAAAAACCAA	700
CCGCTCGATC	AGCCTCATCC	TTCACCCATC	ACAGGAGCCA	TCGCGATGCA	750
CCTGATACCC	CATTGGATCC	CCCTGGTTCG	CAGCCTCGGC	CTGCTCGCCG	800
GCGGCTCGTC	CGCGTCCGCC	GCCGAGGAAG	CCTTCGACCT	CTGGAACGAA	850
TGCGCCAAAG	CCTGCGTGCT	CGACCTCAAG	GACGGCGTGC	GTTCCAGCCG	900
CATGAGCGTC	GACCCGGCCA	TCGCCGACAC	CAACGGCCAG	GGCGTGCTGC	950
ACTACTCCAT	GGTCTTGAG	GGCGGCAACG	ACGCGCTCAA	GCTGGCCATC	1000
GACAACGCCC	TCAGCATCAC	CAGCGACGGC	CTGACCATCC	GCCTCGAAGG	1050
CGGCGTCGAG	CCGAACAAGC	CGGTGCGCTA	CAGCTACACG	CGCCAGGCGC	1100
GCGGCAGTTG	GTCGCTGAAC	TGGCTGGTAC	CGATCGGCCA	CGAGAAGCCC	1150
TCGAACATCA	AGGTGTTTTCAT	CCACGAACTG	AACGCCGGCA	ACCAGCTCAG	1200
CCACATGTCG	CCGATCTACA	CCATCGAGAT	GGGCGACGAG	TTGCTGGCGA	1250
AGCTGGCGCG	CGATGCCACC	TTCTTCGTCA	GGGCGCACGA	GAGCAACGAG	1300

10

20

30

ATGCAGCCGA	CGCTCGCCAT	CAGCCATGCC	GGGGTCAGCG	TGGTCATGGC	1350
CCAGACCCAG	CCGCGCCGGG	AAAAGCGCTG	GAGCGAATGG	GCCAGCGGCA	1400
AGGTGTTGTG	CCTGCTCGAC	CCGCTGGACG	GGGTCTACAA	CTACCTCGCC	1450
CAGCAACGCT	GCAACCTCGA	CGATACCTGG	GAAGGCAAGA	TCTACCGGGT	1500
GCTCGCCGGC	AACCCGGCGA	AGCATGACCT	GGACATCAAA	CCCACGGTCA	1550
TCAGTCATCG	CCTGCACTTT	CCCGAGGGCG	GCAGCCTGGC	CGCGCTGACC	1600
GCGCACCAGG	CTTGCCACCT	GCCGCTGGAG	ACTTTCACCC	GTCATCGCCA	1650
GCCGCGCGGC	TGGGAACAAC	TGGAGCAGTG	CGGCTATCCG	GTGCAGCGGC	1700
TGGTCGCCCT	CTACCTGGCG	GCGCGGCTGT	CGTGGAACCA	GGTCGACCAG	1750
GTGATCCGCA	ACGCCCTGGC	CAGCCCCGGC	AGCGGCGGCG	ACCTGGGCGA	1800
AGCGATCCGC	GAGCAGCCGG	AGCAGGCCCG	TCTGGCCCTG	ACCCTGGCCG	1850
CCGCCGAGAG	CGAGCGCTTC	GTCCGGCAGG	GCACCGGCAA	CGACGAGGCC	1900
GGCGCGGCCA	ACGCCGACGT	GGTGAGCCTG	ACCTGCCCGG	TCGCCCGCCG	1950
TGAATGCGCG	GGCCCGGCGG	ACAGCGGCGA	CGCCCTGCTG	GAGCGCAACT	2000
ATCCCCTGCG	CGCGGAGTTC	CTCGGCGACG	GCGGCGACGT	CAGCTTCAGC	2050
ACCCGCGGCA	CGCAGAACTG	GACGGTGGAG	CGGCTGCTCC	AGGCGCACCG	2100
CCAACCTGGAG	GAGCGCGGCT	ATGTGTTTCGT	CGGCTACCAC	GGCACCTTCC	2150
TCGAAGCGGC	GCAAAGCATC	GTCTTCGGCG	GGGTGCGCGC	GCGCAGCCAG	2200
GACCTCGACG	CGATCTGGCG	CGGTTTCTAT	ATCGCCGGCG	ATCCGGCGCT	2250
GGCCTACGGC	TACGCCCAGG	ACCAGGAACC	CGACGCACGC	GGCCGGATCC	2300
GCAACGGTGC	CCTGCTGCGG	GTCTATGTGC	CGCGCTCGAG	CCTGCCGGGC	2350
TTCTACCGCA	CCAGCCTGAC	CCTGGCCGCG	CCGGAGGCGG	CGGGCGAGGT	2400
CGAACGGCTG	ATCGGCCATC	CGCTGCCGCT	GCGCCTGGAC	GCCATCACCG	2450
GCCCCGAGGA	GGAAGGCGGG	CGCCTGGAGA	CCATTCTCGG	CTGGCCGCTG	2500
GCCGAGCGCA	CCGTGGTGAT	TCCCTCGGCG	ATCCCCACCG	ACCCGCGCAA	2550
CGTCGGCGGC	GACCTCGACC	CGTCCAGCAT	CCCCGACAAG	GAACAGGCGA	2600
TCAGCGCCCT	GCCGGACTAC	GCCAGCCAGC	CCGGCAAACC	GCCGCGCGAG	2650
GACCTGAAGT	AACTGCCGCG	ACCGGCCGGC	TCCCTTCGCA	GGAGCCGGCC	2700
TTCTCGGGGC	CTGGCCATAC	ATCAGGTTTT	CCTGATGCCA	GCCCAATCGA	2750
ATATGAATTC					2760

10

20

30

配列番号：21

配列の長さ：172

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Staphylococcus saprophyticus

配列

40

TTGATGAAAT GCATCGATTA ATAAATTTTC ATGTACGATT AAAACGTTTT 50
TACCCTTACC TTTTCGTACT ACCTCTGCCT GAAGTTGACC ACCTTTAAAG 100
TGATTCGTTG AAATCCATTA TGCTCATTAT TAATACGATC TATAAAAACA 150
AATGGAATGT GATGATCGAT GA 172

配列番号：2 2

配列の長さ：1 5 5

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：Staphylococcus saprophyticus

配列

GTTCCATTGA CTCTGTATCA CCTGTTGTAA CGAACATCCA TATGTCCTGA 50
AACTCCAACC ACAGGTTTGA CCACTTCCAA TTTCAGACCA CCAAGTTTGA 100
CACGTGAAGA TTCATCTTCT AATATTTTCGG AATTAATATC ATATTATTTA 150
AATAG 155

配列番号：2 3

配列の長さ：1 4 5

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：Staphylococcus saprophyticus

配列

ACATAGAAAA ACTCAAAGA TTTACTTTTT TCAAATGGAA AATAAGGGTA 50
CACACGATAT TTCCCGTCAT CTTCAGTTAC CGGTACAACA TCCTCTTTAT 100
TAACCTGCAC ATAATCTGAC TCCGCTTCAC TCATCAAACACT ACTAA 145

配列番号：2 4

配列の長さ：2 6 6

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：Staphylococcus saprophyticus

配列

TTTCACTGGA ATTACATTTT GCTCATTACG TACAGTGACA ATCGCGTCAG 50
ATAGTTTCTT CTGGTTAGCT TGACTCTTAA CAATCTTGTC TAAATTTTGT 100
TTAATTCCTT GATTCGTACT AGAAATTTTA CTTCTAATTC CTTGTAATTC 150
ATAACTTGCA TTATCATATA AATCATAAGT ATCACATTTT TGATGAATAC 200
TTTGATATAA ATCTGACAAT ACAGGCAGTT GCTCCATTCT ATCGTTAAGA 250
ATAGGGTAAT TAATAG 266

配列番号：2 5

10

20

30

40

50

配列の長さ：845

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

TGTTAAATTT	CTTTAACAGG	GATTTTGTTA	TTTAAATTAA	ACCTATTATT	50	
TTGTGCGCTT	TTTCACTGCA	TCTACTGCTT	GAGTTGCTTT	TTCTGAAACC	100	10
GCCTCTTTCA	TTTCACTTGC	TTTTTCTGAT	GCTGCTTCTT	TCATTTCGCC	150	
TACTTTTTTCT	GACGCTGCTT	CTGTTGCTGA	TTTAATTACT	TCTTTCGCAT	200	
CTTCCACTTT	CTCTGCTACT	TTATTTTTC	CGTCTGTAGA	AAGCTGCTGT	250	
GCTTTTTTCT	TTACTTCAGT	CATTGTATTA	GCTGCAGCAT	CTTTTGTTC	300	
TGATGCGACT	GATGCTACAG	TTTGCTTCGT	ATCCTCAACT	TTTTGTTTTG	350	
CTTCTTGCTT	ATCAAACAA	CCTGTCACGA	CTAAAGCTGA	ACCTAAAACC	400	
AATGCTAATG	TTAATTTTTT	CATTATTTTC	TCCATAGAAT	AATTTGATTG	450	
TTACAAAGCC	CTATTACTTT	GATGCAGTTT	AGTTTACGGG	AATTTTCATA	500	20
AAAAGAAAA	CAGTAATAGT	AAAACTTTAC	CTTCTTTTAA	AAAGATTACT	550	
TTATAAAAA	ACATCTAAGA	TATTGATTTT	TAATAGATTA	TAAAAACCA	600	
ATAAAAATTTT	TATTTTGT	AAAAAAAAG	AATAGTTTAT	TTTAAATAAA	650	
TTACAGGAGA	TGCTTGATGC	ATCAATATTT	CTGATTTATT	ACCATCCCAT	700	
AATAATTGAG	CAATAGTTGC	AGGATAAAAT	GATATTGGAT	TTCGTTTTCC	750	
ATACAGTTCA	GCAACAATTT	CTCCCACTAA	GGGCAAATGG	GAAACAATTA	800	
ATACAGATTT	AACGCCCTCG	TCTTTTAGCA	CTTCTAAATA	ATCAA	845	

配列番号：26

配列の長さ：1598

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

10

20

30

GAATAGAGTT	GCACTCAATA	GATTCGGGCT	TTATAATTGC	CCAGATTTTT	50	
ATTTATAACA	AAGGGTTCCA	AATGAAAAAA	TTAATCAAT	CTCTATTAGC	100	
AACTGCAATG	TTGTTGGCTG	CAGGTGGTGC	AAATGCGGCA	GCGTTTCAAT	150	
TGGCGGAAGT	TTCTACTTCA	GGTCTTGGTC	GTGCCTATGC	GGGTGAAGCG	200	
GCGATTGCAG	ATAATGCTTC	TGTCGTGGCA	ACTAACCCAG	CTTTGATGAG	250	
TTTATTTAAA	ACGGCACAGT	TTCCACAGG	TGGCGTTTAT	ATTGATTCTA	300	
GAATTAATAT	GAATGGTGAT	GTAACCTCTT	ATGCTCAGAT	AATAACAAAT	350	
CAGATTGGAA	TGAAAGCAAT	AAAGGACGGC	TCAGCTTCAC	AGCGTAATGT	400	10
TGTTCCCGGT	GCTTTTGTGC	CAAATCTTTA	TTTCGTTGCG	CCAGTGAATG	450	
ATAAATTCGC	GCTGGGTGCT	GGAATGAATG	TCAATTTTCGG	TCTAAAAAGT	500	
GAATATGACG	ATAGTTATGA	TGCTGGTGTA	TTTGGTGGAA	AACTGACTT	550	
GAGTGCTATC	AAC TTAAAT	TAAGTGGTGC	TTATCGAGTA	ACAGAAGGTT	600	
TGAGCCTAGG	TTTAGGGGTA	AATGCGGTTT	ATGCTAAAGC	CCAAGTTGAA	650	
CGGAATGCTG	GTCTTATTGC	GGATAGTGTT	AAGGATAACC	AAATAACAAG	700	
CGCACTCTCA	ACACAGCAAG	AACCATTCAG	AGATCTTAAG	AAGTATTTGC	750	
CCTCTAAGGA	CAAATCTGTT	GTGTCATTAC	AAGATAGAGC	CGCTTGGGGC	800	20
TTTGGCTGGA	ATGCAGGTGT	AATGTATCAA	TTTAATGAAG	CTAACAGAAT	850	
TGGTTTAGCC	TATCATTCTA	AAGTGGACAT	TGATTTTGCT	GACCGCACTG	900	
CTACTAGTTT	AGAAGCAAAT	GTCATCAAAG	AAGGTAAAAA	AGGTAATTTA	950	
ACCTTTACAT	TGCCAGATTA	CTTAGAACTT	TCTGGTTTCC	ATCAATTAAC	1000	
TGACAAACTT	GCAGTGCATT	ATAGTTATAA	ATATACCCAT	TGGAGTCGTT	1050	
TAACAAAATT	ACATGCCAGC	TTCGAAGATG	GTAAAAAAGC	TTTTGATAAA	1100	
GAATTACAAT	ACAGTAATAA	CTCTCGTGTT	GCATTAGGGG	CAAGTTATAA	1150	
TCTTTATGAA	AAATTGACCT	TACGTGCGGG	TATTGCTTAC	GATCAAGCGG	1200	30
CATCTCGTCA	TCACCGTAGT	GCTGCAATTC	CAGATACCGA	TCGCACTTGG	1250	
TATAGTTTAG	GTGCAACCTA	TAAATTCACG	CCGAATTTAT	CTGTTGATCT	1300	
TGGCTATGCT	TACTTAAAAG	GCAAAAAAGT	TCACTTTAAA	GAAGTAAAAA	1350	
CAATAGGTGA	CAAACGTACA	TTGACATTGA	ATACAACCTGC	AAATTATACT	1400	
TCTCAAGCAC	ACGCAAATCT	TTACGGTTTG	AATTTAAATT	ATAGTTTCTA	1450	
ATCCGTTAAA	AAATTTAGCA	TAATAAAGCA	CAATTCCACA	CTAAGTGTGC	1500	
TTTTCTTTTA	TAAAACAAGG	CGAAAAATGA	CCGCACTTTA	TTACACTTAT	1550	
TACCCCTCGC	CAGTCGGACG	GCTTTTGATT	TTATCTGACG	GCGAAACA	1598	40

配列番号：27

配列の長さ：9100

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

GTCAAAAATT	GCGTGCATTC	TAGCGAAAAA	ATGGGCTTTT	GGGAACTGTG	50	
GGATTTATTT	AAAATCTTAG	AAAATCTTAC	CGCACTTTTA	AGCTATAAAG	100	
TGCGGTGAAA	TTTAGTGCCG	TTTATAATGG	AGAATTACTC	TGGTGTAATC	150	
CATTCGACTG	TCCAGCTTCC	AGTACCTTCT	GGAAC TAATG	TTTTTGTGAG	200	
ATAAGGCAA	ATTTCTTTCA	TTTGGGTTTC	TAATGTCCAA	GGTGGATTAA	250	
TTACCACCAT	ACCGCTCGCA	GTCATTCCCTC	GTTGATCGCT	ATCTGGGCGA	300	
ACGGCGAGTT	CAATTTTTAG	AATTTTTCTA	ATTCCC GTTG	CTTCTAAACC	350	
CTTAAAAATA	CGTTTAGTTT	GTTGGCGTAA	TACAACAGGA	TACCAAATCG	400	10
CATAAGTGCC	AGTGGCAAAA	CGTTTATAGC	CCTCTTCAAT	GGCTTTAACA	450	
ACGAGATCAT	AATCATCTTT	TAATTCATAA	GGCGGATCGA	TGAGTACTAA	500	
GCCTCGGCGT	TCTTTTGGCG	GAAGCGTTGC	TTTGACTTGT	TGAAAGCCAT	550	
TGTCACATTT	TACGGTGACA	TTTTTGTCTG	CGCTAAAATT	ATTGCGAAGA	600	
ATTGGATAAT	CGCTAGGATG	AAGCTCGGTC	AATAGTGCGC	GATCTTGTGA	650	
GCGCAACAAT	TCCGCGGCAA	TTAATGGAGA	ACCCGCGTAA	TAACGTAGTT	700	
CTTTGCCACC	ATAATTGAGT	TTTTTGATCA	TTTTTACATA	ACGAGCAATA	750	
TCTTCGGGTA	AATCTGTTTG	ATCCCACAGG	CGTCCAATAC	CTTCTTTATA	800	20
TTCCCCCGTT	TTTTCTGATT	CATTTGAGGA	TAAACGATAA	CGCCCCACAC	850	
CAGAGTGCGT	ATCCAAATAA	AAAAGCCTT	TTTCTTTGAG	TTTAAGATTT	900	
TCCAAAATGA	GCATTAAAC	AATATGTTTC	AAGACATCGG	CATGATTGCC	950	
AGCGTGAAAT	GAGTGATGAT	AACTCAGCAT	AATATATTCC	TTATATATTC	1000	
CTTATTTGTT	TAATAACGAA	GGCGAGCCAA	TTGACTCGCC	CGATTACACA	1050	
CTAAAGTGCG	GTCATTTTTA	GAAGAGTTCT	TGTGGTTGCG	TCGCTGGCGT	1100	
ATTGCCTTCA	TTATTTAAGC	GTTGCTGTAA	CTCAGTAGGA	ACATAATAAC	1150	
CACGCTCTTG	CATTTCCGAA	AGATAGGTAC	GTGTCGGTTC	TGTTCCCGCA	1200	30
ATAAAATATT	CTTTGCGCCC	ACCGTTTGGA	GAAAGCAAAC	CTGTCAAAGT	1250	
ATCAATGTTT	TTTTCCACAA	TTTTTGGCGG	TAGCGACAAT	TTACGTTCTG	1300	
GCTTATCACT	CAAAGCCGTT	TTCATATAAG	TGATCCAAGC	AGGCATTGCT	1350	
GTTTTTGCTC	CTGCTTCTCC	ACGCCAAGT	ACTCGTTTGT	TATCATCAA	1400	
CCCGACATAA	GTTGTGGTTA	CTAAGTTTGC	ACCAAATCCC	GCATACCAAG	1450	
CCACTTTTGA	ACTGTTGGTA	GTACCTGTTT	TACCGCCTAT	ATCGCTACGT	1500	
TTAATGCTTT	GTGCAATACG	CCAGCTGGTG	CCTTTCCAGT	CTAAACCTTG	1550	
TCGCCATAA	ATTGCCGTAT	TTAAGGCACT	ACGAATGAGA	AAAGCAAGTT	1600	40
CGCCACTAAT	GACACGTGGC	GCATATTCTA	TTTTTCGACGA	AGCATTTTTT	1650	
GCAGCAGCCA	TTAAATCAAT	CGCATCTTCT	TTAAGTGCGG	TCATATTTGA	1700	
TTGTAATTCT	GGCAGTTCAG	GCACAGTTTC	AGGTTGTTGA	TCTAATTCTT	1750	
CGCCATTGGT	GCTGTCATCT	GTTGGTTTTA	AGGCATTCTC	GCCTAAAGGA	1800	
ATATTGGCAA	AGCCGTTGAT	TTTGTCTTTG	GTTTCGCCAT	AAATTACAGG	1850	
TATATCATTA	CATTCAATGC	AAGCAATTTT	AGGGTTTGCA	ATAAATAAGT	1900	
CTTTACCCGT	GTTATCTTGA	ATTTTTTCAA	TGATATAAGG	TTCAATGAGG	1950	
AAGCCACCAT	TATCAAACAC	CGCATAAGCT	CGCGCCATTT	CTAATGGTGT	2000	50

GAAAGAGGCT	GCGCCAAGTG	CTAAGGCTTC	ACTGGCAAAA	TATTGATCAC	2050	
GTTTAAAACC	AAAACGTTGT	AAAAATTCTG	CTGTGAAATC	AATACCTGCC	2100	
GTTTGGATAG	CACGAATAGC	AATTATATTT	TTGGATTGAC	CTAATCCTAC	2150	
GCGTAAACGC	ATCGGGCCAT	CATAACGATC	AGGCGAGTTT	TTCGGTTGCC	2200	
ACATTTTTTG	TCCCGGTTTT	TGAATAGAAA	TCGGGCTGTC	TTGTAATACG	2250	
CTTGAAAGTG	TTAAGCCTTT	TTCTAATGCT	GCCGCGTAAA	TAAATGGTTT	2300	
GATAGAAGAA	CCCACTTGAA	CTAAAGACTG	TGTGGCTCGA	TTGAATTTAC	2350	
TTTGTTTCATA	GCTAAAGCCA	CCGACCACTG	CTTCAATCGC	ACCATTATCT	2400	10
GAATTAAGAG	AAACTAATGC	TGAATTTGCT	GCGGGAATTT	GTCCTAATTG	2450	
CCATTCCCCA	TTAGCACGCT	GATGAATCCA	AATTTGCTCG	CCGACTTTCA	2500	
CAGGATTGCT	TCTGCCTGTC	CAACGCATTG	CATTGGTTGA	TAAGGTCATT	2550	
TTTTCCCCAG	AAGCGAGCAA	TATATCAGCA	CCGCCTTTTA	CAATTCCAAT	2600	
CACTGCCGCA	GGAATAAATG	GCTCTGAATC	AGGTAGTTTG	CGTAGAAAAC	2650	
CGACAATGCG	ATCATTGTCC	CAAGCGGCTT	CATTTTTTTG	CCATAATGGC	2700	
GCGCCACCGC	GATAACCGTG	ACGCATATCG	TAATCAATCA	AGTTATTACG	2750	
CACAGCTTTT	TGGGCTTCAG	CTTGGTCTTT	TGAAAGTACA	GTGGTAAATA	2800	20
CTTTATAACC	ACTGGTGTA	GCATTTTCTT	CGCCAAAACG	ACGCACCATT	2850	
TCTTGACGCA	CCATTTAGT	GACATAATCG	GCTCGAAATT	CAAATTTTGC	2900	
GCCGTGATAG	CTCGCCACAA	TCGGCTCTTT	CAATGCAGCA	TCATATTCTT	2950	
CTTTGCTGAT	GTATTTTTCA	TCTAACATAC	GGCTTAGCAC	CACATTGCGG	3000	
CGTCTTCTG	AACGTTTTAA	AGAATAAAGC	GGGTTTATTG	TTGAAGGTGC	3050	
TTTAGGTAAA	CCAGCAATAA	TCGCCATTTT	CGATAAGGTC	AATTCATTCA	3100	
ATGATTTACC	GAAATAGGTT	TGTGCTGCCG	CTGCAACACC	ATAAGAACGA	3150	
TAGCCTAAAA	AGATTTTGTT	TAAATAAAGC	TCTAATATTT	CTTGTTTGTT	3200	30
GAGAGTATTT	TCGATTTCTA	CCGCAAGCAC	GGCTTCACGA	GCTTTACGAA	3250	
TAATGGTTTT	TTCTGAGGTT	AAGAAAAAGT	TACGCGCTAA	TTGTTGAGTA	3300	
ATCGTACTTG	CGCCTTGTGA	TGCACCGCCA	TTACTCACTG	CGACAAACAA	3350	
TGCACGGGCA	ATGCCGATAG	GGTCTAATCC	GTGATGATCG	TAAAACGAC	3400	
TGTCTTCCGT	CGCTAAAAAT	GCGTCAATTA	AGCGTTGTGG	CACATCGGCT	3450	
AATTTCACTG	GAATACGGCG	TTGCTCACCC	ACTTCGCCAA	TTAATTTACC	3500	
GTCAGCCGTA	TAAATCTGCA	TTGGTTGCTG	TAATTC AACG	GTTTTAATG	3550	
TTTCTACTGA	GGGCAATTCA	GATTTTAAGT	GGAAATACAA	CATTCGCCT	3600	40
GCTACTAAAC	CTAAAATACA	TAAAGTTAAT	AGGGTGTTTA	ATATTAATTT	3650	
TGCGATCCGC	ATCGTAAAAT	TCTCGCTTCG	TTAATGAATA	TTCTTGTCAA	3700	
GAGACCTATG	ATTTGGCTGT	TAAGTATAAA	AGATTCAGCC	TTTAAAGAAT	3750	
AGGAAAGAAT	ATGCAATTCT	CCCTGAAAAA	TTACCGCACT	TTACAAATCG	3800	
GCATTCATCG	TAAGCAGAGT	TATTTTGATT	TTGTGTGGTT	TGATGATCTC	3850	

GAACAGCCAC	AAAGTTATCA	AATCTTTGTT	AATGATCGTT	ATTTTAAAAA	3900
TCGTTTTTTA	CAACAGCTAA	AAACACAATA	TCAAGGGAAA	ACCTTTCCTT	3950
TGCAGTTTGT	AGCAAGCATT	CCCGCCCACT	TAAGTTGGTC	GAAAGTATTA	4000
ATGTTGCCAC	AAGTGTTAAA	TGCGCAAGAA	TGTCATCAAC	AATGTAAATT	4050
TGTGATTGAA	AAAGAGCTGC	CTATTTTTTT	AGAAGAATTG	TGGTTTGATT	4100
ATCGTTCCTAC	CCCGTTAAAG	CAAGGTTTTT	GATTAGAGGT	TACTGCAATT	4150
CGTAAAAGTA	GCGCTCAAAC	TTATTTGCAA	GATTTTCAGC	CATTTAATAT	4200
TAATATATTG	GATGTTGCGT	CAAATGCTGT	TTGCGTGCA	TTCAATATC	4250
TGTTGAATGA	ACAAGTGCGG	TCAGAAAATA	CCTTATTTTT	ATTTCAAGAA	4300
GATGACTATT	GCTTGCGGAT	TTGTGAAAGA	TCTCAGCAAT	CACAAATTTT	4350
ACAATCTCAC	GAAAATTTGA	CCGCACTTTA	TGAACAATTT	ACCGAACGTT	4400
TTGAAGGACA	ACTTGAACAA	GTTTTTGT	ATCAAATTC	CTCAAGTCAT	4450
ACACCATTAC	CCGAAACTG	GCAGCGAGTA	GAAACAGAAC	TCCCTTTTAT	4500
TGCGCTGGGC	AACGCGCTAT	GGCAAAAAGA	TTACATCAA	CAAAAAGTGG	4550
GTGGTTAAAT	GTCGATGAAT	TTATTGCCTT	GGCGTACTTA	TCAACATCAA	4600
AAGCGTTTAC	GTCGTTTAGC	TTTTTATATC	GCTTTATTTA	TCTTGCTTGC	4650
TATTAATTTA	ATGTTGGCTT	TTAGCAATTT	GATTGAACAA	CAGAAACAAA	4700
ATTTGCAGGC	ACAGCAAAAG	TCGTTTGAAC	AACTTAATCA	ACAGCTTCAT	4750
AAAACCTACCA	TGCAAATTTGA	TCAGTTACGC	ATTGCGGTGA	AAGTTGGTGA	4800
AGTTTTGACA	TCTATTCCCA	ACGAGCAAGT	AAAAAAGAGT	TTACAACAGC	4850
TAAGTGAATT	ACCTTTTCAA	CAAGGAGAAC	TGAATAAATT	TAAACAAGAT	4900
GCCAATAACT	TAAGCTTGGA	AGGTAACGCG	CAAGATCAAA	CAGAATTTGA	4950
ACTGATTCAT	CAATTTTAA	AGAAACATTT	TCCAATGTG	AAATTAAGTC	5000
AGGTTCAACC	TGAACAAGAT	ACATTGTTTT	TTCACTTTGA	TGTGGAACAA	5050
GGGGCGGAAA	AATGAAAGCT	TTTTTTAACG	ATCCTTTTAC	TCCTTTTGGA	5100
AAATGGCTAA	GTCAGCCTTT	TTATGTGCAC	GGTTTAAACCT	TTTTATTGCT	5150
ATTAAGTGCG	GTGATTTTTC	GCCCCGTTTT	AGATTATATA	GAGGGGAGTT	5200
CACGTTTCCA	TGAAATTTGAA	AATGAGTTAG	CGGTGAAACG	TTCAGAATTG	5250
TTGCATCAAC	AGAAAATTTT	AACCTCTTTA	CAACAGCAGT	CGGAAAGTCG	5300
AAAACCTTCT	CCAGAACTGG	CTGCACAAAT	TATTCCTTTG	AATAAACAAA	5350
TTCAACGTTT	AGCTGCGCGT	AACGGTTTAT	CTCAGCATTT	ACGTTGGGAA	5400
ATGGGGCAAA	AGCCTATTTT	GCATTTACAG	CTTACAGGTC	ATTTTGAAAA	5450
AACGAAGACA	TTTTTATCCG	CACTTTTGCC	TAATTCGTCA	CAGCTTTCTG	5500
TAAGTCGGTT	GCAATTTATG	AAACCCGAAG	ACGGCCCAT	GCAAACCGAG	5550
ATCATTTTTC	AGCTAGATAA	GGAAACAAA	TGAAACATTG	GTTTTTCCTG	5600
ATTATATTAT	TTTTTATGAA	TTGCAGTTGG	GGACAAGATC	CTTTCGATAA	5650
AACACAGCGT	AACCGTTCTC	AGTTTGATAA	CGCACAAACA	GTAATGGAGC	5700

10

20

30

40

AAACAGAAAT	AATTCCTCA	GATGTGCCTA	ATAATCTATG	CGGAGCGGAT	5750
GAAAATCGCC	AAGCGGCTGA	AATTCCTTTG	AACGCTTTAA	AATTGGTGGG	5800
GGTAGTGATT	TCTAAAGATA	AAGCCTTTGC	CTTGTTGCAA	GATCAAGGTT	5850
TGCAAGTTTA	CAGCGTTTTA	GAGGGCGTTG	ATGTGGCTCA	AGAGGGCTAT	5900
ATTGTAGAAA	AAATCAACCA	AAACAATGTT	CAATTTATGC	GTAAGCTAGG	5950
AGAGCAATGT	GATAGTAGTG	AATGGAAAAA	ATTAAGTTTT	TAAAGGAAGA	6000
TTATGAAGAA	ATATTTTTTA	AAGTGCGGTT	ATTTTTTAGT	ATGTTTTTGT	6050
TTGCCATTAA	TCGTTTTTGC	TAATCCTAAA	ACAGATAACG	AACGTTTTTT	6100
TATTCGTTTA	TCGCAAGCAC	CTTTAGCTCA	AACACTGGAG	CAATTAGCTT	6150
TTCAACAAGA	TGTGAATTTA	GTGATGGAG	ATATATTGGA	AAACAAGATC	6200
TCTTTGAAAT	TAAACAATAT	TGATATGCCA	CGTTTGCTAC	AAATAATCGC	6250
AAAAAGTAAG	CATCTTACTT	TGAATAAAGA	TGATGGGATT	TATTATTTAA	6300
ACGGCAGTCA	ATCTGGCAAA	GGTCAGGTTG	CAGGAAATCT	TACGACAAAT	6350
GAACCGCACT	TAGTGAGTCA	CACGGTAAAA	CTCCATTTTG	CTAAAGCTTC	6400
TGAATTAATG	AAATCCTTAA	CAACAGGAAG	TGGCTCTTTG	CTTTCTCCCG	6450
CTGGGAGCAT	TACCTTTGAT	GATCGCAGTA	ATTTGCTGGT	TATTCAGGAT	6500
GAACCTCGTT	CTGTGCAAAA	TATCAAAAAA	CTGATTGCTG	AAATGGATAA	6550
GCCTATTGAA	CAGATCGCTA	TTGAAGCGCG	AATTGTGACA	ATTACGGATG	6600
AGAGTTTGAA	AGAACTTGGC	GTTCCGGTGGG	GGATTTTTAA	TCCAAGTAA	6650
AATGCAAGAC	GAGTTGCGGG	CAGCCTTACA	GGCAATAGCT	TTGAAAATAT	6700
TGCGGATAAT	CTTAATGTAA	ATTTTGCGAC	AACGACGACA	CCTGCTGGCT	6750
CTATAGCATT	ACAAGTCGCC	AAAATTAATG	GGCGATTGCT	TGATTTAGAA	6800
TTGAGTGCCT	TGGAGCGTGA	AAATAATGTA	GAAATTATTG	CAAGCCCTCG	6850
CTTACTCACT	ACCAATAAGA	AAAGTCCGAG	CATTAACAG	GGGACAGAAA	6900
TTCTTACAT	CGTGAGTAAT	ACTCGTAACG	ATACGCAATC	TGTGGAATTT	6950
CGTGAGGCGG	TGCTTGGTTT	GGAAGTGACG	CCACATATTT	CTAAAGATAA	7000
CAATATCTTA	CTTGATTTAT	TGGTAAGTCA	AAATTCCCCT	GGTTCTCGTG	7050
TCGCTTATGG	ACAAAATGAG	GTGGTTTCTA	TTGATAAACA	AGAAATTAAT	7100
ACTCAGGTTT	TTGCCAAGA	TGGGGAAACC	ATTTGTGCTTG	GCGGCGTATT	7150
TCACGATACA	ATCACGAAAA	GCGAAGATAA	AGTGCCATTG	CTTGGCGATA	7200
TACCCGTTAT	TAAACGATTA	TTTAGCAAAG	AAAGTGAACG	ACATCAAAAA	7250
CGTGAGCTAG	TGATTTTCGT	CACGCCACAT	ATTTTAAAAG	CAGGAGAAAA	7300
CGTTAGAGGC	GTTGAAACAA	AAAAGTGAGG	GTAAAAAATA	ACTTTTTTAAA	7350
TGATGAATTT	TTTTAATTTT	CGCTGTATCC	ACTGTCGTGG	CAATCTTCAT	7400
ATCGCAAAAA	ATGGGTATATG	TTCAGGTTGC	CAAAAACAAA	TTAAATCTTT	7450
TCCTTATTGC	GGTCATTGTG	GTTCCGAATT	GCAATATTAT	GCGCAGCATT	7500
GTGGGAATTG	TCTTAAACAA	GAACCAAGTT	GGGATAAGAT	GGTCATTATT	7550

10

20

30

40

GGGCATTATA	TTGAACCTCT	TTCGATATTG	ATTCAGCGTT	TTAAATTTCA	7600
AAATCAATTT	TGGATTGACC	GCACTTTAGC	TCGGCTTTTA	TATCTTGCGG	7650
TACGTGATGC	TAAACGAACG	CATCAACTTA	AATTGCCAGA	GGCAATCATT	7700
CCAGTGCCTT	TATATCATTT	TCGTCAAGTG	CGACGGGGTT	ATAATCAGGC	7750
AGATTTATTA	TCTCAGCAAT	TAAGTCGTTG	GCTGGATATT	CCTAATTTGA	7800
ACAATATCGT	AAAGCGTGTG	AAACACACCT	ATACTCAACG	TGGTTTGAGT	7850
GCAAAAGATC	GTCGTCAGAA	TTTAAAAAAT	GCCTTTTCTC	TTGCTGTTTC	7900
GAAAAATGAA	TTTCCTTATC	GTCGTGTTGC	GTTGGTGGAT	GATGTGATTA	7950
CTACTGGTTC	TACACTCAAT	GAAATCTCAA	AATGTTGCG	AAAATTAGGT	8000
GTGGAGGAGA	TTCAAGTGTG	GGGGCTGGCA	CGAGCTTAAT	ATAAAGCACT	8050
GGAAAAAAA	GCGCGATAAG	CGTATTATTC	CCGATACTTT	CTCTCAAGTA	8100
TTTAGGACAT	AATTATGGAA	CAAGCAACCC	AGCAAATCGC	TATTTCTGAT	8150
GCCGCACAAG	CGCATTTTCG	AAAACCTTTA	GACACCCAAG	AAGAAGGAAC	8200
GCATATTCGT	ATTTTCGCGG	TTAATCCTGG	TACGCCTAAT	GCGGAATGTG	8250
GCGTATCTTA	TTGCCCCCG	AATGCCGTGG	AAGAAAGCGA	TATTGAAATG	8300
AAATATAATA	CTTTTTCTGC	ATTTATTGAT	GAAGTGAGTT	TGCCTTTCTT	8350
AGAAGAAGCA	GAAATTGATT	ATGTTACCGA	AGAGCTTGGT	GCGCAACTGA	8400
CCTTAAAAGC	ACCGAATGCC	AAAATGCGTA	AGGTGGCTGA	TGATGCGCCA	8450
TTGATTGAAC	GTGTTGAATA	TGTAATTCAA	ACTCAAATTA	ACCCACAGCT	8500
TGCAAATCAC	GGTGGACGTA	TAACCTTAAT	TGAAATTAAT	GAAGATGGTT	8550
ACGCAGTTTT	ACAATTTGGT	GGTGGCTGTA	ACGGTTGTTT	AATGGTGGAT	8600
GTTACGTTAA	AAGATGGGGT	AGAAAAACAA	CTTGTTAGCT	TATTCCCGAA	8650
TGAATTAATA	GGTGCAAAAG	ATATAACTGA	GCATCAACGT	GCGGAACATT	8700
CTTATTATTA	GTGAGTTATA	AAAGAAGATT	TATAATGACC	GCACTTTTGA	8750
AAGTGCGGTT	ATTTTTATGG	AGAAAAAATG	AAAATACTTC	AACAAGATGA	8800
TTTTGGTTAT	TGGTTGCTTA	CACAAGGTTT	TAATCTGTAT	TTAGTGAATA	8850
ATGAATTGCC	TTTTGGTATC	GCTAAAGATA	TTGATTTGGA	AGGATTGCAG	8900
GCAATGCAAA	TTGGGGAATG	GAAAAATTAT	CCGTTGTGGC	TTGTGGCTGA	8950
GCAAGAAAGT	GATGAACGAG	AATATGTGAG	TTTGTGTAAC	TTGCTTTTAC	9000
TGCCAGAGGA	TGAATTCAT	ATATTAAGCC	GAGGTGTGGA	AATTAATCAT	9050
TTTCTGAAAA	CCCATAAATT	CTGTGGAAAG	TGCGGTCATA	AAACACAACA	9100

10

20

30

40

配列番号：28

配列の長さ：525

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

AAAAATCGAC	TGCCGTCATT	TTCAACCACC	ACATAGCTCA	TATTCGCAAG	50
CCAATGTATT	GACCGTTGGG	AATAATAACA	GCCCCAAAAC	AATGAAACAT	100
ATGGTGATGA	GCCAAACATA	CTTTCCTGCA	GATTTTGGAA	TCATATCGCC	150
ATCAGCACCA	GTATGGTTTG	ACCAGTATTT	AACGCCATAG	ACATGTGTAA	200
AAAAATTAAT	TAACGGTGCA	AGCATGAGAC	CAACGGCACC	TGATGTACCT	250
TGTACGATGA	CCTCACCTGC	TGTGGCAACC	ATACCAAGTC	CATTGCCCTGT	300
GATATTTTGT	CGAAAAGACA	AACTTACCAC	ACAGACCAAG	CCGATGATTG	350
AGATGACAAA	ATAAAACCAA	TCCAAATGCG	TGTGAGCTGT	TGTGGTCCAA	400
AATCCAGTAA	ATAGTGCAAT	AAATCCGCAA	ACAAACCAA	GTAGCACCCA	450
GCTTGTGTGC	CAATCTTTTT	TACCAAAGCC	TGTGATGTTA	TCTAAAATAT	500
CAATTTTCAT	CAGATTTTCC	CTAAT			525

10

配列番号：29

配列の長さ：466

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

20

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

TAATGATAAC	CAGTCAAGCA	AGCTCAAATC	AGGGTCAGCC	TGTTTTGAGC	50
TTTTTATTTT	TTGATCATCA	TGCTTAAGAT	TCACTCTGCC	ATTTTTTTAC	100
AACCTGCACC	ACAAGTCATC	ATCGCATTTG	CAAAAATGGT	ACAAACAAGC	150
CGTCAGCGAC	TAAACAAAA	AAAGGCTCAA	TCTGCGTGTG	TGCGTTCACT	200
TTTACAAATC	ACCATGCACC	GCTTTGACAT	TGTTGGTGAA	TTTCATGACC	250
ATGCACACCC	TTATTATATT	AACTCAAATA	AAATACGCTA	CTTTGTCAGC	300
TTTAGCCATT	CAGATAATCA	AGTCGCTCTC	ATCATCAGCT	TAACACCTTG	350
TGCCATTGAC	ATAGAAGTTA	ACGATATTAA	ATACAGTGTG	GTTGAACGAT	400
ACTTTCATCC	CAATGAAATT	TATCTACTTA	CTCAATTTAG	CTCTACTGAT	450
AGGCAACAGC	TTATTA				466

30

配列番号：30

配列の長さ：631

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

40

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

GATCTTTGAT	TTTCATTGAG	TATTACTCTC	TCTTGTCACT	TCTTTCTATT	50
TTACCATAAA	GTCCAGCCTT	TGAAGAACTT	TTACTAGAAG	ACAAGGGGCT	100
TCTGTCTCTA	TTTGCCATCT	TAGGCATCAA	AAAAGAGGGG	TCATCCCTCT	150
TTACGAATTC	AATGCTACTA	GGGTATCCAA	ATACTGGTTG	TTGATGACTG	200
CCAAAATATA	GGTATCTGCT	TTCAAGAGGT	CATCTGGTCC	AAATTCAACA	250
TCCAATGGGG	AATTTTCCTG	CTCTCGGAAA	CCCAAAATAT	TCAGATTGTA	300
TTTGCCACGG	AGGTCTAATT	TACTTCAGAC	TTTGACCTGC	CCAAGACTGA	350
GGAATTTTCA	TCTCCACGAT	AGACACATTT	TTATCCAACT	GAAAGACATC	400
AACACTATTA	TGAAAAGAAT	GGTCTGTGCT	AGAGACTGCC	CCATTTCATA	450
CTCTGGCGAG	ATAACCGAGT	CAGCTCCAAT	CTTTTCTAGC	ACTTTCTTAG	500
CGGTCTGACT	TTTGACCTTA	GCAATAACAG	TCGGTACCCC	CAAACCTTTA	550
CAGTGCATAA	CCGCAAGCAC	ACTCGACTCC	AGATTTTCAC	CTGTCGCGAC	600
TACAACGGTA	TCGCAGGTAT	CAATCCCTGC	T		631

10

配列番号：3 1

配列の長さ：3 7 5 4

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：S t r e p t o c o c c u s p n e u m o n i a e

配列

20

CTGTTGCGAC	AACTTTTCA	AAGGCTTGGC	TGTTCAATTTT	TTCAGCCAGT	150
TCAGCCGCAA	TCATTTGTGG	TGCTTTACGT	TCGACTTTTG	CAAGAGAAAA	200
AGCAGGGAAA	GCAATGTCTC	CCATTTCTGA	GTTTTTAGGG	GTTTCCAGTA	250
ACTTTAAAAT	AGCCTCTTGG	TCCAGGCTAT	CAATGATGCT	AGATAAATCG	300
CTAGCAATCA	ATTCTTTTGT	ATTCATTAAG	AGCTCCTTTT	TGGACTTTTC	350
TACTATTTTA	TCACAATTTT	AAAGAAAGAA	GAAAAAATTT	TTGAAATCTC	400
CTGTTTTTTT	GGTATAATAT	GGTTATAAAT	ATAGTTATAA	ATATAGTTAT	450
AAATATGCAC	GCAAGAGGAT	TTTATGAGAA	AAAGAGATCG	TCATCAGTTA	500
ATAAAAAAAA	TGATTACTGA	GGAGAAATTA	AGTACACAAA	AAGAAATTCA	550
AGATCGGTTG	GAGGCGCACA	ATGTTTGTGT	GACGCAGACA	ACCTTGTCTC	600
GTGATTTGCG	CGAAATCGGC	TTGACCAAGG	TCAAGAAAAA	TGATATGGTG	650
TATTATGTAC	TAGTAAATGA	GACAGAAAAG	ATTGATTTGG	TGGAATTTTT	700
GTCTCATCAT	TTAGAAGGTG	TTGCAAGAGC	AGAGTTTACC	TTGGTGCTTC	750
ATACCAAATT	GGGAGAAGCC	TCTGTTTTGG	CAAATATTGT	AGATGTAAAC	800
AAGGATGAAT	GGATTTTAGG	AACAGTTGCT	GGTGCCAATA	CCTTATTGGT	850
TATTTGTCTGA	GATCAGCACG	TTGCCAAACT	CATGGAAGAT	CGTTTGCTAG	900
ATTTGATGAA	AGATAAGTAA	GGTCTTGGGA	GTTGCTCTCA	AGACTTATTT	950
TTGAAAAGGA	GAGACAGAAA	ATGGCGATAG	AAAAGCTATC	ACCCGGCATG	1000
CAACAGTATG	TGGATATTAA	AAAGCAATAT	CCAGATGCTT	TTTTGCTCTT	1050
TCGGATGGGT	GATTTTTATG	AATTATTTTA	TGAGGATGCG	GTCAATGCTG	1100
CGCAGATTCT	GGAAATTTCC	TTAACGAGTC	GCAACAAGAA	TGCCGACAAT	1150

10

20

CCGATCCCTA	TGGCGGGTGT	TCCCTATCAT	TCTGCCCAAC	AGTATATCGA	1200	
TGTCTTGATT	GAGCAGGGTT	ATAAGGTGGC	TATCGCAGAG	CAGATGGAAG	1250	
ATCCTAAACA	AGCAGTTGGG	GTTGTTAAAC	GAGAGGTTGT	TCAGGTCATT	1300	
ACGCCAGGGA	CAGTGGTCGA	TAGCAGTAAG	CCGGACAGTC	AGAATAATTT	1350	
TTTGGTTTCC	ATAGACCGCG	AAGGCAATCA	ATTTGGCCTA	GCTTATATGG	1400	
ATTTGGTGAC	GGGTGACTTT	TATGTGACAG	GTCTTTTGGA	TTTCACGCTG	1450	
GTTTGTGGGG	AAATCCGTAA	CCTCAAGGCT	CGAGAAGTGG	TGTTGGGTTA	1500	
TGACTTGTCT	GAGGAAGAAG	AACAAATCCT	CAGCCGCCAG	ATGAATCTGG	1550	10
TACTCTCTTA	TGAAAAAGAA	AGCTTTGAAG	ACCTTCATTT	ATTGGATTTG	1600	
CGATTGGCAA	CGGTGGAGCA	AACGGCATCT	AGTAAGCTGC	TCCAGTATGT	1650	
TCATCGGACT	CAGATGAGGG	AATTGAACCA	CCTCAAACCT	GTTATCCGCT	1700	
ACGAAATTAA	GGATTTCTTG	CAGATGGATT	ATGCGACCAA	GGCTAGTCTG	1750	
GATTTGGTTG	AGAATGCTCG	CTCAGGTAAG	AAACAAGGCA	GTCTTTTCTG	1800	
GCTTTTGGAT	GAAACCAAAA	CGGCTATGGG	GATGCGTCTC	TTGCGTTCTT	1850	
GGATTCATCG	CCCCTTGATT	GATAAGGAAC	GAATCGTCCA	ACGTCAAGAA	1900	
GTAGTGCAGG	TCTTTCTCGA	CCATTTCTTT	GAGCGTAGTG	ACTTGACAGA	1950	20
CAGTCTCAAG	GGTGTTTATG	ACATMGAGCG	CTTGGCTAGT	CGTGTTTCTT	2000	
TTGGCAAAC	CAATCCAAAG	GATCTCTTGC	AGTTGGCGAC	TACCTTGTCT	2050	
AGTGTGCCAC	GGATTCGTGC	GATTTTAGAA	GGGATGGAGC	AACCTACTCT	2100	
AGCCTATCTC	ATCGCACAAAC	TGGATGCAAT	CCCTGAGTTG	GAGAGTTTGA	2150	
TTAGCGCAGC	GATTGCTCCT	GAAGCTCCTC	ATGTGATTAC	AGATGGGGGA	2200	
ATTATCCGGA	CTGGATTTGA	TGAGACTTTA	GACAAGTATC	GTTGCGTTCT	2250	
CAGAGAAGGG	ACTAGCTGGA	TTGCTGAGAT	TGAGGCTAAG	GAGCGAGAAA	2300	
ACTCTGGTAT	CAGCACGCTC	AAGATTGACT	ACAATAAAAA	GGATGGCTAC	2350	30
TATTTTCATG	TGACCAATTC	GCAACTGGGA	AATGTGCCAG	CCCCTTTTTT	2400	
CCGCAAGGCG	ACGCTGAAAA	ACTCAGAACG	CTTTGGAACC	GAAGAATTAG	2450	
CCCGTATCGA	GGGAGATATG	CTTGAGGCGC	GTGAGAAGTC	AGCCAACCTC	2500	
GAATACGAAA	TATTTATGCG	CATTCGTGAA	GAGGTCCGCA	AGTACATCCA	2550	
GCGTTTACAA	GCTCTAGCCC	AAGGAATTGC	GACGGTTGAT	GTCTTACAGA	2600	
GTCTGGCGGT	TGTGGCTGAA	ACCCAGCATT	TGATTTCGACC	TGAGTTTGGT	2650	
GACGATTCAC	AAATTGATAT	CCGAAAGGG	CGCCATGCTG	TCGTTGAAAA	2700	
GGTTATGGGG	GCTCAGACCT	ATATTCAAA	TACGATTCAG	ATGGCAGAAG	2750	40
ATACCAGTAT	TCAATTGGTT	ACAGGGCCAA	ACATGAGTGG	GAAGTCTACC	2800	
TATATGCGTC	AGTTAGCCAT	GACGGCGGTT	ATGGCCCAGC	TGGGTTCCCTA	2850	
TGTTCCCTGCT	GAAAGCGCCC	ATTTACCGAT	TTTTGATGCG	ATTTTTACCC	2900	
GTATCGGAGC	AGCAGATGAC	TTGGTTTCGG	GTCAGTCAAC	CTTTATGGTG	2950	

GAGATGATGG	AGGCCAATAA	TGCCATTTTCG	CATGCGACCA	AGAACTCTCT	3000
CATTCTCTTT	GATGAATTGG	GACGTGGAAC	TGCAACTTAT	GACGGGATGG	3050
CTCTTGCTCA	GTCCATCATC	GAATATATCC	ATGAGCACAT	CGGAGCTAAG	3100
ACCCTCTTTG	CGACCCACTA	CCATGAGTTG	ACTAGTCTGG	AGTCTAGTTT	3150
ACAACACTTG	GTCAATGTCC	ACGTGGCAAC	TTTGGAGCAG	GATGGGCAGG	3200
TCACCTTCCT	TCACAAGATT	GAACCGGGAC	CAGCTGATAA	ATCCTACGGT	3250
ATCCATGTTG	CCAAGATTGC	TGGCTTGCCA	GCAGACCTTT	TAGCAAGGGC	3300
GGATAAGATT	TTGACTCAGC	TAGAGAATCA	AGGAACAGAG	AGTCCTCCTC	3350
CCATGAGACA	AACTAGTGCT	GTCACTGAAC	AGATTTCACT	CTTTGATAGG	3400
GCAGAAGAGC	ATCCTATCCT	AGCAGAATTA	GCTAAACTGG	ATGTGTATAA	3450
TATGACACCT	ATGCAGGTTA	TGAATGTCTT	AGTAGAGTTA	AAACAGAAAC	3500
TATAAAACCA	AGACTCACTA	GTTAATCTAG	CTGTATCAAG	GAGACTTCTT	3550
TGACAATTCT	CCACTTTTTT	GCTAGAATAA	CATCACACAA	ACAGAATGAA	3600
AAGGGCTGAC	GCATTGTCGC	TCCCTTTTGT	CTATTTTTTA	AGGAGAAAGT	3650
ATGCTGATTC	AGAAAATAAA	AACCTACAAG	TGGCAGGCC	TGCTTCGCTC	3700
CTGATGACAG	GCTTGATGGT	TGCTAGTTCA	CTTCTGCAAC	CGCGTTATCT	3750
GCAG					3754

10

20

配列番号：32

配列の長さ：1137

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pyogenes

配列

30

AACAAAATAA	AAGAACTTAC	CTATTTTCCA	TCCAAAATGT	TTAGCAATCA	50
TCATCTGCAA	GGCAACGTAT	TGCATGGCAT	TGATGTGATG	AGCAACTAAT	100
ATGTCATTAG	AACGTTGCGT	CAAAC TAGCA	TCTAAATAAA	GATCGAAATG	150
CAGTTATCAA	AAATGCAAGC	TCCTATCGGC	CCTTGTTTTA	ATTATTACTC	200
ACATTGCCTT	AATGTATTTA	CTTGCTTATT	ATTAAC TTTT	TTGCTAAGTT	250
AGTAGCGTCA	GTTATTCATT	GAAAGGACAT	TATTATGAAA	ATTCTTG TAA	300
CAGGCTTTGA	TCCCTTTGGC	GGCGAAGCTA	TTAATCCTGC	CCTTGAAGCT	350
ATCAAGAAAT	TGCCAGCAAC	CATTCATGGA	GCAGAAATCA	AATGTATTGA	400
AGTTCCAACG	GTTTTTCAAA	AATCTGCCGA	TGTGCTCCAG	CAGCATATCG	450
AAAGCTTTCA	ACCTGATGCA	GTCCTTTGTA	TTGGGCAAGC	TGGTGGCCGG	500
ACTGGACTAA	CGCCAGAACG	CGTTGCCATT	AATCAAGACG	ATGCTCGCAT	550
TCCTGATAAC	GAAGGGAATC	AGCCTATTGA	TACACCTATT	CGTGCAGATG	600
GTAAAGCAGC	TTATTTTTCA	ACCTTGCCAA	TCAAAGCGAT	GGTTGCTGCC	650
ATTCATCAGG	CTGGGCTTCC	TGCTTCTGTT	TCTAATACAG	CTGGTACCTT	700
TGTTTGCAAT	CATTTGATGT	ATCAAGCCCT	TTACTTAGTG	GATAAATATT	750
GTCCAAATGC	CAAAGCTGGG	TTTATGCATA	TTCCCTTTAT	GATGGAACAG	800
GTTGTTGATA	AACCTAATAC	AGCTGCCATG	AACCTCGATG	ATATTACAAG	850
AGGAATTGAG	GCTGCTATTT	TTGCCATTGT	CGATTTCAAA	GATCGTTCCG	900
ATTTAAAACG	TGTAGGGGGC	GCTACTCACT	GACTGTGACG	CTACTAAACC	950
TATTTTAAAA	AAACAGAGAT	ATGAAC TAAC	TCTGTTTTTT	TTGTGCTAAA	1000
AATGAAAGAC	CTAGGGGAAAC	TTTTCATCGG	TCTTTCTCAA	TTGTCATCTT	1050
AATCTAATAC	TACTTCTAAC	ATCAGCGGGT	ATAGTTTGCC	AGTAATTAAG	1100
AAACGTTGTT	GATCTAAATG	AGCAATCCCA	TTCAAAACAT	TAAGGTCAGG	1150
GTAATGGGAC	TTATCAAGAT	TTAAGGCTTT	TAACAAAGGA	CTAATATCAT	1200
AGGTGGCTAC	CACCTTTCCA	GAATCAGGTT	GGAGTTTGAC	AATAGTATTG	1250
GTTTGCCAAA	TATTGGCATA	GAGATAACCA	TCTACATACT	CTAATTCGTT	1300
AAGCATTGAG	ATAGGGACAC	TTTCTATAGC	AACTAGT		1337

配列番号：33

配列の長さ：1837

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pyogenes

配列

10

20

30

40

TCATGTTTGA	CAGCTTATCA	TCGATAAGCT	TACTTTTTCGA	ATCAGGTCTA	50
TCCTTGAAAC	AGGTGCAACA	TAGATTAGGG	CATGGAGATT	TACCAGACAA	100
CTATGAACGT	ATATACTCAC	ATCACGCAAT	CGGCAATTGA	TGACATTGGA	150
ACTAAATTCA	ATCAATTTGT	TACTAACAAG	CAACTAGATT	GACAACTAAT	200
TCTCAACAAA	CGTTAATTTA	ACAACATTTCA	AGTAACTCCC	ACCAGCTCCA	250
TCAATGCTTA	CCGTAAGTAA	TCATAACTTA	CTAAAACCTT	GTTACATCAA	300
GGTTTTTTCT	TTTTGTCTTG	TTCATGAGTT	ACCATAACTT	TCTATATTAT	350
TGACAACTAA	ATTGACAACT	CTTCAATTAT	TTTTCTGTCT	ACTCAAAGTT	400
TTCTTCATTT	GATATAGTCT	AATTCCACCA	TCACTTCTTC	CACTCTCTCT	450
ACCGTCACAA	CTTCATCATC	TCTCACTTTT	TCGTGTGGTA	ACACATAATC	500
AAATATCTTT	CCGTTTTTAC	GCACTATCGC	TACTGTGTCA	CCTAAAATAT	550
ACCCCTTATC	AATCGCTTCT	TTAAACTCAT	CTATATATAA	CATATTTTCAT	600
CCTCCTACCT	ATCTATTCGT	AAAAAGATAA	AAATAACTAT	TGTTTTTTTT	650
GTTATTTTAT	AATAAAATTA	TTAATATAAG	TTAATGTTTT	TTAAAAATAT	700
ACAATTTTAT	TCTATTTATA	GTTAGCTATT	TTTTCATTGT	TAGTAATATT	750
GGTGAATTGT	AATAACCTTT	TTAAATCTAG	AGGAGAACCC	AGATATAAAA	800
TGGAGGAATA	TTAATGGAAA	ACAATAAAAA	AGTATTGAAG	AAAATGGTAT	850
TTTTTGTTTT	AGTGACATTT	CTTGGACTAA	CAATCTCGCA	AGAGGTATTT	900
GCTCAACAAG	ACCCCGATCC	AAGCCAACCT	CACAGATCTA	GTTTAGTTAA	950
AAACCTTCAA	AATATATATT	TTCTTTATGA	GGGTGACCCT	GTTACTCACG	1000
AGAATGTGAA	ATCTGTTGAT	CAACTTTTAT	CTCACGATTT	AATATATAAT	1050
GTTTCAGGGC	CAAATTATGA	TAAATTAAAA	ACTGAACTTA	AGAACCAAGA	1100
GATGGCAACT	TTATTTAAGG	ATAAAAACGT	TGATATTTAT	GGTGTAGAAT	1150
ATTACCATCT	CTGTTATTTA	TGTGAAAATG	CAGAAAGGAG	TGCATGTATC	1200
TACGGAGGGG	TAACAAATCA	TGAAGGGAAT	CATTTAGAAA	TTCCATAAAA	1250
GATAGTCGTT	AAAGTATCAA	TCGATGGTAT	CCAAAGCCTA	TCATTTGATA	1300
TTGAAACAAA	TAAAAAATG	GTAAC TGCTC	AAGAATTAGA	CTATAAAGTT	1350
AGAAAATATC	TTACAGATAA	TAAGCAACTA	TATACTAATG	GACCTTCTAA	1400
ATATGAAACT	GGATATATAA	AGTTCATACC	TAAGAATAAA	GAAAGTTTTT	1450
GGTTTGATTT	TTTCCCTGAA	CCAGAATTTA	CTCAATCTAA	ATATCTTATG	1500
ATATATAAAG	ATAATGAAAC	GCTTGACTCA	AACACAAGCC	AAATTGAAGT	1550
CTACCTAACA	ACCAAGTAAC	TTTTTGCTTT	TGGCAACCTT	ACCTACTGCT	1600
GGATTTAGAA	ATTTTATTGC	AATCTTTTAA	TTAATGTAAA	AACCGCTCAT	1650
TTGATGAGCG	GTTTTGTCTT	ATCTAAAGGA	GCTTTACCTC	CTAATGCTGC	1700
AAAATTTTAA	ATGTTGGATT	TTTGTATTTG	TCTATTGTAT	TTGATGGGTA	1750
ATCCCATTTT	TCGACAGACA	TCGTCGTGCC	ACCTCTAACA	CCAAAATCAT	1800
AGACAGGAGC	TTGTAGCTTA	GCAACTATTT	TATCGTC		1837

配列番号：34

配列の長さ：841

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

GATCAATATG	TCCAAGAAAC	CACATGTTCC	TAAGACAAGA	GCTAACAGAC	50	
TGGCCGTC	TAATAGTATT	GTTCTTTTTT	TCATCATTAC	TCCTTAACTA	100	
GTGTTTAACT	GATTAATTAG	CCAGTAAATA	GTTTATCTTT	ATTTACACTA	150	10
TCTGTTAAGA	TATAGTAAAA	TGAAATAAGA	ACAGGACAGT	CAAATCGATT	200	
TCTAACAATG	TTTTAGAAGT	AGAGGTATAC	TATTCCTAATT	TCAATCTACT	250	
ATATTTTGCA	CATTTTCATA	AAAAAATGA	GAAC TAGAAC	TCACATTCTG	300	
CTCTCATTTT	TCGTTTTC	GTTCTCCTAT	CCTGTTTTTA	GGAGTTAGAA	350	
AATGCTGCTA	CCTTTACTTA	CTCTCCTTTA	ATAAAGCCAA	TAGTTTTTCA	400	
GCTTCTGCCA	TAATAGTATT	GTTGTCCTGG	GTGCCAAATA	GTAAATTATT	450	
TTTTAATCCT	GTGAGAGTCT	CTTTGGCATT	GGACTTGATA	ATTGGATTCT	500	
GGATTTTTCC	AAGTAAATCT	TCAGCCTCTC	TCAGTTTTCT	TAACCTTTCA	550	20
GTCTCGACCT	GAGGTTCTTC	TGATTCCTCT	GGTGATTCTT	CTGGTGATTG	600	
TTCTTCTGGT	TCCTCTGTTG	GTTTTGGAGA	CTCTGGTTTC	TCGCTTTGCG	650	
GTTTCTCTTC	TCGAGGGGTT	TCTTCCTCAG	GTTTTTCTGT	CTGAGGTTTC	700	
TCCTCGTTTG	GTTTTTCCGT	TTGATTGGTA	TCAGCTTGAC	CATTTTTGTT	750	
TCTTTGAACA	TGGTCGCTAG	CGTTACCAA	ACCATTATCT	GAATGCGACG	800	
TTCGTTTGGA	TGTTTCGACAT	AGTACTTGAC	AGTCGCCAAA	A	841	

配列番号：35

配列の長さ：4500

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

10

20

30

GATCAGGACA	GTCAAATCGA	TTTCTAACAA	TGTTTTAGAA	GTAGATGTGT	50
ACTATTCTAG	TTTCAATCTA	TTATATTTAT	AGAATTTTTT	GTTGCTAGAT	100
TTGTCAAATT	GCTTAAAATA	ATTTTTTTCA	GAAAGCAAAA	GCCGATACCT	150
ATCGAGTAGG	GTAGTTCCTG	CTATCGTCAG	GCTTGTCTGT	AGGTGTTAAC	200
ACTTTTCAAA	AATCTCTTCA	AACAACGTCA	GCTTTGCCTT	GCCGTATATA	250
TGTTACTGAC	TTCGTCAGTT	CTATCTGCCA	CCTCAAAACG	GTGTTTTGAG	300
CTGACTTCGT	CAGTTCCTATC	CACAACCTCA	AAACAGTGTT	TTGAGCTGAC	350
TTCGTCAGTT	CTATCCACAA	CCTCAAAACA	GTGTTTTGAG	CTGACTTTGT	400
CAGTCTTATC	TACAACCTCA	AAACAGTGTT	TTGAGCATCA	TGCGGCTAGC	450
TTCTTAGTTT	GCTCTTTGAT	TTTCATTGAG	TATAAAAACA	GATGAGTTTC	500
TGTTTTCTTT	TTATGGACTA	TAAATGTTCA	GCTGAAACTA	CTTCAAGGA	550
CATTATTATA	TAAAAGAATT	TTTTGAAACT	AAAATCTACT	ATATTACACT	600
ATATTGAAAG	CGTTTTAAAA	ATGAGGTATA	ATAAATTAC	TAACACTTAT	650
AAAAAGTGAT	AGAATCTATC	TTTATGTATA	TTTAAAGATA	GATTGCTGTA	700
AAAATAGTAG	TAGCTATGCG	AAATAACAGA	TAGAGAGAAG	GGATTGAAGC	750

TTAGAAAAGG	GGAATAATAT	GATATTTAAG	GCATTCAAGA	CAAAAAGCA	800
GAGAAAAGA	CAAGTTGAAC	TACTTTTGAC	AGTTTTTTTC	GACAGTTTTC	850
TGATTGATTT	ATTTCTTCAC	TTATTTGGGA	TTGTCCCCTT	TAAGCTGGAT	900
AAGATTCTGA	TTGTGAGCTT	GATTATATTT	CCCATTATTT	CTACAAGTAT	950
TTATGCTTAT	GAAAAGCTAT	TTGAAAAGT	GTTCGATAAG	GATTGAGCAG	1000
GAAGTATGGT	GTAAATAGCA	TAAGCTGATG	TCCATCATTT	GCTTATAAAG	1050
AGATATTTTA	GTTTAATTGC	AGCGGTGTCC	TGGTAGATAA	ACTAGATTGG	1100
CAGGAGTCTG	ATTGGAGAAA	GGAGAGGGGA	AATTTGGCAC	CAATTTGAGA	1150
TAGTTTGTTT	AGTTCATTTT	TGTCATTTAA	ATGAACTGTA	GTAAAAGAAA	1200
GTTAATAAAA	GACAACTAA	GTGCATTTTC	TGGAATAAAT	GTCTTATTTT	1250
AGAAATCGGG	ATATAGATAT	AGAGAGGAAC	AGTATGAATC	GGAGTGTTCA	1300
AGAACGTAAG	TGTCGTTATA	GCATTAGGAA	ACTATCGGTA	GGAGCGGTTT	1350
CTATGATTGT	AGGAGCAGTG	GTATTTGGAA	CGTCTCCTGT	TTTAGCTCAA	1400
GAAGGGGCAA	GTGAGCAACC	TCTGGCAAAT	GAAACTCAAC	TTTCGGGGGA	1450
GAGCTCAACC	CTAACTGATA	CAGAAAAGAG	CCAGCCTTCT	TCAGAGACTG	1500
AACTTTCTGG	CAATAAGCAA	GAACAAGAAA	GGAAAGATAA	GCAAGAAGAA	1550
AAAATTCCAA	GAGATTACTA	TGCACGAGAT	TTGGAAAATG	TCGAAACAGT	1600
GATAGAAAAA	GAAGATGTTG	AAACCAATGC	TTCAAATGGT	CAGAGAGTTG	1650
ATTTATCAAG	TGAACTAGAT	AAACTAAAGA	AACTTGAAAA	CGCAACAGTT	1700
CACATGGAGT	TTAAGCCAGA	TGCCAAGGCC	CCAGCATTCT	ATAATCTCTT	1750
TTCTGTGTCA	AGTGCTACTA	AAAAAGATGA	GTACTIONACT	ATGGCAGTTT	1800
ACAATAATAC	TGCTACTCTA	GAGGGGCGTG	GTTCGGATGG	GAAACAGTTT	1850
TACAATAATT	ACAACGATGC	ACCCTTAAAA	GTAAACCAG	GTCAGTGGA	1900
TTCTGTGACT	TTCACAGTTG	AAAAACCGAC	AGCAGAACTA	CCTAAAGGCC	1950
GAGTGCGCCT	CTACGTAAAC	GGGGTATTAT	CTCGAACAAAG	TCTGAGATCT	2000
GGCAATTTCA	TTAAAGATAT	GCCAGATGTA	ACGCATGTGC	AAATCGGAGC	2050
AACCAAGCGT	GCCAACAATA	CGGTTTGGGG	GTCAAATCTA	CAGATTCGGA	2100
ATCTCACTGT	GTATAATCGT	GCTTTAACAC	CAGAAGAGGT	ACAAAAACGT	2150
AGTCAACTTT	TTAAACGCTC	AGATTTAGAA	AAAAAACTAC	CTGAAGGAGC	2200
GGCTTTAACA	GAGAAAACGG	ACATATTCGA	AAGCGGGCGT	AACGGTAAAC	2250
CAAATAAAGA	TGGAATCAAG	AGTTATCGTA	TTCCAGCACT	TCTCAAGACA	2300

10

20

30

GATAAAGGAA	CTTTGATCGC	AGGTGCAGAT	GAACGCCGTC	TCCATTCGAG	2350
TGACTGGGGT	GATATCGGTA	TGGTCATCAG	ACGTAGTGAA	GATAATGGTA	2400
AAACTTGGGG	TGACCGAGTA	ACCATTACCA	ACTTACGTGA	CAATCCAAAA	2450
GCTTCTGACC	CATCGATCGG	TTCACCAGTG	AATATCGATA	TGGTGTGGT	2500
TCAAGATCCT	GAAACCAAAC	GAATCTTTTC	TATCTATGAC	ATGTTCCCAG	2550
AAGGGAAGGG	AATCTTTGGA	ATGTCTTCAC	AAAAGAAGA	AGCCTACAAA	2600
AAAATCGATG	GAAAAACCTA	TCAAATCCTC	TATCGTGAAG	GAGAAAAGGG	2650
AGCTTATACC	ATTCGAGAAA	ATGGTACTGT	CTATACACCA	GATGGTAAGG	2700
CGACAGACTA	TCGCGTTGTT	GTAGATCCTG	TTAAACCAGC	CTATAGCGAC	2750
AAGGGGGATC	TATACAAGGG	TAACCAATTA	CTAGGCAATA	TCTACTTCAC	2800
AACAAACAAA	ACTTCTCCAT	TTAGAATTGC	CAAGGATAGC	TATCTATGGA	2850
TGTCCTACAG	TGATGACGAC	GGGAAGACAT	GGTCAGCGCC	TCAAGATATT	2900
ACTCCGATGG	TCAAAGCCGA	TTGGATGAAA	TTCTTGGGTG	TAGGTCCTGG	2950
AACAGGAATT	GTACTTCGGA	ATGGGCCTCA	CAAGGGACGG	ATTTTGATAC	3000
CGGTTTATAC	GACTAATAAT	GTATCTCACT	TAAATGGCTC	GCAATCTTCT	3050
CGTATCATCT	ATTCAGATGA	TCATGGAAAA	ACTTGGCATG	CTGGAGAAGC	3100
GGTCAACGAT	AACCGTCAGG	TAGACGGTCA	AAAGATCCAC	TCTTCTACGA	3150
TGAACAATAG	ACGTGCGCAA	AATACAGAAT	CAACGGTGGT	ACAACTAAAC	3200
AATGGAGATG	TTAAACTCTT	TATGCGTGGT	TTGACTGGAG	ATCTTCAGGT	3250
TGCTACAAGT	AAAGACGGAG	GAGTGACTTG	GGAGAAGGAT	ATCAAACGTT	3300
ATCCACAGGT	TAAAGATGTC	TATGTTCAA	TGTCTGCTAT	CCATACGATG	3350
CACGAAGGAA	AAGAATACAT	CATCCTCAGT	AATGCAGGTG	GACCGAAACG	3400
TGAAAATGGG	ATGGTCCACT	TGGCACGTGT	CGAAGAAAAT	GGTGAGTTGA	3450
CTTGGCTCAA	ACACAATCCA	ATTCAAAAAG	GAGAGTTTGC	CTATAATTCG	3500
CTCCAAGAAT	TAGGAAATGG	GGAGTATGGC	ATCTTGTATG	AACATACTGA	3550
AAAAGGACAA	AATGCCTATA	CCCTATCATT	TAGAAAATTT	AATGGGACT	3600
TTTTGAGCAA	AGATCTGATT	TCTCCTACCG	AAGCGAAAGT	GAAGCGAACT	3650
AGAGAGATGG	GCAAAGGAGT	TATTGGCTTG	GAGTTCGACT	CAGAAGTATT	3700
GGTCAACAAG	GCTCCAACCC	TTCAATTGGC	AAATGGTAAA	ACAGCACGCT	3750
TCATGACCCA	GTATGATACA	AAAACCCTCC	TATTTACAGT	GGATTCAGAG	3800
GATATGGGTC	AAAAAGTTAC	AGGTTTGGCA	GAAGGTGCAA	TTGAAAGTAT	3850
GCATAATTTA	CCAGTCTCTG	TGGCGGGCAC	TAAGCTTTCG	AATGGAATGA	3900
ACGGAAGTGA	AGCTGCTGTT	CATGAAGTGC	CAGAATACAC	AGGCCCATTA	3950

10

20

30

40

GGGACATCCG	GCGAAGAGCC	AGCTCCAACA	GTCGAGAAGC	CAGAATACAC	4000
AGGCCCACTA	GGGACATCCG	GCGAAGAGCC	AGCCCCGACA	GTCGAGAAGC	4050
CAGAATACAC	AGGCCCACTA	GGGACAGCTG	GTGAAGAAGC	AGCTCCAACA	4100
GTCGAGAAGC	CAGAATTTAC	AGGGGGAGTT	AATGGTACAG	AGCCAGCTGT	4150
TCATGAAATC	GCAGAGTATA	AGGGATCTGA	TTGCTTGTGTA	ACTCTTACTA	4200
CAAAAGAAGA	TTATACTTAC	AAAGCTCCTC	TTGCTCAGCA	GGCACTTCCT	4250
GAAACAGGAA	ACAAGGAGAG	TGACCTCCTA	GCTTCACTAG	GACTAACAGC	4300
TTTCTTCCTT	GGTCTGTTTA	CGCTAGGGAA	AAAGAGAGAA	CAATAAGAGA	4350
AGAATTCTAA	ACATTTGATT	TTGTAAAAAT	AGAAGGAGAT	AGCAGGTTTT	4400
CAAGCCTGCT	ATCTTTTTTT	GATGACATTC	AGGCTGATAC	GAAATCATAA	4450
GAGGTCTGAA	ACTACTTTCA	GAGTAGTCTG	TTCTATAAAA	TATAGTAGAT	4500

10

配列番号：36

配列の長さ：705

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

20

起源：

生物名：Staphylococcus epidermidis

配列

GATCCAAGCT	TATCGATATC	ATCAAAAAGT	TGGCGAACCT	TTTCAAATTT	50
TGGTTCAAAT	TCTTGAGATG	TATAGAATTC	AAAATATTTA	CCATTTGCAT	100
AGTCTGATTG	CTCAAAGTCT	TGATACTTTT	CTCCACGCTC	TTTTGCAATT	150
TCCATTGAAC	GTTCGATGGA	ATAATAGTTC	ATAATCATAA	AGAATATATT	200
AGCAAAGTCT	TTTGCTTCTT	CAGATTCATA	GCCAATTTTA	TTTTTAGCTA	250
GATAACCATG	TAAGTTCATT	ACTCCTAGTC	CAACAGAATG	TAGTTCACTA	300
TTGCTTTTTT	TTACACCTGG	TGCATTTTGA	ATATTTGCTT	CATCACTTAC	350
AACTGTAAGA	GCATCCATAC	CTGTGAACAC	AGAATCTCTG	AATTTACCTG	400
ATTCATAAC	ATTCACTATA	TTCAATGAGC	CTAAGTTACA	TGAAATATCT	450
CTTTTAATTT	CATCTTCAAT	TCCATAGTCG	TTAATTACTG	ATGTCTCTTG	500
TAATTGAAA	ATTTCACTAC	ATAAATTACT	CATTTTAATT	TGCCCAATAT	550
TTGAATTCGC	ATGTACTTTG	TTTGCATTAT	CTTTAAACAT	AAGATATGGA	600
TAACCAGACT	GTAATTGTGT	TTGTGCAATC	ATATTTAACA	TTTCACGTGC	650
GTCTTTTTTC	TTTTTATCGA	TTTCGAACCC	GGGGTACCGA	ATTCCTCGAG	700
TCTAG					705

30

40

配列番号：37

配列の長さ：442

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Staphylococcus aureus

50

配列

GATCAATCTT TGTCGGTACA CGATATTCTT CACGACTAAA TAAACGCTCA 50
TTCGCGATTT TATAAATGAA TGTTGATAAC AATGTTGTAT TATCTACTGA 100
AATCTCATTA CGTTGCATCG GAAACATTGT GTTCTGTATG TAAAAGCCGT 150
CTTGATAATC TTTAGTAGTA CCGAAGCTGG TCATACGAGA GTTATATTTT 200
CCAGCCAAAA CGATATTTTT ATAATCATTA CGTGAAAAAG GTTTCCTTC 250
ATTATCACAC AAATATTTTA GCTTTTCAGT TTCATATCA ACTGTAGCTT 300
CTTTATCCAT ACGTTGAATA ATTGTACGAT TCTGACGCAC CATCTTTTGC 350
ACACCTTTAA TGTTATTTGT TTTAAAAGCA TGAATAAGTT TTTCAACACA 400
ACGATGTGAA TCTTCTAAGA AGTCACCGTA AAATGAAGGA TC 442

配列番号：38

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Enterococcus faecalis

配列

GCAATACAGG GAAAAATGTC 20

配列番号：39

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Enterococcus faecalis

配列

CTTCATCAAA CAATTAAGTC 20

配列番号：40

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Enterococcus faecalis

配列

GAACAGAAGA AGCCAAAAA 20

配列番号：41

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

10

20

30

40

50

生物名：Enterococcus faecalis

配列

GCAATCCCAA ATAATACGGT 20

配列番号：42

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

10

生物名：Escherichia coli

配列

GCTTCCAGC GTCATATTG 19

配列番号：43

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

20

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

GATCTCGACA AAATGGTGA 19

配列番号：44

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

30

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

CACCCGCTTG CGTGGCAAGC TGCCC 25

配列番号：45

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

40

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

CGTTTGTGGA TTCCAGTTCC ATCCG 25

配列番号：46

配列の長さ：17

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

50

起源：

生物名：E s c h e r i c i a c o l i

配列

TCACCCGCTT GCGTGGC 17

配列番号：47

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

10

起源：

生物名：E s c h e r i c i a c o l i

配列

GGAACTGGAA TCCACAAAC 19

配列番号：48

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

20

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：E s c h e r i c i a c o l i

配列

TGAAGCACTG GCCGAAATGC TCGGT 25

配列番号：49

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

30

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：E s c h e r i c i a c o l i

配列

GATGTACAGG ATTCGTTGAA GGCTT 25

配列番号：50

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

40

配列の種類：DNA (g e n o m i c)

起源：

生物名：E s c h e r i c i a c o l i

配列

TAGCGAAGGC GTAGCAGAAA CTAAC 25

配列番号：51

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

50

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

GCAACCCGAA CTCAACGCCG GATTT

25

配列番号：52

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

10

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

ATACACAAGG GTCGCATCTG CGGCC

25

配列番号：53

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

20

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

TGCGTATGCA TTGCAGACCT TGTGGC

26

配列番号：54

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

30

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

GCTTTCACTG GATATCGCGC TTGGG

25

配列番号：55

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

40

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

GCAACCCGAA CTCAACGCC

19

配列番号：56

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

50

配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Escherichia coli
 配列
GCAGATGCGA CCCTTGTGT 19
 配列番号：57
 配列の長さ：23
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状 10
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Klebsiella pneumoniae
 配列
GTGGTGTTCGT TCAGCGCTTT CAC 23
 配列番号：58
 配列の長さ：25
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状 20
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Klebsiella pneumoniae
 配列
GCGATATTCA CACCCTACGC AGCCA 25
 配列番号：59
 配列の長さ：26
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状 30
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Klebsiella pneumoniae
 配列
GTCGAAAATG CCGGAAGAGG TATACG 26
 配列番号：60
 配列の長さ：26
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状 40
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Klebsiella pneumoniae
 配列
ACTGAGCTGC AGACCGGTAA AACTCA 26
 配列番号：61
 配列の長さ：19
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖
 トポロジー：直鎖状 50

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

GACAGTCAGT TCGTCAGCC

19

配列番号：62

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

10

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

CGTAGGGTGT GAATATCGC

19

配列番号：63

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

20

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

CGTGATGGAT ATTCTTAACG AAGGGC

26

配列番号：64

配列の長さ：23

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

30

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

ACCAAAGTGT TGAGCCGCCT GGA

23

配列番号：65

配列の長さ：23

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

40

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

GATGATCGCCC CTCATCTGCT ACT

23

配列番号：66

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

50

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

CGCCCTTCGT TAAGAATATC CATCAC 26

配列番号：67

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

10

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

TCGCCCCCTCA TCTGCTACT 19

配列番号：68

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

GATCGTGATG GATATTCTT 19

配列番号：69

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

30

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

CAGGAAGATG CTGCACCGGT TGTTG 25

配列番号：70

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

40

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

TGGTTCACTG ACTTTGCGAT GTTTC 25

配列番号：71

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

50

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

TCGAGGATGG CATGCACTAG AAAAT

25

配列番号：72

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

10

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

CGCTGATTAG GTTTCGCTAA AATCTTATTA

30

配列番号：73

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

20

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

TTGATCCTCA TTTTATTAAT CACATGACCA

30

配列番号：74

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

30

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

GAAACATCGC AAAGTCAGT

19

配列番号：75

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

40

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

ATAAAATGAG GATCAAGTTC

20

配列番号：76

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

50

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Proteus mirabilis

配列

CCGCCTTTAG CATTAAATTGG TGTTTATAGT 30

配列番号 : 77

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

10

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Proteus mirabilis

配列

CCTATTGCAG ATACCTTAAA TGTCTTGGGC 30

配列番号 : 78

配列の長さ : 26

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

20

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Streptococcus pneumoniae

配列

AGTAAAATGA AATAAGAACA GGACAG 26

配列番号 : 79

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

30

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Streptococcus pneumoniae

配列

AAAACAGGAT AGGAGAACGG GAAAA 25

配列番号 : 80

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

40

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Proteus mirabilis

配列

TTGAGTGATG ATTTCACTGA CTCCC 25

配列番号 : 81

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

50

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Proteus mirabilis

配列

GTCAGACAGT GATGCTGACG ACACA

25

配列番号 : 8 2

配列の長さ : 2 7

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

10

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Proteus mirabilis

配列

TGGTTGTCAT GCTGTTTGTG TGAAAAT

27

配列番号 : 8 3

配列の長さ : 1 9

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

20

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

CGAGCGGGTG GTGTTTCATC

19

配列番号 : 8 4

配列の長さ : 1 9

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

30

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

CAAGTCGTCC TCGGAGGGA

19

配列番号 : 8 5

配列の長さ : 1 9

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

40

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

TCGCTGTTCA TCAAGACCC

19

配列番号 : 8 6

配列の長さ : 1 9

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

50

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

CCGAGAACCA GACTTCATC 19

配列番号 : 87

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

10

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

AATGCGGCTG TACCTCGGCG CTGGT 25

配列番号 : 88

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

20

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

GGCGGAGGGC CAGTTGCACC TGCCA 25

配列番号 : 89

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

30

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

AGCCCTGCTC CTCGGCAGCC TCTGC 25

配列番号 : 90

配列の長さ : 25

配列の型 : 核酸

40

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : Pseudomonas aeruginosa

配列

TGGCTTTTGC AACCGGTTTC AGGTT 25

配列番号 : 91

配列の長さ : 25

50

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

GCGCCGCGA GGCATGCTT CGATG 25

配列番号：92

配列の長さ：25

10

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

ACCTGGGCGC CAACTACAAG TTCTA 25

配列番号：93

配列の長さ：25

20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

GGCTACGCTG CCGGGCTGCA GGCCG 25

配列番号：94

配列の長さ：25

30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

CCGATCTACA CCATCGAGAT GGGCG 25

配列番号：95

配列の長さ：25

40

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Pseudomonas aeruginosa

配列

GAGCGGGCT ATGTGTTTCTG CGGCT 25

配列番号：96

配列の長さ：29

50

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

CGTTTTTACC CTTACCTTTT CGTACTACC 29

配列番号：97

配列の長さ：30

10

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

TCAGGCAGAG GTAGTACGAA AAGGTAAGGG 30

配列番号：98

配列の長さ：26

20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

CGTTTTTACC CTTACCTTTT CGTACT 26

配列番号：99

配列の長さ：28

30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

ATCGATCATC ACATTCCATT TGTTTTTA 28

配列番号：100

配列の長さ：27

40

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

CACCAAGTTT GACACGTGAA GATTCAT 27

配列番号：101

配列の長さ：30

50

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

ATGAGTGAAG CGGAGTCAGA TTATGTGCAG 30

配列番号：102

配列の長さ：25

10

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

CGCTCATTAC GTACAGTGAC AATCG 25

配列番号：103

20

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

CTGGTTAGCT TGACTCTTAA CAATCTTGTC 30

配列番号：104

30

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Stapylococcus saprophyticus

配列

GACGCGATTG TCACTGTACG TAATGAGCGA 30

配列番号：105

40

配列の長さ：28

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

GCGTCAGAAA AAGTAGGCGA AATGAAAG 28

配列番号：106

50

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

AGCGGCTCTA TCTTGTAATG ACACA 25

配列番号：107

10

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

GAAACGTGAA CTCCCCTCTA TATAA 25

配列番号：108

20

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

GCCCCAAAAC AATGAAACAT ATGGT 25

配列番号：109

30

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

CTGCAGATTT TGGAATCATA TCGCC 25

配列番号：110

40

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

TGGTTTGACC AGTATTTAAC GCCAT 25

配列番号：111

50

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

CAACGGCACC TGATGTACCT TGTAC 25

配列番号：112

10

配列の長さ：18

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

GGCACCTGAT GTACCTTG 18

配列番号：113

20

配列の長さ：17

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

AACAGCTCAC ACGCATT 17

配列番号：114

30

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

TTACAACCTG CACCACAAGT CATCA 25

配列番号：115

40

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

GTACAAACAA GCCGTCAGCG ACTTA 25

配列番号：116

50

配列の長さ：23

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

CAATCTGCGT GTGTGCGTTC ACT 23

配列番号：117

10

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

GCTACTTTGT CAGCTTTAGC CATTCA 26

配列番号：118

20

配列の長さ：24

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

TGTTTTGAGC TTTTTATTTT TTGA 24 30

配列番号：119

配列の長さ：22

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

CGCTGACGGC TTGTTTGTAC CA 22 40

配列番号：120

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

TCTGTGCTAG AGACTGCCCC ATTTC 25 50

配列番号：1 2 1

配列の長さ：2 5

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

CGATGTCCTG ATTGAGCAGG GTTAT

25

10

配列番号：1 2 2

配列の長さ：2 5

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

ATCCCACCTT AGGCGGCTGG CTCCA

25

20

配列番号：1 2 3

配列の長さ：3 1

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

ACGTCAAGTC ATCATGGCCC TTACGAGTAG G

31

配列番号：1 2 4

配列の長さ：2 5

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

GTGTGACGGG CGGTGTGTAC AAGGC

25

配列番号：1 2 5

配列の長さ：2 8

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

GAGTTGCAGA CTCCAATCCG GACTACGA

28

40

配列番号：1 2 6

配列の長さ：2 0

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

50

配列

GGAGGAAGGT GGGGATGACG 20

配列番号：127

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

ATGGTGTGAC GGGCGGTGTG 20 10

配列番号：128

配列の長さ：32

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

CCCTATACAT CACCTTGCGG TTTAGCAGAG AG 32

配列番号：129

配列の長さ：28

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

GGGGGACCA TCCTCCAAGG CTAATAC 28

配列番号：130

配列の長さ：32

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

配列

CGTCCACTTT CGTGTTTGCA GAGTGCTGTG TT 32

配列番号：131

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

CAGGAGTACG GTGATTTTTA 20

配列番号：132

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

50

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Escherichia coli

配列

ATTTCTGGTT TGGTCATACA

20

配列番号：133

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

10

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

CGGGAGTCAG TGAAATCATC

20

配列番号：134

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

20

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Proteus mirabilis

配列

CTAAAATCGC CACACCTCTT

20

配列番号：135

配列の長さ：18

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

30

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

GCAGCGTGGT GTCGTTCA

18

配列番号：136

配列の長さ：18

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

40

トポロジ-：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

AGCTGGCAAC GGCTGGTC

18

配列番号：137

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

50

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

ATTCACACCC TACGCAGCCA 20

配列番号：138

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

10

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Klebsiella pneumoniae

配列

ATCCGGCAGC ATCTCTTTGT 20

配列番号：139

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

20

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Staphylococcus saprophyticus

配列

CTGGTTAGCT TGA CTCTTAA CAATC 25

配列番号：140

配列の長さ：25

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

30

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Staphylococcus saprophyticus

配列

TCTTAACGAT AGAATGGAGC AACTG 25

配列番号：141

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

40

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pyrogenes

配列

TGAAAATTCT TGTAACAGGC 20

配列番号：142

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

50

トポロジ-：直鎖状
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Streptococcus pyrogenes
 配列
GGCCACCAGC TTGCCAATA 20
 配列番号：143
 配列の長さ：20
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 10
 トポロジ-：直鎖状
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Streptococcus pyrogenes
 配列
ATATTTTCTT TATGAGGGTG 20
 配列番号：144
 配列の長さ：20
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 20
 トポロジ-：直鎖状
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Streptococcus pyrogenes
 配列
ATCCTTAAAT AAAGTTGCCA 20
 配列番号：145
 配列の長さ：25
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 30
 トポロジ-：直鎖状
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Staphylococcus epidermidis
 配列
ATCAAAAAGT TGGCGAACCT TTTCA 25
 配列番号：146
 配列の長さ：25
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 40
 トポロジ-：直鎖状
 配列の種類：DNA (genomic)
 起源：
 生物名：Staphylococcus epidermidis
 配列
CAAAAGAGCG TGGAGAAAAG TATCA 25
 配列番号：147
 配列の長さ：30
 配列の型：核酸
 鎖の数：一本鎖 50

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : *Staphylococcus epidermidis*

配列

TCTCTTTTAA TTTCATCTTC AATTCATAG 30

配列番号 : 148

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

10

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : *Staphylococcus epidermidis*

配列

AAACACAATT ACAGTCTGGT TATCCATATC 30

配列番号 : 149

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

20

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : *Staphylococcus aureus*

配列

CTTCATTTTA CGGTGACTTC TTAGAAGATT 30

配列番号 : 150

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

30

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : *staphylococcus aureus*

配列

TCAACTGTAG CTTCTTTATC CATACGTTGA 30

配列番号 : 151

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

40

鎖の数 : 一本鎖

トポロジ- : 直鎖状

配列の種類 : DNA (genomic)

起源 :

生物名 : *Staphylococcus aureus*

配列

ATATTTTAGC TTTTCAGTTT CTATATCAAC 30

配列番号 : 152

配列の長さ : 30

配列の型 : 核酸

50

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Staphylococcus aureus

配列

AATCTTTGTC GGTACACGAT ATTCTTCACG 30

配列番号：153

配列の長さ：30

配列の型：核酸

10

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Staphylococcus aureus

配列

CGTAATGAGA TTTCAGTAGA TAATACAACA 30

配列番号：154

配列の長さ：25

20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

TTTAACGATC CTTTACTCC TTTTG 25

配列番号：155

配列の長さ：25

30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Haemophilus influenzae

配列

ACTGCTGTTG TAAAGAGGTT AAAAT 25

配列番号：156

40

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

ATTTGGTGAC GGGTGACTTT 20

配列番号：157

50

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

GCTGAGGATT TGTTCCTT

20

配列番号：158

10

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

GAGCGGTTTC TATGATTGTA

20

20

配列番号：159

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Streptococcus pneumoniae

配列

ATCTTTCCTT TCTTGTTCTT

20

30

配列番号：160

配列の長さ：18

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA (genomic)

起源：

生物名：Moraxella catarrhalis

配列

GCTCAAATCA GGGTCAGC

18

40

配列番号：161

配列の長さ：861

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGAGTATTC	AACATTTCCG	TGTCGCCCTT	ATTCCTTTT	TTGCGGCATT	50
TTGCCTTCCT	GTTTTTGCTC	ACCCAGAAAC	GCTGGTGAAA	GTAAAAGATG	100
CTGAAGATCA	GTTGGGTGCA	CGAGTGGGTT	ACATCGAACT	GGATCTCAAC	150
AGCGGTAAGA	TCCTTGAGAG	TTTTCGCCCC	GAAGAACGTT	TTCCAATGAT	200
GAGCACTTTT	AAAGTTCTGC	TATGTGGCGC	GGTATTATCC	CGTGTTGACG	250
CCGGGCAAGA	GCAACTCGGT	CGCCGCATAC	ACTATTCTCA	GAATGACTTG	300
GTTGAGTACT	CACCAGTCAC	AGAAAAGCAT	CTTACGGATG	GCATGACAGT	350
AAGAGAATTA	TGCAGTGCTG	CCATAACCAT	GAGTGATAAC	ACTGCGGCCA	400
ACTTACTTCT	GACAACGATC	GGAGGACCGA	AGGAGCTAAC	CGCTTTTTTG	450
CACAACATGG	GGGATCATGT	AACTCGCCTT	GATCGTTGGG	AACCGGAGCT	500
GAATGAAGCC	ATACCAAACG	ACGAGCGTGA	CACCACGATG	CCTGCAGCAA	550
TGGCAACAAC	GTTGCGCAAA	CTATTAACTG	GCGAACTACT	TACTCTAGCT	600
TCCCGGCAAC	AATTAATAGA	CTGGATGGAG	GCGGATAAAG	TTGCAGGACC	650
ACTTCTGCGC	TCGGCCCTTC	CGGCTGGCTG	GTTTATTGCT	GATAAATCTG	700
GAGCCGGTGA	GCGTGGGTCT	CGCGGTATCA	TTGCAGCACT	GGGGCCAGAT	750
GGTAAGCCCT	CCCGTATCGT	AGTTATCTAC	ACGACGGGGA	GTCAGGCAAC	800
TATGGATGAA	CGAAATAGAC	AGATCGCTGA	GATAGGTGCC	TCACTGATTA	850
AGCATTGGTA	A				861

10

20

配列番号：162
 配列の長さ：918
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：DNA
 配列

30

ATGTTAAATA	AGTTAAAAAT	CGGCACATTA	TTATTGCTGA	CATTAACGGC	50	
TTGTTGCCCC	AATTCTGTTC	ATTCGGTAAC	GTCTAATCCG	CAGCCTGCTA	100	
GTGCGCCTGT	GCAACAATCA	GCCACACAAG	CCACCTTTCA	ACAGACTTTG	150	
GCGAATTTGG	AACAGCAGTA	TCAAGCCCCG	ATTGGCGTTT	ATGTATGGGA	200	
TACAGAAACG	GGACATTCTT	TGTCTTATCG	TGCAGATGAA	CGCTTTGCTT	250	
ATGCGTCCAC	TTTCAAGGCG	TTGTTGGCTG	GGGCGGTGTT	GCAATCGCTG	300	
CCTGAAAAAG	ATTTAAATCG	TACCATTTCA	TATAGCCAAA	AAGATTTGGT	350	
TAGTTATTCT	CCCGAAACCC	AAAAATACGT	TGGCAAAGGC	ATGACGATTG	400	10
CCCAATTATG	TGAAGCAGCC	GTGCGGTTTA	GCGACAACAG	CGCGACCAAT	450	
TTGCTGCTCA	AAGAATTGGG	TGGCGTGGAA	CAATATCAAC	GTATTTTGCG	500	
ACAATTAGGC	GATAACGTAA	CCCATACCAA	TCGGCTAGAA	CCCGATTTAA	550	
ATCAAGCCAA	ACCCAACGAT	ATTCGTGATA	CGAGTACACC	CAAACAAATG	600	
GCGATGAATT	TAAATGCGTA	TTTATTGGGC	AACACATTAA	CCGAATCGCA	650	
AAAAACGATT	TTGTGGAATT	GGTTGGACAA	TAACGCAACA	GGCAATCCAT	700	
TGATTCGCGC	TGCTACGCCA	ACATCGTGGA	AAGTGTACGA	TAAAAGCGGG	750	
GCGGGTAAAT	ATGGTGTACG	CAATGATATT	GCGGTGGTTC	GCATACCAA	800	20
TCGCAAACCG	ATTGTGATGG	CAATCATGAG	TACGCAATTT	ACCGAAGAAG	850	
CCAAATTCAA	CAATAAATTA	GTAGAAGATG	CAGCAAAGCA	AGTATTTTCAT	900	
ACTTTACAGC	TCAACTAA				918	

配列番号：163

配列の長さ：864

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGCGTTATA	TTCGCCTGTG	TATTATCTCC	CTGTTAGCCA	CCCTGCCGCT	50
GGCGGTACAC	GCCAGCCCGC	AGCCGCTTGA	GCAAATTAAA	CTAAGCGAAA	100
GCCAGCTGTC	GGGCCGCGTA	GGCATGATAG	AAATGGATCT	GGCCAGCGGC	150
CGCACGCTGA	CCGCCTGGCG	CGCCGATGAA	CGCTTTCCCA	TGATGAGCAC	200
CTTTAAAGTA	GTGCTCTGCG	GCGCAGTGCT	GGCGCGGGTG	GATGCCGGTG	250
ACGAACAGCT	GGAGCGAAAG	ATCCACTATC	GCCAGCAGGA	TCTGGTGGAC	300
TACTCGCCGG	TCAGCGAAAA	ACACCTTGCC	GACGCAATGA	CGGTCCGGCA	350
ACTCTGCGCC	GCCGCCATTA	CCATGAGCGA	TAACAGCGCC	GCCAATCTGC	400
TACTGGCCAC	CGTCGGCGGC	CCCGCAGGAT	TGACTGCCTT	TTTGCGCCAG	450
ATCGGCGACA	ACGTCACCCG	CCTTGACCCG	TGGGAAACGG	AACTGAATGA	500
GGCGCTTCCC	GGCGACGCCC	GCGACACCAC	TACCCCGGCC	AGCATGGCCG	550
CGACCCTGCG	CAACGTTGGC	CTGACCAGCC	AGCGTCTGAG	CGCCCGTTCG	600
CAACGGCAGC	TGCTGCAGTG	GATGGTGGAC	GATCGGGTCG	CCGGACCGTT	650
GATCCGCTCC	GTGCTGCCGG	CGGGCTGGTT	TATCGCCGAT	AAGACCGGAG	700
CTGGCGAGCG	GGGTGCGCGC	GGGATTGTCTG	CCCTGCTTGG	CCCGAATAAC	750
AAAGCAGAGC	GCATTGTGGT	GATTTATCTG	CGGGATACCC	CGGCGAGCAT	800
GGCCGAGCGA	AATCAGCAAA	TCGCCGGGAT	CGGCAAGGCG	CTGTACGAGC	850
ACTGGCAACG	CTAA				864

配列番号：164

配列の長さ：534

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGGACACAA	CGCAGGTCAC	ATTGATACAC	AAAATTCTAG	CTGCGGCAGA	50
TGAGCGAAAT	CTGCCGCTCT	GGATCGGTGG	GGGCTGGGCG	ATCGATGCAC	100
GGCTAGGGCG	TGTAACACGC	AAGCACGATG	ATATTGATCT	GACGTTTCCC	150
GGCGAGAGGC	GCGGCGAGCT	CGAGGCAATA	GTTGAAATGC	TCGGCGGGCG	200
CGTCATGGAG	GAGTTGGACT	ATGGATTCTT	AGCGGAGATC	GGGGATGAGT	250
TACTTGACTG	CGAACCTGCT	TGGTGGGCAG	ACGAAGCGTA	TGAAATCGCG	300
GAGGCTCCGC	AGGGCTCGTG	CCCAGAGGCG	GCTGAGGGCG	TCATCGCCGG	350
GCGGCCAGTC	CGTTGTAACA	GCTGGGAGGC	GATCATCTGG	GATTACTTTT	400
ACTATGCCGA	TGAAGTACCA	CCAGTGGACT	GGCCTACAAA	GCACATAGAG	450
TCCTACAGGC	TCGCATGCAC	CTCACTCGGG	GCGGAAAAGG	TTGAGGTCTT	500
GCGTGCCGCT	TTCAGGTCGC	GATATGCGGC	CTAA		534

配列番号：165

配列の長さ：465

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

10

20

30

40

50

ATGGGCATCA	TTCGCACATG	TAGGCTCGGC	CCTGACCAAG	TCAAATCCAT	50
GCGGGCTGCT	CTTGATCTTT	TCGGTCGTGA	GTTCCGGAGAC	GTAGCCACCT	100
ACTCCCAACA	TCAGCCGGAC	TCCGATTACC	TCGGGAACTT	GCTCCGTTAGT	150
AAGACATTCA	TCGCGCTTGC	TGCCTTCGAC	CAAGAAGCGG	TTGTTGGCGC	200
TCTCGCGGCT	TACGTTCTGC	CCAGGTTTGA	GCAGCCGCGT	AGTGAGATCT	250
ATATCTATGA	TCTCGCAGTC	TCCGGCGAGC	ACCGGAGGCA	GGGCATTGCC	300
ACCGCGCTCA	TCAATCTCCT	CAAGCATGAG	GCCAACGCGC	TTGGTGCTTA	350
TGTGATCTAC	GTGCAAGCAG	ATTACGGTGA	CGATCCCGCA	GTGGCTCTCT	400
ATACAAAGTT	GGGCATACGG	GAAGAAGTGA	TGCACTTTGA	TATCGACCCA	450
AGTACCGCCA	CCTAA				465

配列番号：166

配列の長さ：861

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGCATACGC	GGAAGGCAAT	AACGGAGGCG	CTTCAAAAAC	TCGGAGTCCA	50
AACCGGTGAC	CTATTGATGG	TGCATGCCTC	ACTTAAAGCG	ATTGGTCCGG	100
TCGAAGGAGG	AGCGGAGACG	GTCGTTGCCG	CGTTACGCTC	CGCGGTTGGG	150
CCGACTGGCA	CTGTGATGGG	ATACGCATCG	TGGGACCGAT	CACCCTACGA	200
GGAGACTCGT	AATGGCGCTC	GGTTGGATGA	CAAACCCGCG	CGTACCTGGC	250
CGCCGPTCGA	TCCCGCAACG	GCCGGGACTT	ACCGTGGGTT	CGGCCTGCTG	300
AATCAGTTTC	TGGTTCAAGC	CCCCGGCGCG	CGGCGCAGCG	CGCACCCCGA	350
TGCATCGATG	GTCGCGGTTG	GTCCACTGGC	TGAAACGCTG	ACGGAGCCTC	400
ACAAGCTCGG	TCACGCCCTG	GGGGAAGGGT	CGCCCGTCGA	GCGGTTGCTT	450
CGCCTTGCGG	GGAAGGCCCT	GCTGTTGGGT	GCGCCGCTAA	ACTCCGTTAC	500
CGCATTGCAC	TACGCCGAGG	CGGTTGCCGA	TATCCCAAC	AAACGGCGGG	550
TGACGTATGA	GATGCCGATG	CTTGGAAGCA	ACGGCGAAGT	CGCCTGGAAA	600
ACGGCATCGG	ATTACGATTC	AAACGGCATT	CTCGATTGCT	TTGCTATCGA	650
AGGAAAGCCG	GATGCGGTCG	AAACTATAGC	AAATGCTTAC	GTGAAGCTCG	700
GTCGCCATCG	AGAAGGTGTC	GTGGGCTTTG	CTCAGTGCTA	CCTGTTGCGAC	750
GCGCAGGACA	TCGTGACGTT	CGGCGTCACC	TATCTTGAGA	AGCATTTCGG	800
AACCACTCCG	ATCGTGCCAG	CACACGAAGT	CGCCGAGTGC	TCTTGCGAGC	850
CTTCAGGTTA	G				861

配列番号：167

配列の長さ：816

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

10

20

30

40

50

配列

ATGACCGATT	TGAATATCCC	GCATACACAC	GCGCACCTTG	TAGACGCATT	50	
TCAGGCGCTC	GGCATCCGCG	CGGGGCAGGC	GCTCATGCTG	CACGCATCCG	100	
TTAAAGCAGT	GGGCGCGGTG	ATGGGCGGCC	CCAATGTGAT	CTTGCAGGCG	150	
CTCATGGATG	CGCTCACGCC	CGACGGCACG	CTGATGATGT	ATGCGGGATG	200	
GCAAGACATC	CCCGACTTTA	TCGACTCGCT	GCCGGACGCG	CTCAAGGCCG	250	
TGTATCTTGA	GCAGCACCCA	CCCTTTGACC	CCGCCACCGC	CCGCGCCGTG	300	
CGCGAAAACA	GCGTGCTAGC	GGAATTTTGT	CGCACATGGC	CGTGCGTGCA	350	10
TCGCAGCGCA	AACCCCGAAG	CCTCTATGGT	GGCGGTAGGC	AGGCAGGCCG	400	
CTTTGCTGAC	CGCTAATCAC	GCGCTGGATT	ATGGCTACGG	AGTCGAGTCG	450	
CCGCTGGCTA	AACTGGTGGC	AATAGAAGGA	TACGTGCTGA	TGCTTGGCGC	500	
GCCGCTGGAT	ACCATCACAC	TGCTGCACCA	CGCGGAATAT	CTGGCCAAGA	550	
TGCGCCACAA	GAACGTGGTC	CGCTACCCGT	GCCCGATTCT	GCGGGACGGG	600	
CGCAAAGTGT	GGGTGACCGT	TGAGGACTAT	GACACCGGTG	ATCCGCACGA	650	
CGATTATAGT	TTTGAGCAAA	TCGCGCGCGA	TTATGTGGCG	CAGGGCGGGC	700	
GCACACGCGG	CAAAGTCGGT	GATGCGGATG	CTTACCTGTT	CGCCGCGCAG	750	20
GACCTCACAC	GGTTTGCGGT	GCAGTGGCTT	GAATCACGGT	TCGGTGA CTC	800	
AGCGTCATAC	GGATAG				816	

配列番号：168

配列の長さ：498

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGCTCTATG	AGTGGCTAAA	TCGATCTCAT	ATCGTCGAGT	GGTGGGGCGG	50	
AGAAGAAGCA	CGCCCGACAC	TTGCTGACGT	ACAGGAACAG	TACTTGCCAA	100	
GCGTTTTAGC	GCAAGAGTCC	GTCACTCCAT	ACATTGCAAT	GCTGAATGGA	150	
GAGCCGATTG	GGTATGCCCA	GTCGTACGTT	GCTCTTGGA	GCGGGGACGG	200	
ATGGTGGGAA	GAAGAAACCG	ATCCAGGAGT	ACGCGGAATA	GACCAGTTAC	250	
TGGCGAATGC	ATCACA ACTG	GGCAAAGGCT	TGGGAACCAA	GCTGGTT CGA	300	
GCTCTGGTTG	AGTTGCTGTT	CAATGATCCC	GAGGTCACCA	AGATCCAAAC	350	
GGACCCGTCG	CCGAGCAACT	TGCGAGCGAT	CCGATGCTAC	GAGAAAGCGG	400	40
GGTTTGAGAG	GCAAGGTACC	GTAACCACCC	CAGATGGTCC	AGCCGTGTAC	450	
ATGGTTCAAA	CACGCCAGGC	ATTCGAGCGA	ACACGCAGTG	ATGCCTAA	498	

配列番号：169

配列の長さ：2007

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

50

ATGAAAAGA	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	AGTTAGATMG	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	TAAAACAAA	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
CACCCTCAA	CAGGTGAATT	ATTAGCACTT	GTAAGCACAC	CTTCATATGA	1100
CGTCTATCCA	TTTATGTATG	GCATGAGTAA	CGAAGAATAT	AATAAATTAA	1150
CCGAAGATA	AAAAGAACCT	CTGCTCAACA	AGTTCAGAT	TACAACTTCA	1200
CCAGGTTCAA	CTCAAAAAAT	ATTAACAGCA	ATGATTGGGT	TAAATAACAA	1250
AACATTAGAC	GATAAAACAA	GTTATAAAAT	CGATGGTAAA	GGTTGGCAA	1300
AAGATAAATC	TTGGGGTGGT	TACAACGTTA	CAAGATATGA	AGTGGTAAAT	1350
GGTAATATCG	ACTTAAACA	AGCAATAGAA	TCATCAGATA	ACATTTTCTT	1400
TGCTAGAGTA	GCACTCGAAT	TAGGCAGTAA	GAAATTTGAA	AAAGGCATGA	1450
AAAAACTAGG	TGTTGGTGAA	GATATACCAA	GTGATTATCC	ATTTTATAAT	1500
GCTCAAATTT	CAAACAAAA	TTTAGATAAT	GAAATATTAT	TAGCTGATTC	1550
AGGTACGGA	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	TATGCAAAC	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

配列番号：170

配列の長さ：2607

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

10

20

30

40

ATGAATAACA	TCGGCATTAC	TGTTTATGGA	TGTGAGCAGG	ATGAGGCAGA	50
TGCATTCCAT	GCTCTTTCGC	CTCGCTTTGG	CGTTATGGCA	ACGATAATTA	100
ACGCCAACGT	GTCGGAATCC	AACGCCAAAT	CCGCGCCTTT	CAATCAATGT	150
ATCAGTGTGG	GACATAAATC	AGAGATTTCC	GCCTCTATTC	TTCTTGCGCT	200
GAAGAGAGCC	GGTGTGAAAT	ATATTTCTAC	CCGAAGCATC	GGCTGCAATC	250
ATATAGATAC	AACTGCTGCT	AAGAGAATGG	GCATCACTGT	CGACAATGTG	300
GCGTACTCGC	CGGATAGCGT	TGCCGATTAT	ACTATGATGC	TAATTCCTAT	350
GGCAGTACGC	AACGTAAAAT	CGATTGTGCG	CTCTGTGGAA	AAACATGATT	400
TCAGGTGGA	CAGCGACCGT	GGCAAGGTAC	TCAGCGACAT	GACAGTTGGT	450
GTGGTGGGAA	CGGGCCAGAT	AGGCAAAGCG	GTTATTGAGC	GGCTGCGAGG	500
ATTTGGATGT	AAAGTGTTGG	CTTATAGTCG	CAGCCGAAGT	ATAGAGGTAA	550
ACTATGTACC	GTTTGATGAG	TTGCTGCAA	ATAGCGATAT	CGTTACGCTT	600
CATGTGCCGC	TCAATACGGA	TACGCACTAT	ATTATCAGCC	ACGAACAAAT	650
ACAGAGAATG	AAGCAAGGAG	CATTTCTTAT	CAATACTGGG	CGCGGTCCAC	700

TTGTAGATAC	CTATGAGTTG	GTTAAAGCAT	TAGAAAACGG	GAAACTGGGC	750
GGTGCCGCAT	TGGATGTATT	GGAAGGAGAG	GAAGAGTTTT	TCTACTCTGA	800
TTGCACCCAA	AAACCAATTG	ATAATCAATT	TTTACTTAAA	CTTCAAAGAA	850
TGCCTAACGT	GATAATCACA	CCGCATACGG	CCTATTATAC	CGAGCAAGCG	900
TTGCGTGATA	CCGTTGAAAA	AACCATTAAA	AACTGTTTGG	ATTTTGAAAG	950
GAGACAGGAG	CATGAATAGA	ATAAAAAGTTG	CAATACTGTT	TGGGGGTTGC	1000
TCAGAGGAGC	ATGACGTATC	GGTAAAATCT	GCAATAGAGA	TAGCCGCTAA	1050
CATTAATAAA	GAAAAATACG	AGCCGTTATA	CATTGGAATT	ACGAAATCTG	1100
GTGTATGGAA	AATGTGCGAA	AAACCTTGCG	CGGAATGGGA	AAACGACAAT	1150
TGCTATTCAG	CTGTACTCTC	GCCGGATAAA	AAAATGCACG	GATTACTTGT	1200
TAAAAAGAAC	CATGAATATG	AAATCAACCA	TGTTGATGTA	GCATTTTCAG	1250
CTTTGCATGG	CAAGTCAGGT	GAAGATGGAT	CCATACAAGG	TCTGTTTGAA	1300
TTGTCCGGTA	TCCCTTTTGT	AGGCTGCGAT	ATTCAAAGCT	CAGCAATTTG	1350
TATGGACAAA	TCGTTGACAT	ACATCGTTGC	GAAAAATGCT	GGGATAGCTA	1400
CTCCCGCCTT	TTGGGTATT	AATAAAGATG	ATAGGCCGGT	GGCAGCTACG	1450
TTTACCTATC	CTGTTTTTGT	TAAGCCGGCG	CGTTCAGGCT	CATCCTTCGG	1500
TGTGAAAAAA	GTCAATAGCG	CGGACGAATT	GGACTACGCA	ATTGAATCGG	1550
CAAGACAATA	TGACAGCAAA	ATCTTAATTG	AGCAGGCTGT	TTCGGGCTGT	1600
GAGGTCGGTT	GTGCGGTATT	GGGAAACAGT	GCCGCGTTAG	TTGTTGGCGA	1650
GGTGGACCAA	ATCAGGCTGC	AGTACGGAAT	CTTTCGTATT	CATCAGGAAG	1700
TCGAGCCGGA	AAAAGGCTCT	GAAAACGCAG	TTATAACCGT	TCCCGCAGAC	1750
CTTTCAGCAG	AGGAGCGAGG	ACGGATACAG	GAAACGGCAA	AAAAAATATA	1800
TAAAGCGCTC	GGCTGTAGAG	GTCTAGCCCG	TGTGGATATG	TTTTTACAAG	1850
ATAACGGCCG	CATTGTACTG	AACGAAGTCA	ATACTCTGCC	CGGTTTCACG	1900
TCATACAGTC	GTTATCCCCG	TATGATGGCC	GCTGCAGGTA	TTGCACTTCC	1950
CGAACTGATT	GACCGCTTGA	TCGTATTAGC	GTTAAAGGGG	TGATAAGCAT	2000
GGAAATAGGA	TTTACTTTTT	TAGATGAAAT	AGTACACGGT	GTTTCGTTGGG	2050
ACGCTAAATA	TGCCACTTGG	GATAATTTCA	CCGAAAACC	GGTTGACGGT	2100
TATGAAGTAA	ATCGCATTGT	AGGGACATAC	GAGTTGGCTG	AATCGCTTTT	2150
GAAGGCAAAA	GAACTGGCTG	CTACCCAAGG	GTACGGATTG	CTTCTATGGG	2200
ACGGTTACCG	TCCTAAGCGT	GCTGTAAACT	GTTTTATGCA	ATGGGCTGCA	2250
CAGCCGGAAA	ATAACCTGAC	AAAGGAAAGT	TATTATCCCA	ATATTGACCG	2300
AACTGAGATG	ATTTCAAAG	GATACGTGGC	TTCAAATCA	AGCCATAGCC	2350
GCGGCAGTGC	CATTGATCTT	ACGCTTTATC	GATTAGACAC	GGGTGAGCTT	2400
GTACCAATGG	GGAGCCGATT	TGATTTTATG	GATGAACGCT	CTCATCATGC	2450
GGCAAATGGA	ATATCATGCA	ATGAAGCGCA	AAATCGCAGA	CGTTTGCGCT	2500
CCATCATGGA	AAACAGTGGG	TTTGAAGCAT	ATAGCCTCGA	ATGGTGGCAC	2550
TATGTATTAA	GAGACGAACC	ATACCCCAAT	AGCTATTTTG	ATTTCCCGT	2600
TAAATAA					2607

配列の長さ：1 2 8 8

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

GGATCCATCA	GGCAACGACG	GGCTGCTGCC	GGCCATCAGC	GGACGCAGGG	50
AGGACTTTCC	GCAACCGGCC	GTTCGATGCG	GCACCGATGG	CCTTCGCGCA	100
GGGGTAGTGA	ATCCGCCAGG	ATTGACTTGC	GCTGCCCTAC	CTCTCACTAG	150
TGAGGGGCGG	CAGCGCATCA	AGCGGTGAGC	GCACTCCGGC	ACCGCCAACT	200
TTCAGCACAT	GCGTGTAAT	CATCGTCGTA	GAGACGTCGG	AATGGCCGAG	250
CAGATCCTGC	ACGGTTCGAA	TGTCGTAACC	GCTGCGGAGC	AAGGCCGTCG	300
CGAACGAGTG	GCGGAGGGTG	TGCGGTGTGG	CGGGCTTCGT	GATGCCTGCT	350
TGTTCTACGG	CACGTTTGAA	GGCGCGCTGA	AAGGTCTGGT	CATACATGTG	400
ATGGCGACGC	ACGACACCGC	TCCGTGGATC	GGTCGAATGC	GTGTGCTGCG	450
CAAAAACCCA	GAACCACGGC	CAGGAATGCC	CGGCGCGCGG	ATACTTCCGC	500
TCAAGGGCGT	CGGGAAGCGC	AACGCCGCTG	CGGCCCTCGG	CCTGGTCCTT	550
CAGCCACCAT	GCCCGTGCAC	GCGACAGCTG	CTCGCGCAGG	CTGGGTGCCA	600
AGCTCTCGGG	TAACATCAAG	GCCCGATCCT	TGGAGCCCTT	GCCCTCCCGC	650
ACGATGATCG	TGCCGTGATC	GAAATCCAGA	TCCTTGACCC	GCAGTTGCAA	700
ACCCTCACTG	ATCCGCATGC	CCGTTCCATA	CAGAAGCTGG	GCGAACAAAC	750
GATGCTCGCC	TTCCAGAAAA	CCGAGGATGC	GAACCACTTC	ATCCGGGGTC	800
AGCACCACCG	GCAAGCGCCG	CGACGGCCGA	GGTCTTCCGA	TCTCCTGAAG	850
CCAGGGCAGA	TCCGTGCACA	GCACCTTGCC	GTAGAAGAAC	AGCAAGGCCG	900
CCAATGCCTG	ACGATGCGTG	GAGACCGAAA	CCTTGCGCTC	GTTCGCCAGC	950
CAGGACAGAA	ATGCCTCGAC	TTCGCTGCTG	CCCAAGGTTG	CCGGGTGACG	1000
CACACCGTGG	AAACGGATGA	AGGCACGAAC	CCAGTGGACA	TAAGCCTGTT	1050
CGGTTCGTAA	GCTGTAATGC	AAGTAGCGTA	TGCGCTCACG	CAACTGGTCC	1100
AGAACCTTGA	CCGAACGCAG	CGGTGGTAAC	GGCGCAGTGG	CGGTTTTTCAT	1150
GGCTTGTTAT	GACTGTTTTT	TTGTACAGTC	TATGCCTCGG	GCATCCAAGC	1200
AGCAAGCGCG	TTACGCCGTG	GGTCGATGTT	TGATGTTATG	GAGCAGCAAC	1250
GATGTTACGC	AGCAGGGCAG	TCGCCCTAAA	ACAAAGTT		1288

10

20

30

配列番号：1 7 2

配列の長さ：1 6 5 0

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

40

GTTAGATGCA	CTAAGCACAT	AATTGCTCAC	AGCCAAACTA	TCAGGTCAAG	50
TCTGCTTTTA	TTATTTTAA	GCGTGCATAA	TAAGCCCTAC	ACAAATGGG	100
AGATATATCA	TGAAAGGCTG	GCTTTTCTT	GTTATCGCAA	TAGTTGGCGA	150
AGTAATCGCA	ACATCCGCAT	TAAAATCTAG	CGAGGGCTTT	ACTAAGCTTG	200
CCCCTCCGC	CGTTGTCATA	ATCGGTTATG	GCATCGCATT	TTATTTCTT	250
TCTCTGGTTC	TGAAATCCAT	CCCTGTCGGT	GTTGCTTATG	CAGTCTGGTC	300
GGGACTCGGC	GTCGTCATAA	TTACAGCCAT	TGCCGTTG	CTTCATGGGC	350
AAAAGCTTGA	TGCGTGGGGC	TTTGTAGGTA	TGGGGCTCAT	AATTGCTGCC	400
TTTTTGCTCG	CCCGATCCCC	ATCGTGGAAG	TCGCTGCGGA	GGCCGACGCC	450
ATGGTGACGG	TGTTCCGGCAT	TCTGAATCTC	ACCGAGGACT	CCTTCTTCGA	500
TGAGAGCCGG	CGGCTAGACC	CCGCCGGCGC	TGTCACCGCG	GCGATCGAAA	550
TGCTGCGAGT	CGGATCAGAC	GTCGTGGATG	TCGGACCGGC	CGCCAGCCAT	600
CCGGACGCGA	GGCCTGTATC	GCCGGCCGAT	GAGATCAGAC	GTATTGCGCC	650
GCTCTTAGAC	GCCCTGTCCG	ATCAGATGCA	CCGTGTTTCA	ATCGACAGCT	700
TCCAACCGGA	AACCCAGCGC	TATGCGCTCA	AGCGCGGCGT	GGGCTACCTG	750
AACGATATCC	AAGGATTTCC	TGACCCTGCG	CTCTATCCCG	ATATTGCTGA	800
GGCGGACTGC	AGGCTGGTGG	TTATGCACTC	AGCGCAGCGG	GATGGCATCG	850
CCACCCGCAC	CGGTCACCTT	CGACCCGAAG	ACGCGCTCGA	CGAGATTGTG	900
CGGTTCTTCG	AGGCGCGGGT	TTCCGCCTTG	CGACGGAGCG	GGGTCGCTGC	950
CGACCGGCTC	ATCCTCGATC	CGGGGATGGG	ATTTTCTTG	AGCCCCGCAC	1000
CGGAAACATC	GCTGCACGTG	CTGTGCAACC	TTCAAAGCT	GAAGTCGGCG	1050
TTGGGGCTTC	CGCTATTGGT	CTCGGTGTCG	CGGAAATCCT	TCTTGGGCGC	1100
CACCGTTGGC	CTTCCTGTAA	AGGATCTGGG	TCCAGCGAGC	CTTGCGGCGG	1150
AACTTCACGC	GATCGGCAAT	GGCGCTGACT	ACGTCCGCAC	CCACGCGCCT	1200
GGAGATCTGC	GAAGCGCAAT	CACCTTCTCG	GAAACCCTCG	CGAAATTTTCG	1250
CAGTCGCGAC	GCCAGAGACC	GAGGGTTAGA	TCATGCCTAG	CATTCACCTT	1300
CCGGCCGCC	GCTAGCGGAC	CCTGGTCAGG	TTCCGCGAAG	GTGGGCGCAG	1350
ACATGCTGGG	CTCGTCAGGA	TCAAACCTGCA	CTATGAGGCG	GCGGTTTCATA	1400
CCGCGCCAGG	GGAGCGAATG	GACAGCGAGG	AGCCTCCGAA	CGTTCGGGTC	1450
GCCTGCTCGG	GTGATATCGA	CGAGGTTGTG	CGGCTGATGC	ACGACGCTGC	1500
GGCGTGGATG	TCCGCCAAGG	GAACGCCCGC	CTGGGACGTC	GCGCGGATCG	1550
ACCGGACATT	CGCGGAGACC	TTCGTCTTGA	GATCCGAGCT	CCTAGTCGCG	1600
AGTTGCAGCG	ACGGCATCGT	CGGCTGTTGC	ACCTTGTCGG	CCGAGGATCC	1650

10

20

30

40

配列番号：173

配列の長さ：630

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGGGTCCGA	ATCCTATGAA	AATGTATCCT	ATAGAAGGAA	ACAAATCAGT	50
ACAATTTATC	AAACCTATTT	TAGAAAAATT	AGAAAATGTT	GAGGTTGGAG	100
AATACTCATA	TTATGATTCT	AAGAATGGAG	AAACTTTTGA	TAAGCAAATT	150
TTATATCATT	ATCCAATCTT	AAACGATAAG	TTAAAAATAG	GTAAATTTTG	200
CTCAATAGGA	CCAGGTGTAA	CTATTATTAT	GAATGGAGCA	AATCATAGAA	250
TGGATGGCTC	AACATATCCA	TTTAATTTAT	TTGGTAATGG	ATGGGAGAAA	300
CATATGCCAA	AATTAGATCA	ACTACCTATT	AAGGGGGATA	CAATAATAGG	350
TAATGATGTA	TGGATAGGAA	AAGATGTTGT	AATTATGCCA	GGAGTAAAAA	400
TCGGGGATGG	TGCAATAGTA	GCTGCTAATT	CTGTTGTTGT	AAAAGATATA	450
GCGCCATACA	TGTTAGCTGG	AGGAAATCCT	GCTAACGAAA	TAAAACAAAG	500
ATTTGATCAA	GATACAATAA	ATCAGCTGCT	TGATATAAAA	TGGTGGAATT	550
GGCCAATAGA	CATTATTAAT	GAGAATATAG	ATAAAATTCT	TGATAATAGC	600
ATCATTAGAG	AAGTCATATG	GAAAAAATGA			630

配列番号：174

配列の長さ：1440

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

10

20

ATGAATATAG	TTGAAAATGA	AATATGTATA	AGAACTTTAA	TAGATGATGA	50
TTTTCCTTTG	ATGTTAAAAT	GGTAACTGA	TGAAAGAGTA	TTAGAATTTT	100
ATGGTGGTAG	AGATAAAAAA	TATACATTAG	AATCATTAAA	AAAACATTAT	150
ACAGAGCCTT	GGGAAGATGA	AGTTTTTAGA	GTAATTATTG	AATATAACAA	200
TGTTCCCTATT	GGATATGGAC	AAATATATAA	AATGTATGAT	GAGTTATATA	250
CTGATTATCA	TTATCCAAAA	ACTGATGAGA	TAGTCTATGG	TATGGATCAA	300
TTTATAGGAG	AGCCAAATTA	TTGGAGTAAA	GGAATTGGTA	CAAGATATAT	350
TAAATGATT	TTTGAATTTT	TGAAAAAAGA	AAGAAATGCT	AATGCAGTTA	400
TTTTAGACCC	TCATAAAAAT	AATCCAAGAG	CAATAAGGGC	ATACCAAAAA	450
TCTGGTTTTA	GAATTATTGA	AGATTTGCCA	GAACATGAAT	TACACGAGGG	500
CAAAAAGAA	GATTGTTATT	TAATGGAATA	TAGATATGAT	GATAATGCCA	550
CAAATGTTAA	GGCAATGAAA	TATTTAATTG	AGCATTACTT	TGATAATTTT	600
AAAGTAGATA	GTATTGAAAT	AATCGGTAGT	GGTTATGATA	GTGTGGCATA	650
TTAGTTAAT	AATGAATACA	TTTTTAAAAC	AAAATTTAGT	ACTAATAAGA	700
AAAAGGTTA	TGCAAAAGAA	AAAGCAATAT	ATAATTTTTT	AAATACAAAT	750
TTAGAAACTA	ATGTAAAAT	TCCTAATATT	GAATATTCGT	ATATTAGTGA	800
TGAATTATCT	ATACTAGGTT	ATAAAGAAAT	TAAAGGAACT	TTTTTAACAC	850
CAGAAATTTA	TTCTACTATG	TCAGAAGAAG	AACAAAATTT	GTAAAACGA	900
GATATTGCCA	GTTTTTTAAG	ACAAATGCAC	GGTTTAGATT	ATACAGATAT	950
TAGTGAATGT	ACTATTGATA	ATAAACAAAA	TGTATTAGAA	GAGTATATAT	1000
TGTTGCGTGA	AACTATTTAT	AATGATTTAA	CTGATATAGA	AAAAGATTAT	1050
ATAGAAAGTT	TTATGGAAAG	ACTAAATGCA	ACAACAGTTT	TTGAGGGTAA	1100
AAAGTGTTA	TGCCATAATG	ATTTTAGTTG	TAATCATCTA	TTGTTAGATG	1150
GCAATAATAG	ATTAAC TGGA	ATAATTGATT	TTGGAGATTC	TGGAATTATA	1200
GATGAATATT	GTGATTTTAT	ATACTTACTT	GAAGATAGTG	AAGAAGAAAT	1250
AGGAACAAAT	TTTGGAGAAG	ATATATTAAG	AATGTATGGA	AATATAGATA	1300
TTGAGAAAGC	AAAAGAATAT	CAAGATATAG	TTGAAGAATA	TTATCCTATT	1350
GAAACTATTG	TTTATGGAAT	TAAAAATATT	AAACAGGAAT	TTATCGAAAA	1400
TGGTAGAAAA	GAAATTTATA	AAAGGACTTA	TAAAGATTGA		1440

10

20

30

40

配列番号：175
 配列の長さ：660
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖
 トポロジー：直鎖状
 配列の種類：DNA
 配列

TTGAATTTAA	ACAATGACCA	TGGACCTGAT	CCCGAAAATA	TTTTACCGAT	50
AAAAGGGAAT	CGGAATCTTC	AATTTATAAA	ACCTACTATA	ACGAACGAAA	100
ACATTTTGGT	GGGGGAATAT	TCTTATTATG	ATAGTAAGCG	AGGAGAATCC	150
TTTGAAGATC	AAGTCTTATA	TCATTATGAA	GTGATTGGAG	ATAAGTTGAT	200
TATAGGAAGA	TTTTGTTCAA	TTGGTCCCGG	AACAACATTT	ATTATGAATG	250
GTGCAAACCA	TCGGATGGAT	GGATCAACAT	ATCCTTTTCA	TCTATTCAGG	300
ATGGGTTGGG	AGAAGTATAT	GCCTTCCTTA	AAAGATCTTC	CCTTGAAAGG	350
GGACATTGAA	ATTGGAAATG	ATGTATGGAT	AGGTAGAGAT	GTAACCATTA	400
TGCCTGGGGT	GAAAATGGG	GACGGGGCAA	TCATTGCTGC	AGAAGCTGTT	450
GTCACAAAGA	ATGTTGCTCC	CTATTCTATT	GTCGGTGGAA	ATCCCTTAAA	500
ATTTATAAGA	AAAAGGTTTT	CTGATGGAGT	TATCGAAGAA	TGGTTAGCTT	550
TACAATGGTG	GAATTTAGAT	ATGAAAATTA	TTAATGAAAA	TCTTCCCTTC	600
ATAATAAATG	GAGATATCGA	AATGCTGAAG	AGAAAAAGAA	AACTTCTAGA	650
TGACACTTGA					660

配列番号：176

配列の長さ：1569

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

10

20

ATGAAAATAA	TGTTAGAGGG	ACTTAATATA	AAACATTATG	TTCAAGATCG	50	
TTTATTGTTG	AACATAAATC	GCCTAAAGAT	TTATCAGAAT	GATCGTATTG	100	
GTTTAATTGG	TAAAAATGGA	AGTGGAAAAA	CAACGTTACT	TCACATATTA	150	
TATAAAAAAA	TTGTGCCTGA	AGAAGGTATT	GTAAAACAAT	TTTCACATTG	200	
TGAACTTATT	CCTCAATTGA	AGCTCATAGA	ATCAACTAAA	AGTGGTGGTG	250	
AAGTAACACG	AAACTATATT	CGGCAAGCGC	TTGATAAAAA	TCCAGAACTG	300	
CTATTAGCAG	ATGAACCAAC	AACTAACTTA	GATAATAACT	ATATAGAAAA	350	
ATTAGAACAG	GATTTAAAAA	ATTGGCATGG	AGCATTTATT	ATAGTTTCAC	400	10
ATGATCGCGC	TTTTTTAGAT	AACTTGTGTA	CTACTATATG	GGAAATTGAC	450	
GAGGGAAGAA	TAAGTGAATA	TAAGGGGAAT	TATAGTAACT	ATGTTGAACA	500	
AAAAGAATTA	GAAAGACATC	GAGAAGAATT	AGAATATGAA	AAATATGAAA	550	
AAGAAAAGAA	ACGATTGGAA	AAAGCTATAA	ATATAAAAGA	ACAGAAAGCT	600	
CAACGAGCAA	CTAAAAAACC	GAAAACTTA	AGTTTATCTG	AAGGCAAAAT	650	
AAAAGGAGCA	AAGCCATACT	TTGCAGGTAA	GCAAAGAAG	TTACGAAAAA	700	
CTGTAAAATC	TCTAGAAACC	AGACTAGAAA	AACTTGAAAG	CGTCGAAAAG	750	
AGAAACGAAC	TTCCTCCACT	TAAAATGGAT	TTAGTGAACT	TAGAAAGTGT	800	20
AAAAAATAGA	ACTATAATAC	GTGGTGAAGA	TGTCTCGGGT	ACAATTGAAG	850	
GACGGGTATT	GTGGAAAGCA	AAAAGTTTTA	GTATTTCGGG	AGGAGACAAG	900	
ATGGCAATTA	TCGGATCTAA	TGGTACAGGA	AAGACAACGT	TTATTAAAAA	950	
AATTGTGCAT	GGGAATCCTG	GTATTTTCATT	ATCGCCATCT	GTCAAAATCG	1000	
GTTATTTTAG	CCAAAAAATA	GATACATTAG	AATTAGATAA	GAGCATTTTA	1050	
GAAAATGTTT	AATCTTCTTC	ACAACAAAAT	GAAACTCTTA	TTCGAACTAT	1100	
TCTAGCTAGA	ATGCATTTTT	TTAGAGATGA	TGTTTATAAA	CCAATAAGTG	1150	
TCTTAAGTGG	TGGAGAGCGA	GTTAAAGTAG	CACTAACTAA	AGTATTCTTA	1200	30
AGTGAAGTTA	ATACGTTGGT	ACTAGATGAA	CCAACAACT	TTCTTGATAT	1250	
GGAAGCTATA	GAGGCGTTTG	AATCTTTGTT	AAAGGAATAT	AATGGCAGTA	1300	
TAATCTTTGT	ATCTCACGAT	CGTAAATTTA	TCGAAAAAGT	AGCCACTCGA	1350	
ATAATGACAA	TTGATAATAA	AGAAATAAAA	ATATTTGATG	GCACATATGA	1400	
ACAATTTAAA	CAAGCTGAAA	AGCCAACAAG	GAATATTTAA	GAAGATAAAA	1450	
AACTTTTACT	TGAGACAAAA	ATTACAGAAG	TACTCAGTCG	ATTGAGTATT	1500	
GAACCTTCGG	AAGAATTAGA	ACAAGAGTTT	CAAACTTAA	TAAATGAAAA	1550	
AAGAAATTTG	GATAAATAA				1569	40

配列番号：177

配列の長さ：1467

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：DNA

配列

ATGGAACAAT	ATACAATTAA	ATTTAACCAA	ATCAATCATA	AATTGACAGA	50
TTTACGATCA	CTTAACATCG	ATCATCTTTA	TGCTTACCAA	TTTGAAAAAA	100
TAGCACTTAT	TGGGGGTAAT	GGTACTGGTA	AAACCACATT	ACTAAATATG	150
ATTGCTCAAA	AAACAAAACC	AGAATCTGGA	ACAGTTGAAA	CGAATGGCGA	200
AATTCAATAT	TTTGAACAGC	TTAACATGGA	TGTGGAAAAT	GATTTTAACA	250
CGTTAGACGG	TAGTTTAATG	AGTGAACTCC	ATATACCTAT	GCATACAACC	300
GACAGTATGA	GTGGTGGTGA	AAAAGCAAAA	TATAAATTAC	GTAATGTCAT	350
ATCAAATTAT	AGTCCGATAT	TACTTTTAGA	TGAACCTACA	AATCACTTGG	400
ATAAAATTGG	TAAAGATTAT	CTGAATAATA	TTTTAAAATA	TTACTATGGT	450
ACTTTAATTA	TAGTAAGTCA	CGATAGAGCA	CTTATAGACC	AAATTGCTGA	500
CACAATTTGG	GATATACAAG	AAGATGGCAC	AATAAGAGTG	TTTAAAGGTA	550
ATTACACACA	GTATCAAAAT	CAATATGAAC	AAGAACAGTT	AGAACAACAA	600
CGTAAATATG	AACAGTATAT	AAGTGAAAAA	CAAAGATTGT	CCCAAGCCAG	650
TAAAGCTAAA	CGAAATCAAG	CGCAACAAAT	GGCACAAGCA	TCATCAAAAC	700
AAAAAAATAA	AAGTATAGCA	CCAGATCGTT	TAAGTGCATC	AAAAGAAAAA	750
GGCACGGTTG	AGAAGGCTGC	TCAAAAACAA	GCTAAGCATA	TTGAAAAAAG	800
AATGGAACAT	TTGGAAGAAG	TTGAAAAACC	ACAAAGTTAT	CATGAATTCA	850
ATTTTCCACA	AAATAAAATT	TATGATATCC	ATAATAATTA	TCCAATCATT	900
GCACAAAATC	TAACATTGGT	TAAAGGAAGT	CAAAAAGTGC	TAACACAAGT	950
ACGATTCCAA	ATACCATATG	GCAAAAATAT	AGCGCTCGTA	GGTGCAAATG	1000
GTGTAGGTAA	GACAACTTTA	CTTGAAGCTA	TTTACCACCA	AATAGAGGGA	1050
ATTGATTGTT	CTCCTAAAGT	GCAAATGGCA	TACTATCGTC	AACTTGCTTA	1100
TGAAGACATG	CGTGACGTTT	CATTATTGCA	ATATTTAATG	GATGAAACGG	1150
ATTCATCAGA	ATCATTCAGT	AGAGCTATTT	TAAATAACTT	GGGTTTAAAT	1200
GAAGCACTTG	AGCGTTCTTG	TAATGTTTTG	AGTGGTGGGG	AAAGAACGAA	1250
ATTATCGTTA	GCAGTATTAT	TTTCAACGAA	AGCGAATATG	TTAATTTTGG	1300
ATGAACCAAC	TAATTTTFTA	GATATFAAAA	CATTAGAAGC	ATTAGAAATG	1350
TTTATGAATA	AATATCCTGG	AATCATTTTG	TTTACATCAC	ATGATACAAG	1400
GTTTGTTAAA	CATGTATCAG	ATAAAAAATG	GGAATTAACA	GGACAATCTA	1450
TTCATGATAT	AACTTAA				1467

10

20

30

フロントページの続き

- (72)発明者 ウエレット, マルク
カナダ国、ケベック・ジエ・1・エス・2・イグレク・2、ケベック、カゾ・ストリート・975
- (72)発明者 ロワ, ポール・アシユ
カナダ国、ケベック・ジエ・2・アー・2・イクス・8、ロレットビル、シャルル・ガルニエ・ストリート・28

合議体

- 審判長 鶴飼 健
審判官 鈴木 恵理子
審判官 小暮 道明

- (56)参考文献 PCR Methods and Applications (Feb. 1994) Vol. 3
, No. 4, p. 65 - 75
Applied and Environmental Microbiology (1993
) Vol. 59, No. 5, p. 1473 - 1479

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

C12Q1/68
C12N15/11
MEDLINE
WPI
BIOSIS