



19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 345 243**

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

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Número de solicitud europea: **00925552 .2**

96 Fecha de presentación : **15.05.2000**

97 Número de publicación de la solicitud: **1179090**

97 Fecha de publicación de la solicitud: **13.02.2002**

54 Título: **Ensayos diagnósticos basados en sondas de ácidos nucleicos para organismos procariontas y eucariotas.**

30 Prioridad: **14.05.1999 PCT/IE99/00043**

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:  
**20.09.2010**

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:  
**20.09.2010**

73 Titular/es: **Enterprise Ireland (trading as  
BioResearch Ireland)  
Glasnevin  
Dublin 9, IE  
National University of Ireland, Galway**

72 Inventor/es: **Barry, Thomas, Gerard y  
Smith, Terence, James**

74 Agente: **Carpintero López, Mario**

**ES 2 345 243 T3**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

## DESCRIPCIÓN

Ensayos diagnósticos basados en sondas de ácidos nucleicos para organismos procariotas y eucariotas.

5 **Campo técnico**

La presente invención se refiere a la identificación de secuencias diana para su uso en ensayos de ácido nucleico para la detección e identificación de organismos procariotas y eucariotas.

10 **Antecedentes en la técnica**

El gen *ssrA*, que codifica un transcrito de ARN (ARNtm) pequeño, estable de alto número de copias, se encuentra en todas las bacterias y recientemente se ha identificado en cloroplastos y diatomeas. Tiene una doble función como una molécula de ARNt y de ARNm y está implicado en el rescate de los ARNm truncados que han perdido codones de terminación, facilitando la trans-traducción de péptidos truncados antes de la degradación de proteasa (Keiler, K.C. y col. (1996), *Science*, 271, 990-993). La exclusiva función de los ARNm ha llevado a los investigadores a analizar la relación de la estructura secundaria de estas moléculas con su función. Estos estudios se han centrado en la conservación de la estructura secundaria de los ARNm de diferentes microorganismos y en el significado evolutivo y la relevancia funcional de dicha conservación estructural. Los estudios se llevaron a cabo por Matveeva, O y col (1998), vol. 16, Nº. 13, 1374-1375 para investigar la unión de los oligonucleótidos a las moléculas de ARN usando ARNm como un modelo de ARN que contiene la estructura secundaria. Los estudios también se llevaron a cabo por Williams y col (RNA (1996), 2:1306 - 1310) y Williams *et al.* (Nucleic Acids Research, 1998, Vol. 26, Nº: 1) en la estructura y función del ARNm. Los estudios implicaron el alineamiento de las secuencias del gen del ARNm y el análisis de la homología de secuencia y la estructura secundaria del ARNm, así como la creación de una base de datos de 37 secuencias de ARNm para comprender mejor la estructura del ARNm y los aspectos inusuales de la trans-traducción. Los estudios no tenían como objetivo la identificación de los sitios del ARNm con el objetivo de diseñar oligonucleótidos antisentido con fines terapéuticos.

El número de dianas/sondas de ácidos nucleicos para diagnósticos bacterianos está actualmente limitado. Como tal, la necesidad de identificar y caracterizar nuevas dianas de ADN y ARN con fines de diagnóstico ahora se ve como una prioridad. Secuencias diana de ácido nucleico para el desarrollo de sondas pueden ser por ejemplo, plásmidos, genes de ARN ribosomal, regiones intergénicas, genes que codifican los factores de virulencia o fragmentos de ADN genómicos aleatorios. Además, se han descrito varias moléculas de ARN que se usan como dianas para la detección basada en ARN por ejemplo, ARN ribosomal y RNasa P.

La base de cualquier ensayo de sondas basado en el ácido nucleico es el requisito para secuencias bien caracterizadas de ácido nucleico que están presentes en todos los procariotas y eucariotas bajo estudio. Para la detección fiable de un organismo procariota o eucariota, las sondas de ácido nucleico usadas deben ser altamente específicas (es decir, no reaccionar en cruzado con ácidos nucleicos de otros organismos) y altamente sensibles (es decir, la mayoría o todas las cepas del organismo a detectar deben reaccionar con la sonda). Por lo tanto, las secuencias diana preferidas estarían presentes en todas las cepas del organismo de que se trate. Estas secuencias tendrían variabilidad significativa de secuencia para permitir la diferenciación de la especie de que se trate de otra estrechamente relacionada con la especie pero, por otra parte, tendría suficiente conservación de secuencia para permitir la detección de todas las cepas de la especie en cuestión. En general, la identificación exacta de una secuencia de ácido nucleico, que podría constituir la base de un ensayo de sonda específico de ácido nucleico, es tediosa, difícil e incierta. Hasta la fecha existen escasas estrategias generales que facilitarían el desarrollo de sondas de ácido nucleico para una amplia diversidad de microorganismos. Las secuencias de ácido nucleico que se han identificado como dianas potencialmente útiles para el desarrollo de sondas son, por ejemplo, los genes de ARNr y la región intergénica 16S/23S del ARNr.

La mayoría de los ensayos de sonda/diana de ácido nucleico se centran en el elevado número de copias de los ARN ribosomales (ARNr) y regiones espaciadoras 16S y 23S del ARNr (patente europea Nº: 0 395 292) de la célula bacteriana con fines de detección e identificación. Se han comercializado varios kits de diagnóstico bacteriano de éxito comercial basándose en estas sondas/dianas de ARNr para la detección de una diversidad de microorganismos. Estos incluyen una amplia variedad de kits de sonda comerciales basados en el gen 16S del ARNr comercializados por Genprobe Inc. San Diego California y en sondas de ADN basadas en la región espaciadora 16S/23S comercializados por Innogenetics N.V. Gante, Bélgica. Sin embargo, muchos de estos kits de diagnóstico tienen limitaciones, incluyendo la falta de sensibilidad debido al reducido número de copias de las secuencias diana y a la falta de especificidad debido a la identidad de secuencia entre organismos estrechamente relacionados en muchos casos.

Los procedimientos basados en ácido nucleico que podrían aplicarse directamente a muestras para dar una indicación de la viabilidad de cualquier microbio presente en ella serían de enorme trascendencia para aplicaciones en la alimentación, industriales, ambientales y médicas.

Una desventaja de los procedimientos basados en el ADN, es que no diferencian entre organismos vivos y muertos. Algunos estudios se han centrado sobre el uso del ARNr y ARNm como indicadores de viabilidad celular (Sheridan, G.E.C. y col (1998) *Applied and Environmental Microbiology*, 64, 1313-1318) Sin embargo, estas secuencias no son dianas satisfactorias ya que el ARNr y el ARNm pueden estar presentes en las células bacterianas hasta 48 horas después de la muerte de las células.

Con la llegada del formato de tipo micromatriz basado en ácido nucleico, que incorpora el control simultáneo de múltiples dianas de ácido nucleico, actualmente existe una clara necesidad para identificar y caracterizar nuevas secuencias de ácido nucleico para su uso como regiones de sondas y/o dianas para detectar e identificar células procariontas y eucariotas viables.

5

### Descripción de la invención

La invención proporciona el uso del gen *ssrA* o un fragmento del mismo constituido al menos por diez nucleótidos como una región diana en un ensayo de sonda de ácido nucleico para la detección e identificación de un organismo procarionta y eucariota.

10

Por lo tanto, la invención tiene aplicación en relación con todos los organismos distintos a virus.

No se ha descrito ningún otro ensayo de sonda de ácido nucleico que use regiones del gen *ssrA* como una región diana para detectar e identificar especies de procariontas y eucariotas con las consiguientes ventajas.

15

De acuerdo con una realización de la invención, como una región diana universal puede usarse un fragmento de la molécula del gen de *ssrA* correspondiente a una región de alta homología desde el extremo 5' de la molécula de ADN.

20

En una realización alternativa de la invención, un fragmento de la molécula de gen de *ssrA* correspondiente a una región de alta homología desde el extremo 3' de la molécula de ADN puede usarse como una región diana universal.

En una realización adicional de la invención de un fragmento de la molécula de gen de *ssrA* correspondiente a una región de baja homología puede usarse como una región diana en un ensayo de sonda de ácido nucleico para diferenciar entre especies.

25

En otra realización más de la invención un fragmento de la molécula del gen *ssrA* correspondiente a una región de baja homología puede usarse como una región diana para la generación de una sonda específica de género.

30

Como se describe en lo sucesivo en el presente documento las alineaciones de las secuencias de nucleótidos de las secuencias del gen *ssrA* de diferentes organismos muestran que las regiones 5' y 3' de estas moléculas demuestran un alto grado de homología y por lo tanto, son útiles como regiones diana universales. Los genes *ssrA* también demuestran un grado más significativo de variabilidad de secuencia de nucleótidos entre organismos estrechamente relacionados que cualquier otro ARN bacteriano de número de copias elevado. Estas regiones variables son dianas ideales en ensayos de ácido nucleico para diferenciar entre especies.

35

La invención también proporciona el uso del ARN<sub>tm</sub>, un transcrito del ARN del gen *ssrA*, o un fragmento del mismo constituido al menos por diez nucleótidos como una región diana en un ensayo de sonda de ácido nucleico para la detección e identificación de un organismo procarionta o eucariota.

40

De acuerdo con una realización de este aspecto de la invención, como una región diana universal puede usarse un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de alta homología desde el extremo 5' de la molécula de ARN<sub>tm</sub>.

45

De manera alternativa, como una región diana universal puede usarse un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de alta homología desde el extremo 3' de la molécula de ARN<sub>tm</sub> como una región diana universal.

50

De acuerdo con una realización adicional de este aspecto de la invención, como una región diana puede usarse un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de baja homología en un ensayo de sonda de ácido nucleico para diferenciar entre especies.

La sonda de ácido nucleico (ADN o ARN) de acuerdo con la invención típicamente está constituida al menos por 10 nucleótidos del transcrito del gen *ssrA* y/o ARN<sub>tm</sub> o su secuencia complementaria y se usa en un ensayo de hibridación de sonda de ácido nucleico para un organismo procarionta o eucariota. La hibridación de la sonda con su secuencia complementaria se revela típicamente marcando la sonda de ácido nucleico con un marcador radiactivo o no radiactivo (p. ej. colorimétrico o fluorimétrico).

55

En realizaciones preferidas dicho fragmento del gen *ssrA* o dicho fragmento del ARN<sub>tm</sub> puede usarse como base de un cebador que se usará en un procedimiento de amplificación.

60

De acuerdo con la invención, pueden usarse cebadores oligonucleotídicos universales dirigidos a las regiones 5' y 3' del gen de *ssrA* o a la secuencia de ARN<sub>tm</sub> para amplificar el gen *ssrA* o su ARN<sub>tm</sub> codificante a partir de una amplia diversidad de bacterias, facilitando la amplificación de una amplia variedad de organismos simultáneamente, al mismo tiempo que también permite la hibridación y la detección específica de la sonda de ácido nucleico.

65

## ES 2 345 243 T3

Preferentemente, el producto del procedimiento de amplificación se usa como una región diana en un ensayo de sonda de ácido nucleico.

Además, preferentemente, como una sonda en un ensayo de hibridación de ácidos nucleicos se usa un transcrito de ADNc o una molécula de ARNm.

Estos ensayos pueden llevarse a cabo *in situ* o *in vitro*.

La región diana como se define en el presente documento puede utilizarse como base de un ensayo para diferenciar entre organismos procariotas o eucariotas, vivos y muertos.

A diferencia del ARNr y del ARNm, que pueden estar presentes en las células bacterianas después de la muerte de las células, el ARNm se degrada rápidamente en organismos muertos. Por lo tanto, el ARNm puede ser una diana útil para diferenciar entre organismos procariotas o eucariotas, vivos y muertos, directamente por hibridación de sonda del ácido nucleico con ARN bacteriano aislado, o combinando la amplificación del ARN y la hibridación de sonda del ácido nucleico con el producto amplificado.

Preferiblemente, la región diana se usa en un formato de sonda múltiple para la detección a amplia escala y/o la identificación de organismos procariotas o eucariotas.

Una sonda del gen *ssrA* o una sonda del transcrito de ARNm de acuerdo con la invención pueden unirse a un sistema de chip génico de micromatriz para la detección de alto rendimiento a gran escala y la identificación de organismos procariotas o eucariotas.

También puede usarse una región diana de acuerdo con la invención como una sonda en un ensayo para detectar organismos procariotas o eucariotas en una muestra material.

Dicha muestra material puede incluir muestras biológicas tales como muestras de tejido de las vías respiratorias, del tracto uro-genital o del tracto gastrointestinal, o fluidos corporales tales como sangre y fracciones de sangre, esputo o líquido cefalorraquídeo.

De acuerdo con la invención, también puede realizarse un ensayo en muestras de alimentos, muestras ambientales, incluyendo muestras de aire, agua, muestras marinas y procedentes de suelo y muestras procedentes de animales y plantas.

De acuerdo con la invención también puede usarse un fragmento del gen *ssrA* o del transcrito de ARNm en un ensayo para obtener un perfil de ADN de un organismo procariota o eucariota y, por lo tanto, diferenciar entre cepas de la misma especie.

Los alineamientos de la secuencia de ácido nucleico han demostrado que la variación de la secuencia se produce en el gen *ssrA* y en el transcrito del ARNm dentro de las especies individuales. Esta variación de secuencia intra-especies puede usarse para diferenciar entre cepas de la misma especie para epidemiología, seguimiento de agentes infecciosos por ejemplo, en brotes, o para estudios de población.

Otras aplicaciones de la invención incluyen el uso del gen *ssrA*, el transcrito de ARNm o una secuencia de ADN complementaria correspondiente, o un fragmento de éstos, para diseñar un agente dirigido contra organismos infecciosos de procariotas o eucariotas con fines terapéuticos.

Estos agentes pueden incluir un ARNm antisentido u oligonucleótidos, ribozimas y péptidos antagónicos y son adecuados para su uso en cualquier tipo de afección médica.

Por lo tanto, la invención puede usarse para la detección de microorganismos viables sólo en muestras biológicas usando el ARNm diana. Por lo tanto, durante y después de cualquier tratamiento con fármacos de agentes anti-infecciosos, el ARNm diana puede usarse para controlar la eficacia de la terapia sobre esos agentes infecciosos específicos (por ejemplo, tratamientos antimicrobianos y/o antiparasitarios).

En una realización, la región diana se usa para controlar la eficacia de las terapias con fármacos contra agentes infecciosos.

En otra realización, la región diana se usa para controlar la viabilidad y el nivel de organismos que son beneficiosos para la salud en el tracto gastrointestinal.

Este aspecto de la invención se refiere, por ejemplo, a la introducción, en la flora intestinal, de organismos que son beneficiosos para la salud (probióticos) contenidos, por ejemplo, en el yogur u otros alimentos para mejorar la salud. Existe un interés y una necesidad de controlar continuamente la presencia y los niveles de estos organismos para garantizar su función continua en beneficio de la salud. La región del ARNm puede usarse como una diana para detectar organismos viables, por ejemplo en las heces, con objeto de controlar la presencia de organismos que son beneficiosos para la salud.

## ES 2 345 243 T3

En una realización adicional, el ensayo se usa para la cuantificación de organismos procariotas o eucariotas.

5 Cuando se usa la hibridación de sonda y/o la amplificación *in vitro* para detectar organismos en una muestra es posible determinar el número de organismos presentes, basándose en la intensidad de la señal. También pueden usarse procedimientos en tiempo real de amplificación *in vitro* para permitir la cuantificación de los organismos en una muestra. Por lo tanto, la capacidad para cuantificar el número de organismos en una muestra puede ser importante en situaciones clínicas para fines de tratamiento, por ejemplo para los tratamientos con antibióticos u otros o para controlar la eficacia del tratamiento.

10 Una aplicación aún más de la invención es el uso de una base de datos de secuencias de genes *ssrA* para identificar un organismo procariota o eucariota.

15 La invención proporciona una diversidad de sondas para las regiones homólogas 5' y 3' y las regiones variables de las secuencias del gen *ssrA* y del ARN<sup>tm</sup>, derivándose las sondas de estas secuencias o de secuencias complementarias de estas. Las secuencias representativas son las siguientes:

### *ssrA de Actinobacillus actinomycetemcomitans*

20 GGGGCTGATTCTGGATTTCGACGGGATTAGCGAAGCCCGAAGTGC  
ACGTCGAGGTGCGGTAGGCCTCGTAAATAAACC GCAAAAAATA  
25 GTCGCAAACGACGAACAATACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGC  
CTTTAGCCTTCGCTCCCCAGCTTCCGCTCGTAAGACGGGGATAAA  
30 GCGGAGTCAAACCAAACGAGATCGTGTGGAAGCCACCGTTTGA  
GGATCGAAGCATTAAATTAATCAAAGTAGCTTAATTGTCGCGT  
35 GTCCGTCAGCAGGATTAAGTGAATTTAAAGACCGGACTAAACGT  
GTAGTGCTAACGGCAGAGGAATTTCCGGACGGGGGTTCAACTCCC  
CCCAGCTCCACCA SEC ID N°: 1  
40

### *ARN<sup>tm</sup> de Actinobacillus actinomycetemcomitans*

45 GGGGCUGAUUCUGGAUUCGACGGGAUUAGCGAAGCCCGAAGU  
GCACGUCGAGGUGCGGUAGGCCUCGUAAAUAACCGCAAAAAA  
50 AUAGUCGCAAACGACGAACAUAACGCUUUAGCAGCUUAAUAAC  
CUGCCUUUAGCCUUCGCUCCCCAGCUUCCGCUCGUAAGACGGG  
55 GAUAAAGCGGAGUCAAAACCAAACGAGAUCGUGUGGAAGCCA  
CCGUUUGAGGAUCGAAGCAUUAUUAAAUCAAAGUAGCUUA  
60 AUUGUCGCGUGUCCGUCAGCAGGAUUAAGUGAAUUUAAAGAC  
CGGACUAAACGUGUAGUGCUAACGGCAGAGGAUUUUCGGACG  
65 GGGGUUCAACUCCCCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 2

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Aeromonas salmonicida*

5 AAGATTCACGAAACCCAAGGTGCATGCCGAGGTGCGGTAGGCCT  
CGTTAACAAACCGCAAAAAAATAGTCGCAAACGACGAAAATA  
10 CGCACTAGCAGCtAATAACCTGCATAGAGCCCTTCTACCCTAGC  
TTGCCTGTGTCCTAGGGAATCGGAAGGTCATCCTTCACAGGATC  
GTGTGGAAGTCCTGCTCGGGGCGGAAGCATTAAAACCAATCGAG  
15 CTAGTCAATTCGTGGCGTGTCTCTCCGCAGCGGGTTGGCGAATGT  
AAAGAGTGACTAAGCATGTAGTACCGAGGATGTAGTAATTTTGG  
20 ACGGGG SEC ID N°: 3

*Parcial, interna de ARNm de Aeromonas salmonicida*

25 AAGAUUCACGAAACCCAAGGUGCAUGCCGAGGUGCGGUAGGCC  
UCGUUAACAAACCGCAAAAAAUAGUCGCAAACGACGAAAACU  
30 ACGCACUAGCAGCUUAAUAACCUGCAUAGAGCCCUUCUACCCU  
AGCUUGCCUGUGUCCUAGGGAAUCGGAAGGUCAUCCUUCACAG  
GAUCGUGUGGAAGUCCUGCUCGGGGCGGAAGCAUJAAAACCA  
35 AUCGAGCUAGUCAAUUCGUGGGCGUGUCUCUCCGCAGCGGGUUG  
GCGAAUGUAAAGAGUGACUAAGCAUGUAGUACCGAGGAUGUA  
40 GUAAUUUUGGACGGGG SEC ID N°: 4

*ssrA de Alcaligenes eutrophus*

45 TGGGCCGACCTGGTTTTCGACGTGGTTACAAAGCAGTGAGGCATA  
CCGAGGACCCGTCACCTCGTTAATCAATGGAATGCAATAACTGC  
50 TAACGACGAACGTTACGCACTCGCTTAATTGCGGCCGTCCTCGC  
ACTGGCTCGCTGACGGGCTAGGGTCGCAAGACCACGCGAGGTAT  
55  
60 TTACGTCAGATAAGCTCCGGAAGGGTCACGAAGCCGGGGACGA  
AAACCTAGTGACTCGCCGTCGTAGAGCGTGTTTCGTCCGATGCGC  
CGGTAAATCAAATGACAGAACTAAGTATGTAGAACTCTCTGTG  
65 GAGGGCTTACGGACGCGGGTTCGATTCCCGCCGGCTCCACCA  
SEC ID N°: 5

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Alcaligenes eutrophus*

5 UGGGCCGACCUUGGUUUCGACGUGGUUACAAAGCAGUGAGGCA  
UACCGAGGACCCGUCACCUCGUUAAUCAAUUGGAAUGCAAUAAC  
10 UGCUAACGACGAACGUUACGCACUCGCUUAAUUGCGGCCGUCC  
UCGCACUGGCUCGCUGACGGGCUAGGGUCGCAAGACCACGCGA  
15 GGUAUUUACGUCAGAUAAAGCUCCGGAAGGGUCACGAAGCCGG  
GGACGAAAACCUAGUGACUCGCCGUCGUAGAGCGUGUUCGUCC  
GAUGCGCCGGUAAAUCAAAUGACAGAACUAAGUAUGUAGAA  
20 CUCUCUGUGGAGGGCUUACGGACGCGGGUUCGAUUCCCGCCGG  
CUCCACCA SEC ID N°: 6

25

*ssrA de Aquifex aeolicus*

30 GGGGGCGGAAAGGATTCGACGGGGACAGGCGGTCCCCGAGGAG  
CAGGCCGGGTGGCTCCCGTAACAGCCGCTAAACAGCTCCCGAA  
35 GCTGAACTCGCTCTCGCTGCCTAATTAAACGGCAGCGCGTCCCC  
GGTAGGTTTGCGGGTGGCCTACCGGAGGGCGTCAGAGACACCCG  
40 CTCGGGCTACTCGGTTCGCACGGGGCTGAGTAGCTGACACCTAAC  
CCGTGCTACCCTCGGGGAGCTTGCCCGTGGGCGACCCGAGGGGA  
45  
AATCCTGAACACGGGCTAAGCCTGTAGAGCCTCGGATGTGGCCG  
50 CCGTCCTCGGACGCGGGTTCGATTCCCGCCGCCTCCACCA  
SEC ID N°: 7

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Aquifex aeolicus*

5  
GGGGGCGGAAAGGAUUCGACGGGGACAGGCGGUCCCCGAGGA  
GCAGGCCGGGUGGCUCCCGUAACAGCCGCUAAAACAGCUCCCG  
AAGCUGAACUCGCUCUCGCUGCCUAAUUAACGGCAGCGCGUC  
10  
CCCGGUAGGUUUGCGGGUGGCCUACCGGAGGGCGUCAGAGACA  
CCCGCUCGGGCUACUCGGUCGCACGGGGCUGAGUAGCUGACAC  
15  
CUAACCCGUGCUACCCUCGGGGAGCUUGCCCGUGGGCGACCCG  
AGGGGAAAUCCUGAACACGGGCUAAGCCUGUAGAGCCUCGGAU  
20  
GUGGCCGCCGUCCUCGGACGCGGGUUCGAUCCCCGCCGCCUCC  
ACCA SEC ID N°: 8

25 *Parcial, interna de ssrA de Bacillus megaterium*

30  
AGGGTAGTTCGAGCTTAGGTTGCGAGTCGAGGAGATGGCCTCGT  
TAAAACATCAACGCCAATAATAACTGGCAAATCTAACAATAACT  
TCGCTTTAGCTGCATAATAGTAGCTTAGCGTTCCTCCCTCCATCG  
35  
CCCATGTGGTAGGGTAAGGGACTCACTTTAAGTGGGCTACGCCG  
GAGTTCGCCGTCTGAGGACGAAGGAAGAGAATAATCAGACTAG  
40  
CGACTGGGACGCCTGTTGGTAGGCAGAACAGCTCGCGAATGATC  
AATATGCCAACTACACTCGTAGACGCTTAAGTGGCCATATTTCTG  
45  
GACGTGG SEC ID N°: 9

*Parcial, interna de ARNtm de Bacillus megaterium*

50  
AGGGUAGUUCGAGCUUAGGUUUGCGAGUCGAGGAGAUGGCCUC  
GUUAAAACAUCAACGCCAAUAAUAAACUGGCAAUUCUAACAAU  
55  
AACUUCGCUUUAGCUGCAUAAUAGUAGCUUAGCGUCCUCCCU  
CCAUCGCCCAUGUGGUAGGGUAAGGGACUCACUUUAAGUGGGC  
60  
UACGCCGGAGUUCGCCGUCUGAGGACGAAGGAAGAGAAUAAU  
CAGACUAGCGACUGGGACGCCUGUUGGUAGGCAGAACAGCUCG  
CGAAUGAUCAAUAUGCCAACUACACUCGUAGACGCUUAAGUGG  
65  
CCAUAUUUCUGGACGUGG SEC ID N°: 10

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Bacillus subtilis*

5 GGGGACGTTACGGATTCGACAGGGATGGATCGAGCTTGAGCTGC  
GAGCCGAGAGGCGATCTCGTAAACACGC ACTTAAATATAACTGG  
10 CAAA ACTAACAGTTTTTAACCAAACGTAGCATTAGCTGCCTAAT  
AAGCGCAGCGAGCTCTTCCTGACATTGCCTATGTGTCTGTGAAG  
AGCACATCCAAGTAGGCTACGCTTGC GTTCCCGTCTGAGAACGT  
15 AAGAAGAGATGAACAGACTAGCTCTCGGAAGGCCCGCCCGCAG  
GCAAGAAGATGAGTGAAACCATAAATATGCAGGCTACGCTCGTA  
20 GACGCTTAAGTAATCGATGTTTCTGGACGTGGGTTCGACTCCCAC  
CGTCTCCACCA SEC ID N°: 11

25

*ARNtm de Bacillus subtilis*

30

GGGGACGUUACGGAUUCGACAGGGAUGGAUCGAGCUUGAGCU  
GCGAGCCGAGAGGCGAUCUCGUAAACACGCACUAAAUAUAAC  
35 UGGCAAACUAACAGUUUUAACCAAACCGUAGCAUUAGCUGCC  
UAAUAAGCGCAGCGAGCUCUUCUGACA UUGCCUAUGUGUCUG  
40 UGAAGAGCACAUCCAAGUAGGCUACGCUUGCGUUC CCGUCUGA  
GAACGUAAGAAGAGAUGAACAGACUAGCUCUCGGAAGGCCCGC  
45 CCGCAGGCAAGAAGAUGAGUGAAACCAUAAAUAUGCAGGCUA  
CGCUCGUAGACGCUUAAGUAAUCGAUGUUUCUGGACGUGGGU  
50 UCGACUCCCACCGUCUCCACCA SEC ID N°: 12

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Bordetella pertussis*

5 GGGGCCGATCCGGATTCGACGTGGGTCATGAAACAGCTCAGGGC  
ATGCCGAGCACCAGTAAGCTCGTTAATCCACTGGAACACTACAA  
10 ACGCCAACGACGAGCGTCTCGCTCTCGCCGCTTAAGCGGTGAGC  
CGCTGCACTGATCTGTCTTGGGTCAGGCGGGGGAAGGCAACTT  
CACAGGGGGCAACCCCGAACCGCAGCAGCGACATTCACAAGGA  
15 ATCGGCCACCGCTGGGGTCACACGGCGTTGGTTTAAATTACGTG  
AATCGCCCTGGTCCGGCCCGTCGATCGGCTAAGTCCAGGGTTAA  
20 ATCCAAATAGATCGACTAAGCATGTAGAACTGGTTGCGGAGGGC  
TTGCGGACGGGGGTTCAATTCCCCCGGCTCCACCA  
25 SEC ID N°: 13

30 *ARNtm de Bordetella pertussis*

35 GGGGCCGAUCCGGAUUCGACGUGGGUCAUGAACAGCUCAGGG  
CAUGCCGAGCACCAGUAAGCUCGUUAAUCCACUGGAACACUAC  
AAACGCCAACGACGAGCGUCUCGCUCUCGCCGCUUAAGCGGUG  
40 AGCCGCUGCACUGAUCUGUCCUUGGGUCAGGCGGGGGAAGGCA  
ACUUCACAGGGGGCAACCCCGAACCGCAGCAGCGACAUUCACA  
45 AGGAAUCGGCCACCGCUGGGGUCACACGGCGUUGGUUUAAAUU  
ACGUGAAUCGCCUGGUCCGGCCCGUCGAUCGGCUAAGUCCAG  
50 GGUUAAAUCCAAAUAGAUCGACUAAGCAUGUAGAACUGGUUG  
CGGAGGGCUUGCGGACGGGGGUUCAAUUCCCCCGGCUCCACC  
55 A SEC ID N°: 14

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Borrelia burgdorferi*

5 GGGGATGTTTTGGATTTGACTGAAAATGTTAATATTGTAAGTTGC  
AGGCAGAGGGAATCTCTTAAACTTCTAAAATAAATGCAAAAAA  
10 TAATAACTTTACAAGCTCAAATCTTGTAATGGCTGCTTAAGTTAG  
CAGAGGGTTTTGTTGAATTTGGCTTTGAGGTTCACTTATACTCTT  
15 TTCGACATCAAAGCTTGCTTAAAAATGTTTTCAAGTTGATTTTTA  
GGGACTTTTATACTTGAGAGCAATTTGGTGGTTTGCTAGTATTTT  
CAAACCATATTGCTTAATAAAAATACTAGATAAGCTTGTAGAAGC  
20 TTATAGTATTATTTTTAGGACGCGGGTTCAATTCCCGCCATCTCC  
ACCA SEC ID N°: 15

25

*ARNtm de Borrelia burgdorferi*

30

GGGGAUGUUUUGGAUUUGACUGAAAUGUUAUAUUGUAAGU  
35 UGCAGGCAGAGGGAUCUCUUA AAACUUCUAAAUA AAAUGCA  
AAAAUAUAACUUUACAAGCUCAAUCUUGUA AUGGCUGCU  
40 UAAGUUAGCAGAGGGUUUUGUUGAAUUUGGCUUUGAGGUUCA  
CUUAUACUCUUUUCGACAUCAAGCUUGCUUAAAAUGUUUU  
CAAGUUGAUUUUUAGGGACUUUUAUACUUGAGAGCAAUUUGG  
45 UGGUUUGCUAGUAUUUCCAACCAUAUUGCUUAAUAAAUAAC  
UAGAU AAGCUUGUAGAAGCUUAUAGUAUUAUUUUUAGGACGC  
50 GGGUUCAAUUCGCGCAUCUCCACCA SEC ID N°: 16

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Campylobacter jejuni*

5 GGGAGCGACTTGGCTTCGACAGGAGTAAGTCTGCTTAGATGGCA  
TGTCGCTTTGGGCAAAGCGTAAAAAGCCCAAATAAAATTAACG  
10 CAAACAACGTAAATTCGCTCCTGCTTACGCTAAAGCTGCGTAA  
GTTTCAGTTGAGCCTGAAATTTAAGTCATACTATCTAGCTTAATTT  
TCGGTCATTTTTGATAGTGTAGCCTTGCGTTTTGACAAGCGTTGAG  
15 GTGAAATAAAGTCTTAGCCTTGCTTTTGAGTTTTGGAAGATGAGC  
GAAGTAGGGTGAAGTAGTCATCTTTGCTAAGCATGTAGAGGTCT  
20 TTGTGGGATTATTTTTGGACAGGGGTTCGATTCCCCTCGCTTCCA  
CCA SEC ID N°: 17

25

*ARNtm de Campylobacter jejuni*

30 GGGAGCGACUUGGCUUCGACAGGAGUAAGUCUGCUUAGAUGG  
CAUGUCGCUUUGGGCAAAGCGUAAAAAGCCCAAUAAAAUUA  
35 AACGCAAACAACGUUAAAUUCGCUCCUGCUUACGCUAAAGCUG  
CGUAAGUUCAGUUGAGCCUGAAAUUUAAGUCAUACUAUCUAG  
40 CUUAAUUUUCGGUCAUUUUUGAUAGUGUAGCCUUGCGUUUGA  
CAAGCGUUGAGGUGAAAUAAAGUCUUAGCCUUGCUUUUGAGU  
45 UUUGGAAGAUGAGCGAAGUAGGGUGAAGUAGUCAUCUUUGCU  
AAGCAUGUAGAGGUCUUUGUGGGAUUAUUUUUGGACAGGGGU  
50 UCGAUUCCCCUCGCUUCCACCA SEC ID N°: 18

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Chlamydia trachomatis (D/UW-3/CX)*

5 GGGGGTGTAAGGTTTCGACTTAGAAATGAAGCGTTAATTGCAT  
GCGGAGGGCGTTGGCTGGCCTCCTAAAAAGCCGACAAAACAATA  
AATGCCGAACCTAAGGCTGAATGCGAAATTATCAGCTTCGCTGA  
10 TCTCGAAGATCTAAGAGTAGCTGCTTAATTAGCAAAGTTGTTACC  
TAAATACGGGTGACCCGGTGTTTCGCGAGCTCCACCAGAGGTTTT  
15 CGAAACACCGTCATGTATCTGGTTAGAACTTAGGTCCTTTAATTC  
TCGAGGAAATGAGTTTGAATTTAATGAGAGTCGTTAGTCTCTAT  
20 AGGGGTTTCTAGCTGAGGAGACATAACGTATAGTACCTAGGAAC  
TAAGCATGTAGAGGTTAGCGGGGAGTTTACTAAGGACGAGAGTT  
25 CGACTCTCTCCACCTCCACCA SEC ID N°: 19

30 *ARNtm de Chlamydia trachomatis (D/UW-3/CX)*

35 GGGGGUGUAAAGGUUUCGACUUAGAAAUGAAGCGUUAUUGC  
AUGCGGAGGGCGUUGGCUGGCCUCCUAAAAAGCCGACAAAACA  
AUAAAUGCCGAACCUAAGGCUGAAUGCGAAAUUAUCAGCUUC  
40 GCUGAUCUCGAAGAUCUAAGAGUAGCUGCUUAAUUAGCAAAG  
UUGUUACCUAAAUACGGGUGACCCGGUGUUCGCGAGCUCCACC  
45 AGAGGUUUUCGAAACACCGUCAUGUAUCUGGUUAGAACUUAG  
GUCCUUUAAUUCUCGAGGAAAUGAGUUUGAAAUUUAAUGAGA  
50 GUCGUUAGUCUCUAUAGGGGUUUCUAGCUGAGGAGACUAAC  
GUAUAGUACCUAGGAACUAAGCAUGUAGAGGUUAGCGGGGAG  
55 UUUACUAAGGACGAGAGUUCGACUCUCUCCACCUCACCA  
SEC ID N°: 20

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Chlamydia trachomatis (neumonitis murina)*

5 GGGGGTGTAAAGGTTTCGACTTAGAAATGAAGCGTTAATTGCAT  
GCGGAGGGCGTTGGCTGGCCTCCTAAAAAGCCGACAAAACAATA  
10 AATGCCGAACCTAAGGCTGAATGCGAAATTATCAGCTTCGCTGA  
TCTTAATGATCTAAGAGTTGCTGCTTAATTAGCAAAGTTGTTACC  
15 TAAGTACTGGTAACCCGGTGTTTCGCGAGCTCCACCAGAGGTTTTTC  
GAAACGCCGTCATTTATCTGGTTAGAATTAGGGCCTTTTAACTCT  
20 CAAGGGAACTAATTTGAATTTTAATGAGAGTCGTTGGTCTCTATA  
GAGGTTTCTAGCTGAGGAGATATAACGTAAAATATTCTAGAAAC  
TAAGCATGTAGAGGTTAGCGGGGAGTTTACTAAGGACGAGAGTT  
25 CGAATCTCTCCACCTCCACCA SEC ID N°: 21

30 *ARNtm de Chlamydia trachomatis (neumonitis murina)*

35 GGGGGUGUAAAGGUUUCGACUAGAAAUGAAGCGUAAAUUGC  
AUGCGGAGGGCGUUGGCUGGCCUCCUAAAAAGCCGACAAAACA  
40 AUAAAUGCCGAACCUAAGGCUGAAUGCGAAUUAUCAGCUUC  
GCUGAUCUUAUGAUCUAAGAGUUGCUGCUUAAUUAAGCAAAG  
UUGUUACCUAAGUACUGGUAACCCGGUGUUCGCGAGCUCCACC  
45 AGAGGUUUUCGAAACGCCGUCAUUUUAUCUGGUUAGAAUUAGG  
GCCUUUUAACUCUCAAGGGAACUAAUUUGAAUUUUAAUGAGA  
50 GUCGUUGGUCUCUAUAGAGGUUUCUAGCUGAGGAGAUUAAC  
GUAAAUAUUCUAGAAACUAAGCAUGUAGAGGUUAGCGGGGA  
55 GUUUACUAAGGACGAGAGUUCGAAUCUCUCCACCUCACCA  
SEC ID N°: 22

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Chlorobium tepidum*

5 GGGGATGACAGGCTATCGACAGGATAGGTGTGAGATGTCGTTGC  
ACTCCGAGTTTCAGCATGGACGGACTCGTTAAACAAGTCTATGT  
10 ACCAATAGATGCAGACGATTATTCGTATGCAATGGCTGCCTGAT  
TAGCACAAGTTAATTCAGAAGCCATCGTCCTGCGGTGAATGCGC  
T TACTCTGAAGCCGCCGGATGGCATAACCCGCGCTTGAGCCTAC  
15 GGGTTCGCGCAAGTAAGCTCCGTACATTCATGCCCGAGGGGGTG  
TGCGGGTAACCAATCGGGATAAGGGGACGAACGCTGCTGGCGGT  
20 GTAATCGGACCACGAAAACCAACCACCAGAGATGAGTGTGGT  
AACTGCATCGAGCAGTGTCCTGGACGCGGGTTCAAGTCCCGCCA  
25 TCTCCACCA SEC ID N°: 23

30 *ARNtm de Chlorobium tepidum*

35 GGGGAUGACAGGCUAUCGACAGGAUAGGUGUGAGAUGUCGUU  
GCACUCCGAGUUUCAGCAUGGACGGACUCGUUAAACAAGUCUA  
40 UGUACCAAUAGAUGCAGACGAUUAUUCGUAUGCAAUGGCUGC  
CUGAUUAGCACAAGUUAAUUCAGAAGCCAUCGUCCUGCGGUGA  
AUGCGCUUACUCUGAAGCCGCCGGAUGGCAUAACCCGCGCUUG  
45 AGCCUACGGGUUCGCGCAAGUAAGCUCCGUACAUAUGCCCG  
AGGGGGUGUGCGGGUAACCAAUCGGGAUAAGGGGACGAACGC  
50 UGCUGGCGGUGUAAUCGGACCACGAAAACCAACCACCAGAGA  
UGAGUGUGGUAAACUGCAUCGAGCAGUGUCCUGGACGCGGGUU  
55 CAAGUCCCGCCAUCUCCACCA SEC ID N°: 24

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Cyanophora paradoxa (alga)*

5 GGGGCTGTTTAGGTTTCGACGTTTTTTTCTAATTATGTTTGTTAAG  
CAAGTCGAGGATTTGTTCTATCTCGAAAATCAAGA ACTCTCAA  
10 ATTTAAACGCAACTAATATTGTACGTTTAAACCGTAAAGCAGCTT  
TCGCTGTTTAATAATTACTTTTAATTTAAAAACCTAATTTTTTTAG  
GAATTTATTTATTTATTGTTTATCCTGCTTAATGAATTAAAAAA  
15 GCTATACTTGTGAATAAACGCATAATTTAAAAAACGGACGTGG  
GTTCAAATCCCACCAGCTCCACCA SEC ID N°: 25

20 *ARNtm de Cyanophora paradoxa (alga)*

25 GGGGCUGUUUAGGUUUCGACGUUUUUUCUAAUUAUGUUUGU  
UAAGCAAGUCGAGGAUUUGUUCUAUCUCGAAAAUCAAGA ACU  
CUCAAAAUUUAAACGCAACUAAUAUUGUACGUUUUAACCGUA  
30 AAGCAGCUUUCGUGUUUAAUAAUACUUUUAAUUUAAAAAC  
CUAAUUUUUUAGGAAUUUAUUUAUUUAUUGUUUAUCCUGCU  
UAAUGAAUUAAAAAAGCUAUACUUGUGAAUAAACGCAUAAU  
35 UUAAAAAACGGACGUGGGUUCAAAUCCCACCAGCUCCACCA  
SEC ID N°: 26

40 *Parcial 3' de ssrA de Clostridium acetobutylicum*

45 AATCTGGCGTCGAGAGCGGGGAAACGAGCCTTACAAAGCTTTGA  
GTAAGGAACGGAATTTATGAAGCTACTGAAGTGAAAAGCTTGTT  
TGTAGGCGTTTCATGGAGGGAATGTTAAAATACAAACTGCACTC  
50 GGAGATGCTTAATGAAACCATTTTCGGACAGGGGTTTCGATTCCC  
CTCGCCTCCACCA SEC ID N°: 27

55 *Parcial 3' de ARNtm de Clostridium acetobutylicum*

60 AAUCUGGCGUCGAGAGCGGGGAAACGAGCCUUACAAAGCUUU  
GAGUAAGGAACGGAUUUAUGAAGCUACUGAAGUGAAAAGCU  
UGUUUGUAGGCGUUUCAUGGAGGGAAUGUUAAAAUACAAACU  
65 GCACUCGGAGAUGC UAAUGAAACCAUUUUCGGACAGGGGUU  
CGAUUCCCCUCGCCUCCACCA SEC ID N°: 28

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Deinococcus radiodurans*

5  
10  
15  
20  
GGGGGTGACCCGGTTTCGACAGGGGAACCTGAAGGTGATGTTGCG  
TGTCGAGGTGCCGTTGGCCTCGTAAACAAACGGCAAAGCCATTT  
AACTGGCAACCAGAACTACGCTCTCGCTGCTTAAGTGAGATGAC  
GACCGTGCAGCCCGGCCTTTGGCGTCGCGGAAGTCACTAAAAAA  
GAAGGCTAGCCCAGGCGATTCTCCATAGCCGACGGCGAAACTTT  
ATGGAGCTACGGCCTGCGAGAACCTGCCCACTGGTGAGCGCCGG  
CCCGACAATCAAACAGTGGGATACACACGTAGACGCACGCTGGA  
CGGACCTTTGGACGGCGGTTTCGACTCCGCCACCTCCACCA  
SEC ID N°: 29

*ARNtm de Deinococcus radiodurans*

25  
30  
35  
40  
45  
GGGGGUGACCCGGUUUCGACAGGGGAACUGAAGGUGAUGUUG  
CGUGUCGAGGUGCCGUUGGCCUCGUAAACAAACGGCAAAGCCA  
UUUAACUGGCAACCAGAACUACGCUCUCGCUGCUUAAGUGAGA  
UGACGACCGUGCAGCCCGGCCUUUGGCGUCGCGGAAGUCACUA  
AAAAAGAAGGCUAGCCCAGGCGAUUCUCCAUAGCCGACGGCGA  
AACUUUAUGGAGCUACGGCCUGCGAGAACCUGCCCACUGGUGA  
GCGCCGGCCCGACAAUCAAAACAGUGGGAUACACACGUAGACGC  
ACGCUGGACGGACCUUUGGACGGCGGUUCGACUCCGCCACCU  
CCACCA SEC ID N°: 30

*Parcial, interna de ssrA de Desulfovibrio desulfuricansI*

50  
55  
60  
65  
GGGACTGGAACCGTAGCGGCAGGTTCGAGGGCGCCGCTGGCCTCGT  
AAAAAGCGGCACAAAAGTAATTGCCAACAACGATTACGACTAC  
GCTTACGCTGCCTAATAACAGCGAGGCAATGACCGTTTAACGGT  
CGCGCCGATCAGGGCCATGCCTGATAACCCTGATTGGCGACACT  
TATCAGGCTGGCGAAAACCGGCTCTCGCCGGGGTTTTTCGCGAG  
GAGTTTACCGGCGGGATTGCTGCGTTGTGCCTGGTCAGGGGCCA  
ACAGCGCGGTGAAATACATACTTGACCTAAACCTGTAATGCTTC  
GTGTGGAATGTTCTCGGACGGGG SEC ID N°: 31

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Desulfovibrio desulfuricans*

5 GGGACUGGAACCGUAGCGGCAGGUCGAGGGCGCCGCUGGCCUCG  
UAAAAAGCGGCACAAAAGUAAUUGCCAACAACGAUUACGACU  
ACGCUUACGCUGCCUAAUAACAGCGAGGCAAUGACCGUUUAAC  
10 GGUCGCGCCGAUCAGGGCCAUGCCUGAUAACCCUGAUUGGGCGA  
CACUUAUCAGGCUGGCGAAAACCGGCUCUCGCCGGGGUUUUUC  
15 GCGAGGAGUUUACCGGCGGGAUUGCUGCGUUGUGCCUGGUCA  
GGGGCCAACAGCGCGGUGAAAUACAUACUUGACCUAAACCGU  
20 AAUGCUUCGUGUGGAAUGUUCUCGGACGGGG SEC ID N°: 32

25 *Parcial 3' de ssrA de Dichelobacter nodosus*

CTCGAGGTGCATGTCGAGAATGAGAGAATCTCGTTAAATACTTT  
30 CAAAATTATAGTTGCAAACGACGACAACACTACGCTTTAGCGGCT  
TAATCCCGCTTTCGCTTACCTAGATTTGTCTGTGGGTTTACCGTA  
AGCGACATTAACACAGAATCGCTGGTTAACGCGTCCGCTGTAA  
35 TCGGTAAATTAAGCGGAATCGCTTGTA AAAATGCCTGAGCGTTG  
GCTGTTTATGAGTTAAACCTAATTA ACTGCTCTAAACATGTAGTA  
40 CAAAAGTTAAGGATTCGCGGACGGGGGTTCAAATCCCCCGCC  
TCCACCA SEC ID N°: 33

45 *Parcial 3' de ARNm de Dichelobacter nodosus*

50 CUCGAGGUGCAUGUCGAGAAUGAGAGAAUCUCGUUAAAUACU  
UUCAAACUUAUAGUUGCAAACGACGACAACUACGCUUUAGCG  
55 GCUUAAUUCGCUUUCGCUUACCUAGAUUUGUCUGUGGGUUU  
ACCGUAAGCGACA UUAACACAGAAUCGCUUGGUUAACGCGUCCG  
60 CUGUUA AUCGGUUA AAUUAAGCGGAAUCGCUUGUAAA AUGCC  
UGAGCGUUGGCUGUUUAUGAGUUAA ACCUAAUUAACUGCUCU  
AAACAUGUAGUACCAAAGUUAAGGAUUCGCGGACGGGGGUU  
65 CAAAUCCCCCGCCUCCACCA SEC ID N°: 34

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Enterococcus faecalis*

5 GGGGGCGTTACGGATTCGACAGGCATAGTTGAGCTTGAATTGCG  
TTTCGTAGGTTACGGCTACGTAAAACGTTACAGTTAAATATAAC  
10 TGCTAAAAACGAAAACAATTCTTTCGCTTTAGCTGCCTAAAAAC  
CAGCTAGCGAAGATCCTCCCGGCATCGCCCATGTGCTCGGGTCA  
GGGTCCTAATCGAAGTGGGATACGCTAAATTTTTCCGTCTGTAAA  
15 ATTTAGAGGAGCTTACCAGACTAGCAATACAGAATGCCTGTCAC  
TCGGCACGCTGTAAAGCGAACCTTTAAATGAGTGTCTATGAACG  
20 TAGAGATTTAAGTGGCAATATGTTTGGACGCGGGTTCTGACTCCC  
GCCGTCTCCACCA SEC ID N°: 35

25

*ARNtm de Enterococcus faecalis*

30 GGGGGCGUUACGGAUUCGACAGGCAUAGUUGAGCUUGAAUUG  
CGUUUCGUAGGUUACGGCUACGUUAAAACGUUACAGUUAUU  
35 AUAACUGCUAAAAACGAAAACAAUUCUUUCGCUUUAGCUGCCU  
AAAAACCAGCUAGCGAAGAUCCUCCCGGCAUCGCCCAUGUGCU  
40 CGGGUCAGGGUCCUAAUCGAAGUGGGAUACGCUAAAUUUUUC  
CGUCUGUAAAAUUUAGAGGAGCUUACCAGACUAGCAAUACAG  
45 AAUGCCUGUCACUCGGCACGCUGUAAAGCGAACCUUUAAAUGA  
GUGUCUAUGAACGUAGAGAUUUAAGUGGCAAUAUGUUUGGAC  
50 GCGGGUUCGACUCCCGCCGUCUCCACCA SEC ID N°: 36

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Escherichia coli*

5 GGGGCTGATTCTGGATTTCGACGGGATTTGCGAAACCCAAGGTGC  
ATGCCGAGGGGCGGTTGGCCTCGTAAAAAGCCGCAAAAAATAGT  
10 CGCAAACGACGAAAACACTACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGCTT  
AGAGCCCTCTCTCCCTAGCCTCCGCTCTTAGGACGGGGATCAAG  
AGAGGTCAAACCCAAAAGAGATCGCGTGGAAGCCCTGCCTGGG  
15 GTTGAAGCGTTAAAACCTAATCAGGCTAGTTTGTTAGTGGCGTGT  
CCGTCCGCAGCTGGCAAGCGAATGTAAAGACTGACTAAGCATGT  
20 AGTACCGAGGATGTAGGAATTTCCGGACGCGGGTTCAACTCCCGC  
CAGCTCCACCA SEC ID N°: 37

25

*ARNtm de Escherichia coli*

30 GGGGCUGAUUCUGGAUUCGACGGGAUUUGCGAAACCCAAGGU  
GCAUGCCGAGGGGCGGUUGGCCUCGUAAAAAGCCGCAAAAAAU  
35 AGUCGCAAACGACGAAAACUACGCUUUAGCAGCUUAAUAACCU  
GCUUAGAGCCCUCUCUCCCUAGCCUCCGCUCUUAGGACGGGGA  
40 UCAAGAGAGGUCAAACCCAAAAGAGAU CGCGUGGAAGCCCUGC  
CUGGGGUUGAAGCGUAAAACUUAUCAGGCUAGUUUGUUAG  
45 UGGCGUGUCCGUCCGCAGCUGGCAAGCGAAUGUAAAGACUGAC  
UAAGCAUGUAGUACCGAGGAUGUAGGAAUUUCGGACGCGGGU  
50 UCAACUCCCGCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 38

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Haemophilus influenzae*

5 GGGGCTGATTCTGGATTTCGACGGGATTAGCGAAGCCCAAGGTGC  
ACGTCGAGGTGCGGTAGGCCTCGTAAATAAACCGCAAAAAATA  
10 GTCGCAAACGACGAACAATACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGC  
ATTTAGCCTTCGCGCTCCAGCTTCCGCTCGTAAGACGGGGATAAC  
GCGGAGTCAAACCAAACGAGATCGTGTGGAAGCCACCGTTTGA  
15 GGATCGAAGCACTAAATTGAATCAAACCTAGCTTAAGTTTAGCGT  
GTCTGTCCGCATGCTTAAGTGAAATTAAGACGAGACTAAACGT  
20 GTAGTACTGAAGGTAGAGTAATTTCCGGACGGGGGTTCAACTCCC  
CCCAGCTCCACCA SEC ID N°: 39

*ARNtm de Haemophilus influenzae*

25 GGGGCUGAUUCUGGAUUCGACGGGAUUAGCGAAGCCCAAGGU  
GCACGUCGAGGUGCGGUAGGCCUCGUAAAUAACCGCAAAAAA  
30 AUAGUCGAAACGACGAACAUAACGCUUUAGCAGCUUAAUAAAC  
CUGCAUUUAGCCUUCGCGCUCCAGCUUCCGCUCGUAAGACGGG  
35 GAUAACGCGGAGUCAAAACCAAACGAGAUCGUGUGGAAGCCAC  
CGUUUGAGGAUCGAAGCACUAAAUGAAUCAAAACUAGCUUAA  
40 GUUUAGCGUGUCUGUCCGCAUGCUUAAGUGAAAUAAGACG  
AGACUAAACGUGUAGUACUGAAGGUAGAGUAAUUUCGGACGG  
45 GGGUUCAACUCCCCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 40

*Parcial, interna de ssrA de Helicobacter pylori (ATCC 43504)*

50 AGATTTCTTGTCGCGCAGATAGCATGCCAAGCGCTGCTTGTA  
ACAGCAACAAAAATAACTGTAAACAACACAGATTACGCTCCAGC  
55 TTACGCTAAAGCTGCGTGAGTTAATCTCCTTTTGGAGCTGGACTG  
ATTAGAATTTCTAGCGTTTTAATCGCTCCATAACCTTAAGCTAGA  
60 CGCTTTTAAAAGGTGGTTCGCCTTTTAAACTAAGAAACAAGAAC  
TCTTGAAACTATCTTAAGGTTTTAGAAAGTTGGACCAGAGCTAGT  
TTTAAGGCTAAAAACTAACCAATTTTCTAAGCATTGTAGAAGTTT  
65 GTGTTTAGGGCAAGATTTTGGACTGGG SEC ID N°: 41

ES 2 345 243 T3

Parcial, interna de ARNm de *Helicobacter pylori* (ATCC 43504)

5 AGAUUUCUUGUCGCGCAGAUAGCAUGCCAAGCGCUGCUUGUAA  
AACAGCAACAAAAUAACUGUAAACAACACAGAUUACGCUCCA  
10 GCUUACGCUAAAGCUGCGUGAGUUAUCUCCUUUUGGAGCUG  
GACUGAUUAGAAUUUCUAGCGUUUUAUCGCUCCAUAACCUU  
AAGCUAGACGCUUUUAAAAGGUGGUUCGCCUUUUAAACUAAG  
15 AAACAAGAACUCUUGAAACUAUCUUAAGGUUUUAGAAAGUUG  
GACCAGAGCUAGUUUUAAGGCUAAAAACUAACCAAUUUUCUA  
20 AGCAUUGUAGAAGUUUGUGUUUAGGGCAAGAUUUUUGGACUG  
GG SEC ID N°: 42

25 *ssrA* de *Helicobacter pylori* (cepa 26695)

30 GGGGCTGACTTGGATTTTCGACAGATTTCTTGTCGCACAGATAGC  
ATGCCAAGCGCTGCTTGTA AACAGCAACAAAAATAACTGTAAA  
CAACACAGATTACGCTCCAGCTTACGCTAAAGCTGCGTGAGTTA  
35 ATCTCCTTTTGGAGCTGGACTGATTAGAATTTCTAGCGTTTTAAT  
CGCTCCATAACCTTAAGCTAGACGCTTTTAAAAGGTGGTTCGCCT  
40 TTAAACTAAGAAACAAGAACTCTTGAAACTATCTCAAGGTTTT  
AGAAAGTTGGACCAGAGCTAGTTTTAAGGCTAAAAACCAACCA  
45 ATTTTCTAAGCATTGTAGAAGTTTGTGTTTAGGGCAAGATTTTTG  
GACTGGGGTTCGATTCCCCACAGCTCCACCA SEC ID N°: 43

50 ARNm de *Helicobacter pylori* (cepa 26695)

55 GGGGCUGACUUGGAUUUCGACAGAUUUCUUGUCGCACAGAU  
GCAUGCCAAGCGCUGCUUGUAAAACAGCAACAAAAUAACUGU  
60 AAACAACACAGAUUACGCUCCAGCUUACGCUAAAGCUGCGUGA  
GUUAAUCUCCUUUUGGAGCUGGACUGAUUAGAAUUUCUAGCG  
UUUUAAUCGCUCCAUAACCUUAAGCUAGACGCUUUUAAAAGG  
65 UGGUUCGCCUUUUAAACUAAGAAACAAGAACUCUUGAAACUA

ES 2 345 243 T3

UCUCAAGGUUUUAGAAAGUUGGACCAGAGCUAGUUUUAAGGC  
UAAAAACCAACCAAUUUUCUAAGCAUUGUAGAAGUUUGUGU  
5 UUAGGGCAAGAUUUUUGGACUGGGGUUCGAUCCCCACAGCUC  
CACCA SEC ID N°: 44

10

*Parcial, interna de ssrA de Klebsiella aerogenes (NCTC 9528)*

15

GGGATTCGCGAAACCCAAGGTGCATGCCGAGGGGCGGTTGGCCT  
20 CGTAAAAAGCCGCAAAAAAATAGTCGCAAACGACGAAAACACTAC  
GCTTTAGCAGCTTAATAACCTGCTAAGAGCCCTCTCTCCCTAGCT  
TCCGCTCCTAAGACGGGGAATAAAGAGAGGTCAAACCCAAAAG  
25 AGATCGCGTGGAAGCCCTGCCTGGGGTTGAAGCGTTAAACTAA  
TCAGGCTAGTTTGTGTCAGTGGCGTGTCCGTCCGCAGCTGGCCAGC  
30 GAATGTAAAGACTGGACTAAGCATGTAGTGCCGAGGATGTAGGA  
ATTTC SEC ID N°: 45

35

*Parcial, interna de ARNm de Klebsiella aerogenes (NCTC 9528)*

40

GGGAUUCGCGAAACCCAAGGUGCAUGCCGAGGGGCGGUUGGCC  
45 UCGUAAAAGCCGCAAAAAAUAGUCGCAAACGACGAAAACU  
ACGCUUUAGCAGCUUAAUAACCUGCUAAGAGCCCUCUCUCCCU  
AGCUUCCGCUCCUAAGACGGGGAUAAGAGAGAGGUCAAACCCA  
50 AAAGAGAUCGCGUGGAAGCCCUGCCUGGGGUUGAAGCGUUA  
AACUAAUCAGGCUAGUUUGUCAGUGGCGUGUCCGUCCGCAGCU  
55 GGCCAGCGAAUGUAAAGACUGGACUAAGCAUGUAGUGCCGAG  
GAUGUAGGAAUUUC SEC ID N°: 46

60

65

ES 2 345 243 T3

Parcial, interna de *ssrA* de *Lactobacillus lactis* (NCTC 662)

5 AAGCACAGTTCGAGCTTGAATTGCGTTTCGTAGGTTACGTCTACG  
TTAAAACGTTACAGTTAAATATAACTGCTAAAAACGAAAACAAC  
10 TCTTACGCTTTAGCTGCCTAAAAACAGTTAGCGTAGATCCTCTCG  
GCATCGCCCATGTGCTCGAGTAAGGGTCTCAAATTTAGTGGGAT  
15 ACGTTAAACTTTTCCGTCTGTAAAGTTTAAAAGAGATCATCAGAC  
TAGCGATACAGAATGCCTGTCACTCGGCAAGCTGTAAAGCGAAA  
20 CCTCAAATGAGTTGACTATGAACGTAGATTTTTTAAGTGTCGATGT  
GTTT SEC ID N°: 47

Parcial, interna de *ARNm* de *Lactobacillus lactis* (NCTC 662)

25 AAGCACAGUUCGAGCUUGAAUUGCGUUUCGUAGGUUACGUCU  
ACGUUAAAACGUUACAGUUAAAUUAUACUGCUAAAACGAAA  
30 ACAACUCUACGCUUUAGCUGCCUAAAACAGUUAGCGUAGAU  
CCUCUCGGCAUCGCCCAUGUGCUCGAGUAAGGGUCUCAAAUUU  
35 AGUGGGAUACGUUAAACUUUUCGUCUGUAAAGUUUAAAAGA  
GAUCAUCAGACUAGCGAUACAGAAUGCCUGUCACUCGGCAAGC  
40 UGUAAAGCGAAACCUCAAAUGAGUUACUAUGAACGUAGAUU  
UUUAAGUGUCGAUGUGUUU SEC ID N°: 48

45 Parcial, interna de *ssrA* de *Legionella pneumophila*

GTGGGTTGCAAACCGGAAGTGTCATGCCGAGAAGGAGATCTCTC  
50 GTAAATAAGACTCAATTAAATATAAATGCAAACGATGAAAACCTT  
TGCTGGTGGGGAAGCTATCGCTGCCTAATAAGCACTTTAGTTAA  
55 ACCATCACTGTGTACTGGCCAATAAACCCAGTATCCCGTTCGACC  
GAGCCCGCTTATCGGTATCGAATCAACGGTCATAAGAGATAAGC  
60 TAGCGTCCTAATCTATCCCGGGTTATGGCGCGAAACTCAGGGAA  
TCGCTGTGTATCATCCTGCCCGTCGGAGGAGCCACAGTTAAATTC  
65 AAAAGACAAGGCTATGCATGTAGAGCTAAAGGCAGAGGACTTG  
CGGACGCGG SEC ID N°: 49

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Legionella pneumophila*

5 GUGGGUUGCAAACCGGAAGUGCAUGCCGAGAAGGAGAUCUC  
UCGUAAAUAAGACUCAAUUAAAUAUAAAUGCAAACGAUGAAA  
ACUUUGCUGGUGGGGAAGCUAUCGCUGCCUAAUAAGCACUUU  
10 AGUUAACCAUCACUGUGUACUGGCCAAUAAACCCAGUAUCCC  
GUUCGACCGAGCCCGCUUAUCGGUAUCGAAUCAACGGUCAUAA  
15 GAGAUAAAGCUAGCGUCCUAAUCUAUCCCCGGGUUAUGGCGCGAA  
ACUCAGGGAAUCGCUGUGUAUCAUCCUGCCCCGUCGGAGGAGCC  
20 ACAGUUA AAUUCAAAAGACAAGGCUAUGCAUGUAGAGCUAAA  
GGCAGAGGACUUGCGGACGCGG SEC ID N°: 50

*Parcial, interna de ssaA de Listeria grayi*

25 ACAGGGATAGGTCGAGCTTGAGTTGCGAGCCGGGGGGATCGGCC  
CGTCATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAACAAAACAAC  
30 AATTTAGCTTTCGCTGCCTAATAGCAGTCTGAATAGCTGATCCTC  
CGTGCATCACCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTTTTAAGTGG  
35 GTTACGCTGGCTTATCTCCGTCTGGGGCAAACGAGAAGAGCATA  
ATCAGACTAGCTAGATAGAGCCCTGACGCCGGGCAGACATCTAT  
40  
GCGAAATCCAAATACGGCAACTACGCTCGTAGATGCTCAAGTGC  
45 CGATATTTCTGG SEC ID N°: 51

*Parcial, interna de ARNm de Listeria grayi*

50 ACAGGGAUAGGUCGAGCUUGAGUUGCGAGCCGGGGGGGAUCGG  
CCCGUCAUCAACGUCAAAGCCAUAUAACUGGCAAACAAAAC  
55 AACAAUUUAGCUUUCGCUGCCUAAUAGCAGUCUGAAUAGCUG  
AUCCUCCGUGCAUCACCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACUU  
60 UUAAGUGGGUACGCUGGCUUAUCUCCGUCUGGGGCAAACGA  
GAAGAGCAUAAUCAGACUAGCUAGAUAGAGCCCUGACGCCGGG  
CAGACAUCUAUGCGAAAUCCAAUAACGGCAACUACGCUCGUAG  
65 AUGCUCAAGUGCCGAUAUUUCUGG SEC ID N°: 52

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Listeria innocua*

5 ACAGGGATAGTTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGGATCGTCC  
TCGTTATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAAACA  
10 AAACCTAGCTTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGTG  
15 GGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGAGGTTAAATAGAAGAGCTT  
AATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCTGATGTTTA  
20 TGCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTCAAGTG  
CCGATATTTCTGG SEC ID N°: 53

25 *Parcial, interna de ARNm de Listeria innocua*

ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGGAUCGU  
30 CCUCGUUAUCAACGUCAAAGCCAUAUAACUGGCAAAGAAAA  
ACAAAACCUAGCUUUCGUCGCCUAUAAGCAGUAGCAUAGCUG  
AUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACUC  
35 UAAGUGGGCUACACUAGUUAUUCUCCGUCUGAGGUUAAUAG  
AAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGG  
40 CUGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGACUACGCUCGUA  
GAUAUUAAGUGCCGAUAUUCUGG SEC ID N°: 54

45 *Parcial, interna de ssrA de Listeria monocytogenes (NCTC 7973)*

50 ACAGGGATAGTTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGGATCGTCC  
TCGTTATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAAACA  
55 AAACCTAGCTTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGTG  
GGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGGGGTTAAATAGAAGAGCTT  
60 AATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCCGATGTTTA  
TGCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTTAAGTG  
65 CCGATATTTCTGG SEC ID N°: 55

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Listeria monocytogenes (NCTC 7973)*

5 ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGAUCGU  
CCUCGUUAUCAACGUCAAAGCCAAUAAUAACUGGCAAAGAAAA  
10 ACAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCUG  
AUCCUCCGUGCAUCGCCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACUC

15 UAAGUGGGCUACACUAGUUAUUCUCCGUCUGGGGUUAAAUAG  
AAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGG  
20 CCGAUGUUUAUGCGAAAUGCUAAUACGGUGACUACGCUCGUA  
GAUAUUUAAGUGCCGAUAUUUCUGG SEC ID N°: 56

25

*Parcial, interna de ssrA de Listeria monocytogenes (NCTC 11994)*

30

CAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAAACAAAACCTAGCTTTC  
35 GCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCTCCGTGCATCGCC  
CATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGTGGGCTACACTAGTT  
40 AATCTCCGTCTGGGGTTAAATAGAAGAGCTTAATCAGACTAGCT  
GAATGGAAGCCTGTTACCGGGCCGATGTTTATGCGAAATGCTAA  
TACGGTGACTACGCTCGTAGATATTT SEC ID N°: 57

45

*Parcial, interna de ARNm de Listeria monocytogenes (NCTC 11994)*

50

CAAAGCCAAUAAUAACUGGCAAAGAAAAACAAAACCUAGCUU  
55 UCGCUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCUGAUCCUCCGUGCAUC  
GCCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACUCUAAGUGGGCUACAC  
60 UAGUUAUUCUCCGUCUGGGGUUAAAUAGAAGAGCUUAAUCAG  
ACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGGCCGAUGUUUAUGCG  
AAAUGC UAAUACGGUGACUACGCUCGUAGAUUUU  
65 SEC ID N°: 58

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Listeria murrayi*

ACAGGGATAGTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGATCGTCC  
5 TCGTTATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAACA

10 AAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGTG  
15 GGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGAGGTTAAATAGAAGAGCTT  
AATGAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCTGATGTTTA  
20 TCGGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTCAAGTG  
CCGATATTTCTGG SEC ID N°: 59

25 *Parcial, interna de ARNm de Listeria murrayi*

ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGGAUCGU  
30 CCUCGUUAUCAACGUCAAAGCCAAUAAUAACUGGCAAAGAAAA  
ACAAAACCUAGCUUUCGUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCUG  
35 AUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACUC  
UAAGUGGGCUACACUAGUUAUCUCCGUCUGAGGUUAAAUAG  
AAGAGCUUAAUGAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGG  
40 CUGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGACUACGCUCGUA  
GAUUAUCAAGUGCCGAUAUUUCUGG SEC ID N°: 60

45 *Parcial, interna de ssrA de Listeria welshimeri*

ACAGGGATAGTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGATCGTCC  
50 TCGTTATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAACA  
AAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
55 CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGTG  
GGCTACACTGGCTAATCTCCGTCTGAGGTTAGTTGGAAGAGCTT  
60 AATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCCGATGTTTA

65 TCGGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTTAAGTG  
CCGATATTTCTGG SEC ID N°: 61

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Listeria welshimeri*

5 ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGAUCGU  
CCUCGUUAUCAACGUCAAAGCCAAUAAUAAACUGGCAAAGAAAA  
10 ACAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCUG  
AUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACUC  
15 UAAGUGGGCUACACUGGCUAAUCUCCGUCUGAGGUUAGUUGG  
AAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGG  
20 CCGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGACUACGCUCGUA  
GAUAUUUAAGUGCCGAUAUUUCUGG SEC ID N°: 62

*Parcial, interna de ssrA de Marinobacter hydrocarbonoclasticus*

25 GCCGGTGACGAACCCTTGGGTGCATGCCGAGATGGCAGCGAATC  
TCGTAAATCCAAAGCTGCAACGTAATAGTCGCAAACGACGAAAA  
30 CTACGCACTGGCGGCGTAAGCCGTTCCAGTCGTCCTGGCTGAGG  
CGCCTATAACTCAGTAGCAACATCCCAGGACGTCATCGCTTATA  
35 GGCTGCTCCGTTACCAGAGCTCACTGGTGTTTCGGCTAAGATTAA  
AGAGCTCGCCTCTTGCACCCTGACCTTCGGGTCGCTTGAGGTTAA  
40 ATCAATAGAAGGACACTAAGCATGTAGACCTCAAGGCCTAGTGC  
TGGCGGACGCGG SEC ID N°: 63

*Parcial, interna de ARNm de Marinobacter hydrocarbonoclasticus*

50 GCCGGUGACGAACCCUUGGGUGCAUGCCGAGAUGGCAGCGAAU  
CUCGUAAAUCCAAAGCUGCAACGUAAUAGUCGCAAACGACGAA  
55 AACUACGCACUGGGCGGCGUAAGCCGUUCCAGUCGUCCUGGCUG  
AGGCGCCUAUAACUCAGUAGCAACAUCCCAGGACGUCAUCGCU  
60 UAUAGGCUGCUCCGUUCACCAGAGCUCACUGGUGUUCGGCUAA  
GAUUAAGAGCUCGCCUCUUGCACCCUGACCUUCGGGUCGCUU  
GAGGUUAAAUCAAUAGAAGGACACUAAGCAUGUAGACCUCAA  
65 GGCCUAGUGCUGGGCGGACGCGG SEC ID N°: 64

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium avium*

5 TTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAACTGA  
CCACCGTAAGCGTCGTTGCAAATAGATAAGCGCCGATTCACATC  
10 AGCGCGACTTACCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCTAGTCCGTCA  
GCCCGGGAACGCCCTCGACCCGGAGCCTGGCGTCAGCTAGAGGG  
15 ATCCACCGATGAGTTCGGTCGCGGGACTCATCGGGACACCAACA  
GCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTTGTTCGCGTGACCAGGAGAT  
20 CCGAGTAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAGG  
GAATGCCGTAGAACCCGGGTTCGATTCCCAA SEC ID N°: 65

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium avium*

25 UUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAACUG  
ACCACCGUAAGCGUCGUUGCAAUAGAUAAAGCGCCGAUUCACA  
30 UCAGCGCGACUUACCUCUCGUCGCCUAAGCGACAGCUAGUCCG  
UCAGCCCGGGAACGCCUCGACCCGGAGCCUGGCGUCAGCUAG  
35 AGGGAUCCACCGAUGAGUUCGGUCGCGGGACUCAUCGGGACAC  
CAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUUGUUCGCGUGACCA  
40 GGAGAUCCGAGUAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAGCC  
UUGAGGGAAUGCCGUAGAACCCGGGUUCGAUUCCTCAA  
45 SEC ID N°: 66

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium bovis*

50 TTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGAG  
ACCACCGTAAGCGTCGTTGCGACCAAATAAGCGCCGATTCACAT  
55 CAGCGCGACTACGTCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTAGTCTGTCA  
GACCGGGAACGCCCTCGGCCCGGACCCTGGCATCAGCTAGAGGG  
60 ATCCACCGATGAGTCCGGTCGCGGGACTCCTCGGGACAACCACA  
GCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTAGTTCGCGTGACCGGGAGAT  
65 CCGAGCAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAGG  
GAATGCCGTAGG SEC ID N°: 67

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium bovis*

5 UUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAGAG  
ACCACCGUAAGCGUCGUUGCGACCAAUAAGCGCCGAUUCACA  
10 UCAGCGCGACUACGUCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUAGUCUGU  
CAGACCGGGAACGCCUCGGCCCGGACCCUGGCAUCAGCUAGA  
GGGAUCCACCGAUGAGUCCGGUCGCGGGACUCCUCGGGACAAC  
15 CACAGCGACUGGGAUCGUCAUCUCGGCUAGUUCGCGUGACCGG  
GAGAUCCGAGCAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAGCCU  
20 UGAGGGAAUGCCGUAGG SEC ID N°: 68

*ssrA de Mycobacterium leprae*

25 GGGGCTGAAAGGTTTCGACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCG  
TGCCGGTGCAGGCAAGAGACCACCGTAAGCGTCGTTGCAGCAAT  
30 ATAAGCGCCGATTCATATCAGCGCGACTATGCTCTCGCTGCCTAA  
GCGATGGCTAGTCTGTCAGACCGGGAACGCCCTCGTCCCGGAGC  
CTGGCATCAGCTAGAGGGATCTACCGATGGGTTCGGTCGCGGGA  
35 CTCGTCGGGACACCAACCGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTAG  
TTCGCGTGATCAGGAGATCCGAGTAGAGGCATAGCGAACTACGC  
40 ACGGAGAAGCCTTGAGGGAAATGCCGTAGGACCCGGGTTCGATT  
CCCGGCAGCTCCACCA SEC ID N°: 69

45 *ARNm de Mycobacterium leprae*

50 GGGGCUGAAAGGUUUCGACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAG  
CGUGCCGGUGCAGGCAAGAGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAGC  
AAUAUAAGCGCCGAUUCAUAUCAGCGCGACUAUGCUCUCGCUG  
55 CCUAAGCGAUGGCUAGUCUGUCAGACCGGGAACGCCUCGUCC  
CGGAGCCUGGCAUCAGCUAGAGGGAUCUACCGAUGGGUUCGGU  
60 CGCGGGACUCGUCGGGACACCAACCGCGACUGGGAUCGUCAUC  
CUGGCUAGUUCGCGUGAUCAGGAGAUCCGAGUAGAGGCAUAG  
CGAACUACGCACGGAGAAGCCUUGAGGGAAAUGCCGUAGGACC  
65 CGGGUUCGAUUCGCGGACAGCUCCACCA SEC ID N°: 70

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium paratuberculosis*

5 TTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAACTGA  
| CCACCGTAAGCGTCGTTGCAAATAGATAAGCGCCGATTCACATC  
AGCGCGACTTACCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCTAGTCCGTCA  
10 GCCCGGGAACGCCCTCGACCCGGAGCCTGGCGTCAGCTAGAGGG  
ATCCACCGATGAGTTCGGTCGCGGGACTCATCGGGACACCAACA  
15 GCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTTGTTGCGGTGACCAGGAGAT  
CCGAGTAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAGG  
20 GAATGCCGTAGAACCCGGGTTCGATTCCCAA SEC ID N°: 71

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium paratuberculosis*

25 UUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAACUG  
ACCACCGUAAGCGUCGUUGCAAUAAGUAAGCGCCGAUUCACA  
30 UCAGCGCGACUUAACCUCUCGUGCCUAAGCGACAGCUAGUCCG  
UCAGCCCAGGGAACGCCUCGACCCGGAGCCUGGCGUCAGCUAG  
AGGGAUCCACCGAUGAGUUCGGUCGCGGGACUCAUCGGGACAC  
35 CAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUUGUUCGCGUGACCA  
GGAGAUCCGAGUAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAGCC  
40 UUGAGGGAAUGCCGUAGAACCCGGGUUCGAUUCCTCAA  
SEC ID N°: 72

45 *ssrA de Mycobacterium tuberculosis*

GGGGCTGAACGGTTTCGACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCG  
50 TGCCGGTGCAGGCAAGAGACCACCGTAAGCGTCGTTGCGACCAA  
ATAAGCGCCGATTCACATCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTA  
55 AGCGACGGCTAGTCTGTCAGACCGGGAACGCCCTCGGCCCGGAC  
CCTGGCATCAGCTAGAGGGATCCACCGATGAGTCCGGTCGCGGG  
60 ACTCCTCGGGACAACCACAGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTA  
GTTGCGGTGACCGGGAGATCCGAGCAGAGGCATAGCGAACTGCG  
CACGGAGAAGCCTTGAGGGAATGCCGTAGGACCCGGGTTCGATT  
65 CCCGGCAGCTCCACCA SEC ID N°: 73

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Mycobacterium tuberculosis*

5 GGGGCUGAACGGUUUCGACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGC  
GUGCCGGUGCAGGCAAGAGACCACCGUAAGCGUCGUUGCGACC  
10 AAAUAAGCGCCGAUUCACAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCGUC  
CUAAGCGACGGCUAGUCUGUCAGACCGGGAACGCCUCGGCCC  
GGACCCUGGCAUCAGCUAGAGGGAUCCACCGAUGAGUCCGGUC  
15 GCGGGACUCCUCGGGACAACCACAGCGACUGGGAUCGUCAUCU  
CGGCUAGUUCGCGUGACCGGGAGAUCCGAGCAGAGGCAUAGCG  
20 AACUGCGCACGGAGAAGCCUUGAGGGAAUGCCGUAGGACCCGG  
GUUCGAUUCCCGGCAGCUCCACCA SEC ID N°: 74

25

*ssrA de Mycoplasma capricolum*

30

GGGGATGTCATGGATTTGACAGGATATCTTTAGTACATATAAGC  
35 AGTAGTGTTGTAGACTATAAATACTACTAGGTTTAAAAAACGC  
AAATAAAAACGAAGAACTTTTGAAATGCCAGCATTATGATGA  
ATAATGCATCAGCTGGAGCAAACCTTTATGTTTGCTTAATAACTAC  
40 TAGTTTAGTTATAGTATTTACGAATTATAGATATTTTAAGCTTT  
ATTTATAACCGTATTACCCAAGCTTAATAGAATATATGATTGCAA  
45 TAAATATATTTGAAATCTAATTGCAAATGATATTTAACCTTTAGT  
TAATTTTAGTTAAATATTTTAATTAGAAAATTAACCTAAACTGTAG

50

AAAGTATGTATTAATATATCTTGGACGCGAGTTCGATTCTCGCCA  
55 TCTCCACCA SEC ID N°: 75

60

65

ES 2 345 243 T3

ARNtm de *Mycoplasma capricolum*

5 GGGGAUGUCAUGGAUUUGACAGGAUAUCUUUAGUACAUAUAA  
GCAGUAGUGUUGUAGACUAUAAAUAACUACUAGGUUUAAAAAA  
10 ACGCAAUAAAAACGAAGAAACUUUUGAAAUGCCAGCAUUUA  
UGAUGAAUAAUGCAUCAGCUGGAGCAAACUUUAUGUUUGCUU  
AAUAACUACUAGUUUAGUUUAUAGUAUUUCACGAAUUAUAGAU  
15 AUUUUAAGCUUUUUUUUAUAACCGUAUUACCCAAGCUUAAUAG  
AAUAUAUGAUUGCAAUAAAUAUAUUUGAAAUCUAAUUGCAA  
20 UGAUAUUUAACCUUUAGUUAAAUUUUAGUUAAAUAUUUUAAUU  
AGAAAUAACUAAACUGUAGAAAGUAUGUAUUAAUAUAUCU  
25 UGGACGCGAGUUCGAUUCUCGCCAUCUCCACCA SEC ID N°: 76

30 *ssrA* de *Mycoplasma genitalium* (ATTC 33530, N°:1)

35 GGGGATGTTTTGGGTTTGACATAATGCTGATAGACAAACAGTAG  
CATTGGGGTATGCCCTTACAGCGCTAGGTTCAATAACCGACAA  
40 AGAAAATAACGAAGTGTTGGTAGAACCAAATTTGATCATTAAACC  
ACAAGCAAGTGTTAACTTTGCTTTTGCATAAGTAGATACTAAA  
GCTACAGCTGGTGAATAGTCATAGTTTGCTAGCTGTCATAGTTTA  
45 TGACTCGAGGTTAAATCGTTCAATTTAACCTTTAAAAATAGAACT  
TGTTGTTTCCATGATTGTTTTGTGATCAATTGGAAACAAGACAAA  
50 AATCCACAAAACATAAAATGTAGAAGCTGTTTGTGTGTCCTTTAT  
GGAAACGGGTTTCGATTCCCGTCATCTCCACCA SEC ID N°: 77

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Mycoplasma genitalium (ATTC 33530, N°:1)*

5 GGGGAUGUUUUGGGUUUGACAUAUAUGCUGAUAGACAAACAGU  
AGCAUUGGGGUAUGCCCCUUACAGCGCUAGGUUCAUAACCGA  
10 CAAAGAAAUAACGAAGUGUUGGUAGAACCAAAUUUGAUCAU  
UAACCAACAAGCAAGUGUUAACUUUGCUUUUGCAUAAGUAGA  
15 UACUAAAGCUACAGCUGGUGAAUAGUCAUAGUUUGCUAGCUG  
UCAUAGUUUAUGACUCGAGGUUAAAUCGUUCAAUUUAACCUU  
UAAAAUAGAACUUGUUGUUUCAUGAUUGUUUUGUGAUCAA  
20 UUGGAAACAAGACAAAAAUCCACAAAACUAAAAUGUAGAAGC  
UGUUUGUUGUGUCCUUUAUGGAAACGGGUUCGAUUCCCGUCA  
25 UCUCACCA SEC ID N°: 78

30 *Parcial, interna de ARNtm de Mycoplasma genitalium (ATTC 33530, N°: 2)*

35 ACATAATGCTGATAGACAAACAGTAGCATTGGGGTATGCCCTT  
ACAGCGCTAGGTTCAATAACCGACAAAGAAAATAACGAAGTGTT  
40 GGTAGATCCAAATTTGATCATTAAACCAACAAGCAAGTGTTAACT  
TTGCTTTTGCATAAGTAGATACTAAAGCTACAGCTGGTGAATAGT  
CATAGTTTGCTAGCTGTCATAGTTTATGACTCGAGGTAAATCGT  
45 TCAATTTAACCTTTAAAAATAGAACTTGTTGTTTCCATGATTGTT  
TTGTGATCAATTGGAAACAAGACAAAATCCACAAAACATAAAT  
50 GTAGAAGCTGTTTGTGTGTCCTTTATGGAAACGGGGTTC  
SEC ID N°: 79

55

60

65

ES 2 345 243 T3

Parcial, interna de ARNm de *Mycoplasma genitalium* (ATTC 33530, N°: 2)

5 ACAUAAUGCUGAUAGACAAACAGUAGCAUUGGGGUAUGCCCC  
UUACAGCGCUAGGUUCAUAACCGACAAAGAAAUAACGAAG  
10 UGUUGGUAGAUCCAAAUUUGAUCAUUAACCAACAAGCAAGUG  
UUAACUUUGCUUUUGCAUAAGUAGAUACUAAAGCUACAGCUG  
15 GUGAAUAGUCAUAGUUUGCUAGCUGUCAUAGUUUAUGACUCG  
AGGUUAAAUCGUUCAAUUUAACCUUUA AAAAUAGAACUUGUU  
20 GUUCCAUGAUUGUUUUGUGAUCAAUUGGAAACAAGACAAAA  
AUCCACAAAACUAAAUGUAGAAGCUGUUUGUUGUGUCCUUU  
AUGGAAACGGGUUC SEC ID N°: 80

25

*ssrA* de *Mycoplasma pneumophila*

30 GGGGATGTAGAGGTTTTGACATAATGTTGAAAGGAAAACAGTTG  
CAGTGGGGTATGCCCCTTACAGCTCTAGGTATAATAACCGACAA  
35 AAATAACGACGAAGTTTTGGTAGATCCAATGTTGATCGCTAACC  
AACAGCAAGTATCAACTACGCTTTCGCTTAGAACATACTAAAG  
40 CTACACGAATTGAATCGCCATAGTTTGGTTCGTGTCACAGTTTAT  
GGCTCGGGGTAACTGGTTCAACTTAATCCTTAAATTATGAACTT  
45 ATCGTTTACTTGTGTTGTTATGATCTAAAGTAAGCGAGACATTA  
AAACATAAGACTAAACTGTAGAAGCTGTTTTACCAATCCTTTATG  
50 GAAACGGGTTCGATTCCCGTCATCTCCACCA SEC ID N°: 81

55 ARNm de *Mycoplasma pneumophila*

60 GGGGAUGUAGAGGUUUUGACAUAAUGUUGAAAGGAAAACAGU  
UGCAGUGGGGUAUGCCCCUACAGCUCUAGGUUAUAUAACCGA

65

ES 2 345 243 T3

CAAAAUAACGACGAAGUUUUGGUAGAUCCAAUGUUGAUCGC  
5 UAACCAACAAGCAAGUAUCAACUACGCUUUCGCUUAGAACAUA  
CUAAAGCUACACGAAUUGAAUCGCCAUAGUUUGGUUCGUGUC  
ACAGUUUAUGGCUCGGGGUUAACUGGUUCAACUAAUCCUUA  
10 AAUUAUGAACUUAUCGUUUACUUGUUUGUCUUAUGAUCUAAA  
GUAAGCGAGACAUUAAAACAUAAAGACUAAACUGUAGAAGCUG  
15 UUUUACCAAUCCUUUAUGGAAACGGGUUCGAUUCCCGUCAUCU  
CCACCA SEC ID N°: 82

*Parcial, interna de ssrA de Neisseria gonorrhoeae (ATCC 19424)*

25 GGGGGTTGCGAAGCAGATGCGGGCATAACCGGGGTCTCAGATTCC  
CGTAAACACTGAATTCAAATAGTCGCAAACGACGAACTTACG  
30 CTTTAGCCGCTTAAGGCTAGCCGTTGCAGCAGTCGGTCAATGGG  
CTGTGTGGCGAAAGCCACCGCAACGTCATCTTACATTGACTGGTT  
35 TCCAGCCGGGTTACTTGGCAGGAAATAAGACTTAAGGTAAGTGG  
TTTCCAAAAGGCCTGTTGGTCGGCATGATGGAAATAAGATTTTC  
40 AAATAGACACAACCTAAGTATGTAGAACGCTTTGTAGAGGACTTT  
CGGACGGGG SEC ID N°: 83

*Parcial, interna de ARNm de Neisseria gonorrhoeae (ATCC 19424)*

50 GGGGGUUGCGAAGCAGAUGCGGGCAUACCGGGGUCUCAGAUU  
CCCGUAAAACACUGAAUUCAAAUAGUCGCAAACGACGAAACUU  
55 ACGCUUUAGCCGCUUAAGGCUAGCCGUUGCAGCAGUCGGUCA  
UGGGCUGUGUGGCGAAAGCCACCGCAACGUCAUCUUACAUUGA  
60 CUGGUUUCAGCCGGGUACUUGGCAGGAAAUAAGACUUAAG  
GUAACUGGUUUCAAAAGGCCUGUUGGUCGGCAUGAUGGAAA  
65 UAAGAUUUUCAAAUAGACACAACUAAGUAUGUAGAACGCUUU  
GUAGAGGACUUUCGGACGGGG SEC ID N°: 84

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Neisseria gonorrhoeae (FA 1090)*

5 GGGGGCGACCTTGGTTTCGACGGGGGTTGCGAAGCAGATGCGGG  
CATAACGGGGTCTCAGATTCCCGTAAAACACTGAATTCAAATAG  
10 TCGCAAACGACGAAACTTACGCTTTAGCCGCTTAAGGCTAGCCG  
TTGCAGCAGTCGGTCAATGGGCTGTGTGGTGAAAGCCACCGCAA  
CGTCATCTTACATTGACTGGTTTCCAGCCGGGTTACTTGGCAGGA  
15 AATAAGACTTAAGGTA ACTGGTTTCCAAAAGGCCTGTTGGTCGG  
CATGATGGAAATAAGATTTTCAAATAGACACA ACTAAGTATGTA  
20 GAACGCTTTGTAGAGGACTTTCGGACGGGGGTTTCGATTCCCCC  
GCCTCCACCA SEC ID N°: 85

25

*ARNtm de Neisseria gonorrhoeae (FA 1090)*

30 GGGGGCGACCUUGGUUUCGACGGGGGUUGCGAAGCAGAUGCG  
GGCAUACCGGGGUCUCAGAUUCCCGUAAAACACUGAAUUCAAA  
35 UAGUCGCAAACGACGAAACUACGCUUUAGCCGCUUAAGGCUA  
GCCGUUGCAGCAGUCGGUCA AUGGGCUGUGUGGUGAAAGCCAC  
40 CGCAACGUCAUCUACAUUGACUGGUUUCAGCCGGGUUACU  
GGCAGGAAAUAAGACUUAAGGUAACUGGUUUCCAAAGGCCU  
45 GUUGGUCGGCAUGAUGGAAAUAAGAUUUUCAAUAGACACAA  
CUAAGUAUGUAGAACGCUUUGUAGAGGACUUCGGACGGGGG  
50 UUCGAUUCCCCCCGCCUCCACCA SEC ID N°: 86

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Neisseria meningitidis*

5 GGGGGCGACCTTGGTTTCGACGGGGGTTGCGAAGCAGATGCGGG  
CATAACGGGGTCTCAGATTCCCGTAAAACACTGAATTCAAATAG  
10 TCGCAAACGACGAAACTTACGCTTTAGCCGCTTAAGGCTAGCCG  
TTGCAGCAGTCGGTCAATGGGCTGTGTGGCGAAAGCCACCGCAA  
15 CGTCATCTTACATTGACTGGTTTCCTGCCGGGTTATTTGGCAGGA  
AATGAGATTTAAGGTAAGTGGTTTCCAAAAGGCCTGTTGGTCGG  
20 CATGATGGAAATAAGATTTTCAAATAGACACAATAAGTATGTA  
GAACGCTTTGTAGAGGACTTTCGGACGGGGGTTTCGATTCCCCC  
GCCTCCACCA SEC ID N°: 87

*ARNtm de Neisseria meningitidis*

30 GGGGGCGACCUUGGUUUCGACGGGGGUUGCGAAGCAGAUGCG  
GGCAUACCGGGGUCUCAGAUUCCCGUAAAACACUGAAUUCAAA  
35 UAGUCGCAAACGACGAAACUUACGCUUUAGCCGCUUAAGGCUA  
UAGUCGCAAACGACGAAACUUACGCUUUAGCCGCUUAAGGCUA  
40 GCCGUUGCAGCAGUCGGUCAUUGGGCUGUGUGGCGAAAGCCAC  
CGCAACGUCAUCUUACAUUGACUGGUUUCUGCCGGGUUAUUU  
GGCAGGAAAUGAGAUUUAAGGUAACUGGUUUCCAAAGGCCU  
45 GUUGGUCGGCAUGAUGGAAAUAAGAUUUUCAAAUAGACACAA  
CUAAGUAUGUAGAACGCUUUGUAGAGGACUUUCGGACGGGGG  
50 UUCGAUUCCCCCCGCCUCCACCA SEC ID N°: 88

*ssrA de Nostoc muscorum PCC7120*

60 GGGTCCGTCGGTTTCGACAGGTTGGCGAACGCTACTCTGTGATTC  
AGGTCGAGAGTGAGTCTCCTCTGCAAATCAAGGCTCAAACAAA

65

ES 2 345 243 T3

AGTAAATGCGAATAACATCGTTAAATTTGCTCGTAAGGACGCTC  
TAGTAGCTGCCTAAATAGCCTCTTTCAGGTTTCGAGCGTCTTCGGT  
5 TTGACTCCGTTAAGGACTGAAGACCAACCCCAACGGATGCTCT  
AGCAATGTTCTCTGGTTGGCTTGCTAGCTAAGATTTAATCAGAGC  
10 ATCCTACGTTTCGGGATAATGAACGATTCCCGCCTTGAGGGTCAG  
AAAGGCTAAACCTGTGAATGAGCGGGGGGTCAATACCCAATTTG  
15 GACAGCAGTTTCGACTCTGCTCGATCCACCA SEC ID N°: 89

*ARNtm de Nostoc muscorum PCC7120*

20 GGGUCCGUCGGUUUCGACAGGUUGGCGAACGCUACUCUGUGAU  
UCAGGUCGAGAGUGAGUCUCCUCUGCAAUAAGGCUCAAAAC  
25 AAAAGUAAAUGCGAAUAACAUCGUUAAAUUUGCUCGUAAGGA  
CGCUCUAGUAGCUGCCUAAAUAGCCUCUUCAGGUUCGAGCGU  
30 CUUCGGUUUGACUCCGUUAAGGACUGAAGACCAACCCCAACG  
GAUGCUCUAGCAAUGUUCUCUGGUUGGCUUGCUCUAGCUAAGAU  
35 UUAUCAGAGCAUCCUACGUUCGGGAUAAUGAACGAUUCCCGC  
CUUGAGGGUCAGAAAGGCUAAACCUGUGAAUGAGCGGGGGGU  
40 CAAUACCCAAUUUGGACAGCAGUUCGACUCUGCUCGAUCCACC  
A SEC ID N°: 90

45 *ssrA de cloroplasto de Odontella sinensis (diatomea)*

GGGGCTGACTTGGTTTTCGACATTTAAAAATTGTTACAGTATGATG  
50 CAGGTCGAAGTTTCTAATCTTCGTAAAAAAGAGAAATTTATAA  
TAAATGCTAATAATTTAATTTCTTCTGTGTTTAAAAGTTTATCAA  
55 CTAAGCAAATAGTTTAAATTTAAGTTTTGCTGTTTAAAGTTTTAT  
GCACATTTAATGATCTAGTAAATAACTTTGTTCGCTATAATTTAT  
60 ATTTATAACTAGACTTTTTGTCTTTTTTATAGTTTAGAATAACTTTA  
TCATTTCAAACCTCGTTCCATCTAGTTGAACTAACCTGTGAACG  
AATACTATAATAAAATTTTTAGATGGACGTGGGTTCGACTCCCAT  
65 CAGCTCCACCA SEC ID N°: 91

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de cloroplasto de Odontella sinensis (diatomea)*

5 GGGGCUGACUUGGUUUCGACAUUUAAAAAUUGUUACAGUAUG  
AUGCAGGUCGAAGUUUCUAAUCUUCGUAAAAAAGAGAAAUU  
10 UAUAUAUAUAUGCUAAUAUUUAUUUCUUCUGUGUUUAAAAG  
UUUAUCAACUAAGCAAAAUAGUUUAAAUUUAAGUUUUGCUGU  
15 UUAAGUUUUAUGCACAUUUAUGAUCUAGUAAAUAACUUUGU  
UCGCUAUAUUUAUAUUUAUAACUAGACUUUUGUCUUUUUUA  
20 UAGUUUAGAAUAACUUUAUCAUUUCAAAACCUCGUUCCAUCUA  
GUUGAACUAAACCUGUGAACGAAUACUAUAUAUUUUUUUA  
GAUGGACGUGGGUUCGACUCCCAUCAGCUCCACCA

25 SEC ID N°: 92

*ssrA de cloroplasto de Porphyra purpureum (alga roja)*

30 GGGGCTGCAAGGTTTCTACATTGTGAAAAACAAATATATGAAA  
GTAAAACGAGCTCATTATTAGAGCTTTTAGTTAAATAAATGCAG  
35 AAAATAATATTATTGCTTTTTCTCGAAAATTAGCTGTTGCATAAA  
TAGTCTCAATTTTTGTAATTCGAAGTGATAGACTCTTATACTA  
CGAATATTCTGTTAGAGTTGCTCTTAATAAAAGAAAAGTAAAAA  
40 AATACAAATTCTTATGTTTTTTACCTGAATTGATTCAATTTAAGG  
TTAGTATTTTTTGATTTTTTACAATGGACGTGGGTTCAAGTCCCAC  
45 CAGCTCCACCA SEC ID N°: 93

*ARNtm de cloroplasto de Porphyra purpureum (alga roja)*

50 GGGGCUGCAAGGUUUCUACAUUGUGAAAAACAAAUUAUUGA  
AAGUAAAACGAGCUCAUUUAUUAGAGCUUUUAGUUAAAUAUU  
55 GCAGAAAUAUAUUUAUUGCUUUUUCUCGAAAUAUAGCUGUU  
GCAUAAAUAAGUCUCAUUUUUGUAAUUCGAAGUGAUAGACUC  
60 UUAUACACUACGAAUAUUCUGUUAGAGUUGCUCUUAAUAAAA  
GAAAAGUAAAAAAUAACAAUUCUUAUGUUUUUUACCUGAAU  
UGAUUCAAUUUUAAGGUUAGUAUUUUUUGAUUUUUUACAAUGGA  
65 CGUGGGUUCAAGUCCCACCAGCUCCACCA SEC ID N°: 94

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Porphyromonas gingivalis*

5 GGGGCTGACCGGCTTTGACAGCGTGATGAAGCGGTATGTAAGCA  
TG TAGTGCGTGGGTGGCTTGC ACTATAATCTCAGACATCAA AAG  
10 TTTAATTGGCGAAAATAACTACGCTCTCGCTGCGTAATCGAAGA  
ATAGTAGATTAGACGCTTCATCGCCGCCAAAGTGGCAGCGACGA  
15 GACATCGCCCGAGCAGCTTTTTCCCGAAGTAGCTCGATGGTGCG  
GTGCTGACAAATCGGGAACCGCTACAGGATGCTTCCTGCCTGTG  
GTCAGATCGAACGGAAGATAAGGATCGTGCATTGGGTGCGTTTCA  
20 GCCTCCGCTCGCTCACGAAAATTCCA ACTGAAACTAAACATGTA  
GAAAGCATATTGATTCCATGTTTGGACGAGGGTTCAATTCCCTCC  
25 AGCTCCACCA SEC ID N°: 95

30 *ARNtm de Porphyromonas gingivalis*

35 GGGGCUGACCGGCUUUGACAGCGUGAUGAAGCGGUAUGUAAG  
CAUGUAGUGCGUGGGUGGCUUGCACUAUAAUCUCAGACAUCA  
40 AAAGUUUAAUUGGCGAAAUAACUACGCUCUCGCUGCGUAAU  
CGAAGAAUAGUAGAUUAGACGCUUCAUCGCCGCCAAAGUGGCA  
GCGACGAGACAUCGCCCGAGCAGCUUUUUCCCGAAGUAGCUCG  
45 AUGGUGCGGUGCUGACAAAUCGGGAACCGCUACAGGAUGCUUC  
CUGCCUGUGGUCAGAUCGAACGGAAGAUAAAGGAUCGUGCAUU  
50 GGGUCGUUUCAGCCUCCGCUCGCUCACGAAA AUCCAACUGAA  
ACUAAACAUGUAGAAAGCAUAUUGAUUCCAUGUUUGGACGAG  
55 GGUUCAAUUCCCUCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 96

60

65

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Proteus rettgeri (NCTC 10975)*

5 GGGATTTGCGAAACCCAAGGTGCATGCCGAGGGGCGGTTGGCCT  
CGTAAAAAGCCGCAAAAAAATAGTCGCAAACGACGAAAACACTAC  
GCTTTAGCAGCTTAATAACCTGCTTAGAGCCCTCTCTCCCTAGCC  
10 TCCGCTCTTGGACGGGGATCAAGAGAGGTCAAACCCAAAAGAG  
ATCGCGTGGATGCCTTGCCTGGGGTTGAAGCGTTAAACTTAATC  
15 AGGATAGTTTGTGGTGGCGTGTCTGTCCGCAGCTGGCAAATGA  
ATTCAAAGACTAGACTAAGCATGTAGTACCGAGGATGTAGAAAT  
20 TTC SEC ID N°: 97

*Parcial, interna de ARNm de Proteus rettgeri (NCTC 10975)*

25 GGGAUUUGCGAAACCCAAGGUGCAUGCCGAGGGGCGGUUGGCC  
UCGUAAAAAGCCGCAAAAAAUAGUCGCAAACGACGAAAACU  
30 ACGCUUUAGCAGCUUAAUAACCUGCUUAGAGCCCUCUCUCCCU  
AGCCUCCGCUCUUGGACGGGGAUCAAGAGAGGUCAAACCCAAA  
35 AGAGAUCGCGUGGAUGCCUUGCCUGGGGUUGAAGCGUUAAC  
UUAUCAGGAUAGUUUGUUGGUGGCGUGUCUGUCCGCAGCUG  
40 GCAAUUGAAUCAAAGACUAGACUAAGCAUGUAGUACCGAGG  
AUGUAGAAAUUUC SEC ID N°: 98

*Parcial, interna de ssrA de Pseudoalteromonas haloplanktoni*

50 GGAATTCAAGAAGCCCGAGGTGCATGTCGAGGTGCGGTTTGCCT  
CGTAAAAAGCCGCAATTTAAAGTAATCGCAAACGACGATAACT  
ACTCTCTAGCAGCTTAGGCTGGCTAGCGCTCCTTCCATGTATTCT  
55 TGTGGACTGGATTTTGGAGTGTACCCTAACACCTGATCGCGAC  
GGAAACCCTGGCCGGGGTTGAAGCGTTAAACTAAGCGGCCTCG  
60 CCTTTATCTACCGTGTTTGTCCGGGATTTAAAGGTTAATTAAATG  
ACAATACTAAACATGTAGTACCGACGGTTCGAGGCTTTTCGGACG  
65 GGG SEC ID N°: 99

ES 2 345 243 T3

Parcial, interna de ARNm de *Pseudoalteromonas haloplanktoni*

5 GGAAUUCAAGAAGCCCGAGGUGCAUGUCGAGGUGCGGUUUGC  
CUCGUAAAAAAGCCGCAAUUUAAAAGUAAUCGCAAACGACGAU  
AACUACUCUCUAGCAGCUUAGGCUGGCUAGCGCUCCUCCAUG  
10 UAUUCUUGUGGACUGGAUUUUGGAGUGUCACCCUAACACCUG  
AUCGCGACGGAAACCCUGGCCGGGGUUGAAGCGUUAAAACUAA  
15 GCGGCCUCGCCUUUAUCUACCGUGUUUGUCCGGGAUUUAAAGG  
  
20 UUAUUUAAAUGACAAUACUAAACAUGUAGUACCGACGGUCGA  
GGCUUUUCGGACGGGG SEC ID N°: 100

25

*ssrA* de *Pseudomonas aeruginosa*

30  
GGGGCCGATTAGGATTCGACGCCGGTAACAAAAGTTGAGGGGC  
35 ATGCCGAGTTGGTAGCAGAACTCGTAAATTCGCTGCTGCAA  
TATAGTTGCCAACGACGACAACTACGCTCTAGCTGCTTAATGCG  
40 GCTAGCAGTCGCTAGGGGATGCCTGTAAACCCGAAACGACTGTC  
AGATAGAACAGGATCGCCGCAAGTTCGCTGTAGACGTAACGGC  
TAAAACTCATAAGCTCGCTCCAAGCACCCCTGCCACTCGGGCGG  
45 CGCGGAGTTAACTCAGTAGAGCTGGCTAAGCATGTAAAACCGAT  
AGCGGAAAGCTGGCGGACGGGGGTTCAAATCCCCCGGTTCCAC  
50 CA SEC ID N°: 101

55

60

65

ES 2 345 243 T3

ARNtm de *Pseudomonas aeruginosa*

5 GGGGCCGAUUAGGAUUCGACGCCGGUAACAAAAGUUGAGGGG  
CAUGCCGAGUUGGUAGCAGAACUCGUAAAUUCGCUGCUGCAA  
10 CUUAUAGUUGCCAACGACGACAACUACGCUCUAGCUGCUAAU  
GCGGCUAGCAGUCGCUAGGGGAUGCCUGUAAACCCGAAACGAC  
UGUCAGAUAGAACAGGAUCGCCGCAAGUUCGCUGUAGACGUA  
15 ACGGCUAAAACUCAUACAGCUCGCUCCAAGCACCCUGCCACUC  
GGGCGGCGCGGAGUUAACUCAGUAGAGCUGGCCUAAGCAUGUA  
20 AAACCGAUAGCGGAAAGCUGGCGGACGGGGGUUCAAAUCCCC  
CGGUUCCACCA SEC ID N°: 102

25

*ssrA* de *Salmonella typhimurium*

30

GGGGCTGATTCTGGATTTCGACGGGATTTGCGAAACCCAAGGTGC  
35 ATGCCGAGGGGCGGTTGGCCTCGTAAAAAGCCGCAAAAAAATA  
GTCGCAAACGACGAAACCTACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGC  
TTAGAGCCCTCTCTCCCTAGCCTCCGCTCTTAGGACGGGGATCAA  
40 GAGAGGTCAAACCCAAAAGAGATCGCGCGGATGCCCTGCCTGG  
GGTTGAAGCGTTAAAACGAATCAGGCTAGTCTGGTAGTGGCGTG  
45 TCCGTCCGCAGGTGCCAGGCGAATGTAAAGACTGACTAAGCATG  
TAGTACCGAGGATGTAGGAATTTCCGGACGCGGGTTCAACTCCCG  
50 CCAGCTCCACCA SEC ID N°: 103

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Salmonella typhimurium*

5 GGGGCUGAUUCUGGAUUCGACGGGAUUUGCGAAACCCAAGGU  
GCAUGCCGAGGGGCGGUUGGCCUCGUAAAAAGCCGCAAAAAAA  
10 UAGUCGCAAACGACGAAACCUACGCUUUAGCAGCUUAAUAACC  
UGCUIAGAGCCCUCUCUCCCUAGCCUCCGCUCUUAGGACGGGG  
15 AUCAAGAGAGGUCAAACCCAAAAGAGAUCGCGCGGAUGCCCUG  
CCUGGGGUUGAAGCGUUAAAACGAAUCAGGCUAGUCUGGUAG  
20 UGGCGUGUCCGUCCGCAGGUGCCAGGCGAAUGUAAAGACUGAC  
UAAGCAUGUAGUACCGAGGAUGUAGGAAUUUCGGACGCGGGU  
UCAACUCCCGCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 104

25

*ssrA de Shewanella putrefaciens*

30 GGGGGCGATTCTGGATTCGACAGGATTCACGAAACCCTGGGAGC  
ATGCCGAGGGGCGGTTGGCCTCGTAAAAAGCCGCAAAGTTATAG  
35 TTGCAAACGACGATAACTACGCTCTAGCCGCTTAATGCCGCTAG  
CCATCTACCACACGCTTTGCACATGGGCAGTGGATTTGATGGTCA  
40 TCTCACATCGTGCTAGCGAGGGAACCCTGTCTGGGGGTGAACCG  
CGAAACAGTACCGGACTCACCGTGTGGGATCCTGTCTTTTCGGAG  
45 TTCAAACGGTTAAACAATAGAAAGACTAAGCATGTAGCGCCTTG  
GATGTAGGTTTTCTGGACGCGGGTTCAAGTCCCGCCGCCTCCACC  
50 A SEC ID N°: 105

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Shewanella putrefaciens*

5 GGGGGCGAUUCUGGAUUCGACAGGAUUCACGAAACCCUGGGA  
GCAUGCCGAGGGGCGGUUGGCCUCGUAAAAAGCCGCAAAGUUA  
10 UAGUUGCAAACGACGAUAACUACGCUCUAGCCGCUUAAUGCCG  
CUAGCCAUCUACCACACGCUUUGCACAUGGGCAGUGGAUUUGA  
UGGUCAUCUCACAUCGUGCUAGCGAGGGAACCCUGUCUGGGGG  
15 UGAACCGCGAAACAGUACCGGACUCACCGUGUGGGAUCCUGUC  
UUUCGGAGUUCAACGGUUAACAUAAGAAAGACUAAGCAUG  
20 UAGCGCCUUGGAUGUAGGUUUUCUGGACGCGGGUUCAAGUCCC  
GCCGCCUCCACCA SEC ID N°: 106

25

*ssrA de Staphylococcus aureus*

30

GGGGACGTTTCATGGATTTCGACAGGGGTCCCCCGAGCTCATTAAG  
CGTGTCGGAGGGTTGTCTTCGTCATCAACACACACAGTTTATAAT  
35 AACTGGCAAATCAAACAATAATTCGCAGTAGCTGCCTAATCGC  
ACTCTGCATCGCCTAACAGCATTTCCTATGTGCTGTTAACGCGAT  
40 TCAACCTTAATAGGATATGCTAAACACTGCCGTTTGAAGTCTGTT  
TAGAAGAAACTTAATCAAACACTAGCATCATGTTGGTTGTTTATCAC  
45 TTTTCATGATGCGAAACCTATCGATAAACTACACACGTAGAAAG  
ATGTGTATCAGGACCTTTGGACGCGGGTTCAAATCCCGCCGTCTC  
50 CACCA SEC ID N°: 107

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Staphylococcus aureus*

5 GGGGACGUUCAUGGAUUCGACAGGGGUCCCCCGAGCUCAUUA  
GCGUGUCGGAGGGUUGUCUUCGUCAUCAACACACACAGUUUAU  
10 AAUACUGGCAAUAACAUAUAAUUCGCAGUAGCUGCCUA  
AUCGCACUCUGCAUCGCCUAACAGCAUUUCCUAUGUGCUGUUA  
15 ACGCGAUUCAACCUUAAUAGGAUAUGC UAAACACUGCCGUUUG  
AAGUCUGUUUAGAAGAAACUUAUAACAACUAGCAUCAUGUUG  
20 GUUGUUUAUCACUUUUCAUGAUGCGAAACCUAUCGAUAAACU  
ACACACGUAGAAAGAUGUGUAUCAGGACCUUUGGACGCGGGU  
UCAAAUCCCGCCGUCUCCACCA SEC ID N°: 108

25

*ssrA de Streptococcus gordonii*

30 GGGGTCGTTACGGATTTCGACAGGCATTATGAGGCATATTTTGC  
35 ACTCATCTAGCGGATGTAAAACGCCAGTTAAATATAACTGCAA  
AAATAATACTTCTTACGCTTTAGCTGCCTAAAACCAGCGGGCG  
40 TGACCCGATTTCGGATTGCTTGTGTCTGATGACAGGTCTTATT  
AGCAAGCTACGGTAGAATCTTGTCTAGTGATTTTACAAGAGATT  
45 GATAGACTCGCTTGATTTGGGCTTGAGTTATGTGTCAAATCAAG  
TTAAAACAATACATAGCCTATGGTTGTAGACAAATGTGTTGGCA  
50 GATGTTTGGACGTGGGTTTCGACTCCCACCGGCTCCACCA SEC ID  
N°: 109

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Streptococcus gordonii*

5 GGGGUCGUUACGGAUUCGACAGGCAUUAUGAGGCAUUAUUUUG  
CGACUCAUCUAGCGGAUGUAAAACGCCAGUUAAAUAUAACUGC  
AAAAAAUAUAUCUUCUUACGCUUUAGCUGCCUAAAAACCAGCG  
10 GGCGUGACCCGAUUCGGAUUGCUUGUGUCUGAUGACAGGUCU  
UAUUUAUAGCAAGCUACGGUAGAAUCUUGUCUAGUGAUUUUA  
15 CAAGAGAUUGAUAGACUCGCUUGAUUUUGGGCUUGAGUUAUGU  
GUCAAAAUCAAGUUAAAACAAUACAUAAGCCUAUGGUUGUAGA  
20 CAAUGUGUUGGCAGAUGUUUGGACGUGGGUUCGACUCCCACC  
GGCUCCACCA SEC ID N°: 110

*ssrA de Streptococcus mutans*

25 GGGGTCGTTACGGATTCGACAGGCATTATGAGACCTATTTTGCG  
ACTCATCTAGCGGATGTAAAACGCCAGTTAAATATAACTGCAAA  
30 AAATACAAATTCTTACGCAGTAGCTGCCTAAAACCAGCCTGTG  
TGATCAATAACAAATTGCTTGTGTTTGTGATTGGTCTTATTGTTA  
35 ACAAGCTACGTTAGAACTGAGTCAGGCTGTTCTAAAAGAGTTCT  
ACTGACTCGCATCGTTAGAGTTTGAGTTATGTATTGTAACGGTGT  
40 TAAATAAACACATAACCTATAGTTGTAGACAAATGGGTTAGCAG  
ATGTTTGGACGTGGGTTCGACTCCCACCGGCTCCACCA  
45 SEC ID N°: 111

*ARNtm de Streptococcus mutans*

50 GGGGUCGUUACGGAUUCGACAGGCAUUAUGAGACCUAUUUUUG  
CGACUCAUCUAGCGGAUGUAAAACGCCAGUUAAAUAUAACUGC  
AAAAAAUACAAAUUCUUCGAGUAGCUGCCUAAAAACCAGCC  
55 UGUGUGAUCAAUAACAAAUUGCUUGUGUUUGUUGAUUGGUCU  
UAUUGUUAACAAGCUACGUUAGAACUGAGUCAGGCUGUUCUA  
60 AAAGAGUUCUACUGACUCGCAUCGUUAGAGUUUGAGUUAUGU  
AUUGUAACGGUGUAAAUAACACAUAACCUAUAGUUGUAGA  
65 CAAUGGGUUGAGCAGAUGUUUGGACGUGGGUUCGACUCCCACC  
GGCUCCACCA SEC ID N°: 112

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Streptococcus pneumoniae*

5 GGGGTCGTTACGGATTTCGACAGGCATTATGAGGCATATTTTGCG  
ACTCGTGTGGCGACGTAAACGCTCAGTTAAATATAACTGCAAAA  
10 AATAACACTTCTTACGCTCTAGCTGCCTAAAAACCAGCAGGCGT  
GACCCGATTTGGATTGCTCGTGTTCAATGACAGGTCTTATTATTA  
15 GCGAGATACGATTAAGCCTTGTCTAGCGGTTTGATAAGAGATTG  
ATAGACTCGCAGTTTCTAGACTTGAGTTATGTGTCGAGGGGCTGT  
20 TAAAATAATACATAACCTATGGTTGTAGACAAATATGTTGGCAG  
GTGTTTGGACGTGGGTTCGACTCCCACCGGCTCCACCA

SEC ID N°: 113

25

*ARNtm de Streptococcus pneumoniae*

30 GGGGUCGUUACGGAUUCGACAGGCAUUAUGAGGCAUAUUUUG  
CGACUCGUGUGGCGACGUAAACGCUCAGUUAAAUAUAACUGCA  
35 AAAAAUAACACUUCUACGCUCUAGCUGCCUAAAAACCAGCAG  
GCGUGACCCGAUUUGGAUUGCUCGUGUUCAAUGACAGGUCUU  
40 AUUAUUAGCGAGAUACGAUUAAGCCUUGUCUAGCGGUUUGAU  
AAGAGAUUGAUAGACUCGCAGUUUCUAGACUUGAGUUAUGUG  
45 UCGAGGGGCUGUUAAAUAUAACAUAACCUAUGGUUGUAGAC  
AAAUAUGUUGGCAGGUGUUUGGACGUGGGUUCGACUCCCACC  
50 GGCUCCACCA SEC ID N°: 114

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Streptococcus pyogenes*

5 GGGGTTGTTACGGATTCGACAGGCATTATGAGGCATGTTTTGCGT  
CCCATCGGCAGATGTAAATTGCCAGTTAAATATAACTGCAAAAA  
10 ATACAAACTCTTACGCTTTAGCTGCCTAAAAACCAGCTAGCGTG  
ACTTCTACAAGATTGCTTGTGTCCTGTTAGAAGTCTCAAATAGC  
AAGCTACGGTTACGAAATTGTCTAGTTTCGTGACAAGAGATTGA  
15 TAGACTCGCAAATAATGGCTTGAGTTATGTGTCTTTAGTTTGT  
AAATGAAGACATAACCTATGGACGTAGACAAATATGTTGGCAGG  
20 TGTTTGGACGTGGGTTCGACTCCCACCAGCTCCACCA

SEC ID N°: 115

25

*ARNtm de Streptococcus pyogenes*

30

GGGGUUGUUACGGAUUCGACAGGCAUUAUGAGGCAUGUUUUG  
CGUCCCAUCGGCAGAUGUAAAUUGCCAGUUAAAUAUAACUGCA  
35 AAAAAUACAAACUCUUACGCUUUAGCUGCCUAAAACCAGCUA  
GCGUGACUUCUACAAGAUGCUUGUGUCCUGUUAGAAGUCUC  
40 AAAAUAGCAAGCUACGGUUACGAAAUUGUCUAGUUUCGUGAC  
AAGAGAUUGAUAGACUCGCAAACUAAUGGCUUGAGUUAUGUG  
45 UCUUUAGUUUGUUAAAUGAAGACAUAAACCUAUGGACGUAGAC  
AAAUAUGUUGGCAGGUGUUUGGACGUGGGUUCGACUCCCACC  
50 AGCUCCACCA SEC ID N°: 116

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Synechococcus sp. PCC6301*

5 GGGGCTGTAATGGTTTCGACGTGTTGGTGAATCCTTCACCGTGAT  
TCAGGCCGAGAGGGAGTCCACTCTCGTAAATCCAGGCTCAACCA  
10 AAAGTAACTGCGAACAACATCGTTCCTTTTCGCTCGTAAAGGCTGCTCC  
TGTAGCTGCTTAAACGCCACAAACTTTCTGGCTCGAGCGTCTAGTCG  
TAGACTCCGTTAATACGCCTAGACTTAAACCCCAACGGATGCT  
15 CGAGTGGCGGCCTCAGGTCCGTCCTCTCGCTAAGCAAAAACCTG  
AGCATCCCGCCAACGGGGATAATCGTTGGCTCCCGCACAGTGGG  
20 TCAACCGTGCTAAGCCTGTGAACGAGCGGAAAGTTACTAGTCAA  
TGCGGACAGCGGTTTCGATTCCGCTCAGCTCCACCA  
25 SEC ID N°: 117

30 *ARNtm de Synechococcus sp. PCC6301*

35 GGGGCUGUAAUGGUUUCGACGUGUUGGUGAAUCCUUCACCGU  
GAUUCAGGCCGAGAGGGAGUCCACUCUCGUAAAUCCAGGCUCA  
40 ACCAAAAGUAAACUGCGAACAACAUCGUUCCUUCGCUCGUAAG  
GCUGCUCCUGUAGCUGCUUAAACGCCACAAACUUCUGGCUCG  
AGCGUCUAGUCGUAGACUCCGUUAAUACGCCUAGACUUAACC  
45 CCCAACGGAUGCUCGAGUGGCGGCCUCAGGUCCGUCCUCUCGC  
UAAGCAAAAACCUAGAGCAUCCCGCCAACGGGGAUAAUCGUUGG  
50 CUCCCGCACAGUGGGUCAACCGUGCUAAGCCUGUGAACGAGCG  
GAAAGUACUAGUCA AUGCGGACAGCGGUUCGAUUCCGCUCAG  
55 CUCCACCA SEC ID N°: 118

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Synechocystis sp. PCC6803*

5 GGGGCCGCAATGGTTTCGACAGGTTGGCGAAAGCTTGCCCGTGA  
TACAGGTTCGAGAGTGAGTCTCCTCTCGCAAATCAAAGGCTCAAA  
10 AAAAAGTAACTGCGAATAACATCGTCAGCTTCAAACGGGTAGCC  
ATAGCAGCCTAGTCTGTAAAAGCTACATTTTCTTGTCAAAGACCG  
15 TTTACTTCTTTTCTGACTCCGTTAAGGATTAGAGGTTAACCCCAA  
CGGATGCTTTGTTTGGCTCTTCTCTAGTTAGCTAAACAATCAAGA  
CTCAGACTAGAGCATCCCACCATCAGGGATAATCGATGGTCCCC  
20 GTCCTAGGGCTAGAAGGACTAAACCTGTGAATGAGCGGAAAGTT  
AATACCCAGTTTGGACAGCAGTTCAATTCTGCTCGGCTCCACCA  
25 SEC ID N°: 119

30 *ARNtm de Synechocystis sp. PCC6803*

35 GGGGCCGCAAUGGUUUCGACAGGUUGGCGAAAGCUUGCCCGUG  
AUACAGGUCGAGAGUGAGUCUCCUCUCGCAAUAACAAGGCUCA  
40 AAAAAAAGUAACUGCGAAUAACAUCGUCAGCUUCAACGGGU  
AGCCAUAGCAGCCUAGUCUGUAAAAGCUACAUUUUCUUGUCA  
AGACCGUUUACUUCUUUUCUGACUCCGUUAAGGAUUAGAGGU  
45 UAACCCCAACGGAUGCUUUGUUUGGCUCUUCUCUAGUUAGCUA  
AACAAUCAAGACUCAGACUAGAGCAUCCCACCAUCAGGGAUAA  
50 UCGAUGGUCCCCGUCCUAGGGCUAGAAGGACUAAACCUUGUGAA  
UGAGCGGAAAGUUAUACCCAGUUUGGACAGCAGUUCAAUUC  
55 UGCUCGGCUCCACCA SEC ID N°: 120

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Thermotoga maritima*

5 GGGGGCGAACGGGTTCGACGGGGATGGAGTCCCCTGGGAAGCG  
AGCCGAGGTCCCCACCTCCTCGTAAAAAAGGTGGGACAAAGAAT  
10 AAGTGCCAACGAACCTGTTGCTGTTGCCGCTTAATAGATAAGCG  
GCCGTCCTCTCCGAAGTTGGCTGGGCTTCGGAAGAGGGCGTGAG  
AGATCCAGCCTACCGATTGAGCTTCGCCTTCCGGCCTGAATCGGG  
15 AAAACTCAGGAAGGCTGTGGGAGAGGACACCCTGCCCGTGGGA  
GGTCCCTCCCGAGAGCGAAAACACGGGCTGCGCTCGGAGAAGCC  
20 CAGGGGCCTCCATCTTCGGACGGGGGTTCGAATCCCCCGCCTC  
CACCA SEC ID N°: 121

25

*ARNtm de Thermotoga maritima*

30 GGGGGCGAACGGGUUCGACGGGGGAUGGAGUCCCCUGGGAAGC  
GAGCCGAGGUCCCCACCUCCUCGUAAAAAAGGUGGGACAAAGA  
35 AUAAGUGCCAACGAACCUUGUUGCUGUUGCCGCUUAAUAGAU  
AGCGGCCGUCCUCUCCGAAGUUGGCUGGGCUUCGGAAGAGGGC  
40 GUGAGAGAUCAGCCUACCGAUUCAGCUUCGCCUUCGGCCUG  
AAUCGGGAAAACUCAGGAAGGCUGUGGGAGAGGACACCCUGCC  
45 CGUGGGAGGUCCCCUCCGAGAGCGAAAACACGGGCUGCGCUCG  
GAGAAGCCCAGGGGCCUCCAUCUUCGGACGGGGGUUCGAAUCC  
50 CCCCGCCUCCACCA SEC ID N°: 122

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Thermus thermophilus*

5 GGGGGTGAACGGTCTCGACGGGGGTCGCCGAGGGCGTGGCTG  
CGCGCCGAGGTGCGGGTGGCCTCGTAAAAACCCGCAACGGCATA  
10 ACTGCCAACACCAACTACGCTCTCGCGGCTTAATGACCGCGACC  
TCGCCC GG TAGCCCTGCCGGGGGCTCACCGGAAGCGGGGACACA  
AACCCGGCTAGCCCGGGGCCACGCCCTCTAACCCCGGGCGAAGC  
15 TTGAAGGGGGCTCGCTCCTGGCCGCCCGTCCGCGGGCCAAGCCA  
GGAGGACACGCGAAACGCGGACTACGCGCGTAGAGGCCCGCCG  
20 TAGAGACCTTCGGACGGGGGTTCGACTCCCCCACCTCCACCA  
SEC ID N°: 123

25

*ARNtm de Thermus thermophilus*

30

GGGGGUGAAACGGUCUCGACGGGGGUCGCCGAGGGCGUGGCU  
GCGCGCCGAGGUGCGGGUGGCCUCGUAAAAACCCGCAACGGCA  
35 UAACUGCCAACACCAACUACGCUCUCGCGGCUUAAUGACCGCG  
ACCUCGCCCGGUAGCCUGCCGGGGGCUCACCGGAAGCGGGGA  
40 CACAAACCCGGCUAGCCCGGGGCCACGCCUCUAACCCCGGGC  
GAAGCUUGAAGGGGGCUCGCUCCUGGCCGCCCGUCCGCGGGCC  
45 AAGCCAGGAGGACACGCGAAACGCGGACUACGCGCGUAGAGGC  
CCGCCGUAGAGACCUUCGGACGGGGGUUCGACUCCCCCACCU  
50 CCACCA SEC ID N°: 124

55

*ssrA de Treponema pallidum*

60

GGGGATGACTAGGTTTCGACTAGGGATGTGGGGTGTGCGCTGC  
AGGTGGAGTGTCGATCTCCTGATTCGGCGCCTTTATAACTGCCAA

65

ES 2 345 243 T3

TTCTGACAGTTTCGACTACGCGCTCGCCGCGTAATCGCGGGCCTG  
TGTTCGCGCTGCTCTGAGCGAACATATCGGCCCGACGCCAAACG  
5 GAGCTTGCTCTTACGTTGTGCACGGCGGACGTAGGGGGACTTTT  
GTCTGTGCTAAGACTCTGGCGCGTGCGGTGCAGGCCTAGCAGAG  
10 TCCGACAAACGCAGTACGCACCGCTAAACCTGTAGGCGCGCAGC  
ACTCGCTCTTTAGGACGGGGGTTCGATTCCCCCATCTCCACCA  
15 SEC ID N°: 125

20 *ARNtm de Treponema pallidum*

GGGGAUGACUAGGUUUCGACUAGGGAUGUGGGGUGUUGCGCU  
25 GCAGGUGGAGUGUCGAUCUCCUGAUUCGGCGCCUUUAUAACUG  
CCAAUUCUGACAGUUUCGACUACGCGCUCGCCGCGUAAUCGCG  
30 GGCCUGUGUUUGCGCUGCUCUGAGCGAACAUUCGGCCCGACG  
CCAAACGGAGCUUGCUCUUACGUUGUGCACGGCGGACGUAGGG  
35 GGACUUUUGUCUGUGCUAAGACUCUGGCGCGUGCGGUGCAGGC  
CUAGCAGAGUCCGACAAACGCAGUACGCACCGCUAAACCUGUA  
40 GGC GCGCAGCACUCGCUCUUUAGGACGGGGGUUCGAUJCCCCC  
CAUCUCCACCA SEC ID N°: 126

45

*ssrA de Vibrio cholerae*

50 GGGGCTGATTCAGGATTCGACGGGAATTTTGCAGTCTGAGGTGC  
ATGCCGAGGTGCGGTAGGCCTCGTTAACAAACCGCAAAAAATA  
55 GTCGCAAACGACGAAAACACTACGCACTAGCAGCTTAATACCCTGC  
TCAGAGCCCTTCCTCCCTAGCTTCCGCTTGTAAGACGGGGAAATC  
60 AGGAAGGTCAAACCAAATCAAGCTGGCGTGGATTCCCCACCTG

65

ES 2 345 243 T3

AGGGATGAAGCGCGAGATCTAATTCAGGTTAGCCATTCGTTAGC  
GTGTCGGTTCGCAGGCGGTGGTCAAATTAAGATCGACTAAGCA  
5 TG TAGTACCAAAGATGAATGGTTTTTCGGACGGGGGTTCAACTCC  
CCCCAGCTCCACCA SEC ID N°: 127

*ARNtm de Vibrio cholerae*

GGGGCUGAUUCAGGAUUCGACGGGAAUUUUGCAGUCUGAGGU  
GCAUGCCGAGGUGCGGUAGGCCUCGUUAACAAACCGCAAAAAA  
20 AUAGUCGCAAACGACGAAAACUACGCACUAGCAGCUUAAUACC  
CUGCUCAGAGCCCUUCCUCCCUAGCUUCCGCUUGUAAGACGGG  
25 GAAAUCAGGAAGGUCAAACCAAUAAGCUGGCGUGGAUUCCC  
CCACCUGAGGGAUGAAGCGCGAGAUCUAAUUCAGGUUAGCCAU  
30 UCGUUAGCGUGUCGGUUCGCAGGCGGUGGUGAAAUUAAGAU  
CGACUAAGCAUGUAGUACCAAAGAUGAAUGGUUUUCGGACGG  
35 GGGUUCAACUCCCCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 128

*ssrA de Yersinia pestis*

GGGGCTGATTCTGGATTTCGACGGGATTCGCGAAACCCAAGGTGC  
ATGCCGAGGTGCGGTGGCCTCGTAAAAAACCGCAAAAAAATA  
GTTGCAAACGACGAAAACACTACGCCTAGCAGCTTAATAACCTGC  
50 TTAGAGCCCTCTCTGCCTAGCCTCCGCTCTTAGGACGGGGATCAA  
GAGAGGTCAAACCTAAAAGAGCTCGTGTGGAAACCTTGCCTGGG  
55 GTGGAAGCATTAAAACCTAATCAGGATAGTTTGTGTCAGTAGCGTGT  
CCATCCGCAGCTGGCCGGCGAATGTAATGATTGGACTAAGCATG  
60 TAGTGCCGACGGTGTAGTAATTTTCGGACGGGGGTTCAAATCCCC  
CCAGCTCCACCA SEC ID N°: 129

ES 2 345 243 T3

*ARNtm de Yersinia pestis*

5 GGGGCUGAUUCUGGAUUCGACGGGAUUCGCGAAACCCAAGGU  
GCAUGCCGAGGUGCGGUGGCCUCGUAAAAAACCGCAAAAAAAA  
10 UAGUUGCAAACGACGAAAACUACGCACUAGCAGCUAAUAACC  
UGCUUAGAGCCCUCUCUGCCUAGCCUCCGCUCUAGGACGGGG  
AUCAAGAGAGGUCAAACCUAAAAGAGCUCGUGUGGAAACCUU  
15 GCCUGGGGUGGAAGCAUUA AACUAAUCAGGAUAGUUUGUCA  
GUAGCGUGUCCAUCCGCAGCUGGCCGGCGAAUGUAAUGAUUGG  
20 ACUAAGCAUGUAGUGCCGACGGUGUAGUAAUUUCGGACGGGG  
GUUCAAAUCCCCCAGCUCCACCA SEC ID N°: 130

25 *Parcial, interna de ssrA de Campylobacter fetus*

AGGAGTAAGTCTGCTTAGATGGCATGTCGCTTTGGGCAAAGCGT  
30 AAAAAGCCCAAATAAAATTAACGCAAACAACGTTAAATTCGCT  
CCTGCTTACGCTAAAGCTGCGTAAGTTCAGTTGAGCCTGAAATTT  
35 AAGTCATACTATCTAGCTTAATTTTCGGTCATCTTTGATAGTGTA  
GCCTTGCGTTTGACAAGCGTTGAGGTGAAATAAAGTCTTAGCCTT  
40 GCTTTTGAGTTTTGGAAGATGAGCGAAGTAGGGTGAAGTAGTCA  
TCTTTGCTAAGCATGTAGAGGTCTTTGTGGGATTATTTTTGG  
SEC ID N°: 131

45 *Parcial, interna de ARNtm de Campylobacter fetus*

50 AGGAGUAAGUCUGCUUAGAUGGCAUGUCGCUUUGGGCAAAGC  
GUAAAAAGCCCAAUAAAAUUAAACGCAAACAACGUUAAAUU  
55 CGCUCCUGCUUACGCUAAAGCUGCGUAAGUUCAGUUGAGCCUG  
AAAUUUAAAGUCAUACUAUCUAGCUUAAUUUUCGGUCAUCUUU  
GAUAGUGUAGCCUUGCGUUUGACAAGCGUUGAGGUGAAAUA  
60 AGUCUUAGCCUUGCUUUUGAGUUUUGGAAGAUGAGCGAAGUA  
GGGUGAAGUAGUCAUCUUUGCUAAGCAUGUAGAGGUCUUUGU  
65 GGGAUUAUUUUUGG SEC ID N°: 132

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Campylobacter coli (BM2509)*

5 AGGAGTAAGTCTGCTTAGATGGCATGTCGCTTTGGACAAAGCGT  
AAAAGTCCAAATTAATAAACGCAAATAACGTTAAATTTGC  
10 TCCTGCTTACGCTAAAGCTGCGTAAGTTCAGTTGAGCCCGAAACT  
CAAGTGATGCTATCTAGCTTGAATTTTGGTCATCTTTGATAGTGT  
AGATTGAAAATTGACAACTTTTAATCGAAGTTAAAGTCTTAGTCT  
15 AGCTTGAAATTTTGGAAAGGTGAGTTTAGCCAGATGAAGTTTTCA  
CCTTTGCTAAACATGTAGAAGTCTTTGTGGGGTTATTTTTGG  
20 SEC ID N°: 133

25 *Parcial, interna de ARNm de Campylobacter coli (BM2509)*

30 AGGAGUAAGUCUGCUUAGAUGGCAUGUCGCUUUGGACAAAGC  
GUAAAAAGUCCAAAUUAAAAUUAAACGCAAUAACGUUAAAU  
UUGCUCUGCUUACGCUAAAGCUGCGUAAGUUCAGUUGAGCCC  
35 GAAACUCAAGUGAUGCUAUCUAGCUUGAAUUUUGGUCAUCUU  
UGAUAGUGUAGAUUGAAAUUGACAACUUUUAUCGAAGUUA  
AAGUCUUAGUCUAGCUUGAAAUUUUGGAAGGUGAGUUUAGCC  
40 AGAUGAAGUUUCACCUUUGC UAAACAUGUAGAAGUCUUUGU  
GGGGUUAUUUUUGG SEC ID N°: 134

45 *Parcial, interna de ssrA de CampylobacterI de aislado de pollo*

50 ACAGGAGTAAGTCTGCTTAGATGGCATGTCGCTTTGGGCAAAGC  
GTAAAAGCCCAAATAAAATTAACGCAAACAACGTTAAATTTCG  
55 CTCCTGCTTACGCTAAAGCTGCGTAAGTTCAGTTGAGCCTGAAAT  
TTAAGTCATACTATCTAGCTTAATTTTCGGTCATTTTTGATAGTGT  
60 AGCCTTGCGTTTGACAAGCGTTGAGGTGAAATAAGGTCTTAGCC  
TTGCTTTTGAGTTTTGGAAGATGAGCGAAGTAGGGTGAAGTAGT  
65 CATCTTTGCTAAGCATGTAGAGGTCTTTGTGGGATTATTTTTGG  
SEC ID N°: 135

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Campylobacter de aislado de pollo*

5 ACAGGAGUAAGUCUGCUUAGAUGGCAUGUCGCUUUGGGCAA  
GCGUAAAAAGCCCAAUAAAAUAAAACGCAAACAACGUUAAA  
10 UUCGCUCUGCUUACGCUAAAGCUGCGUAAGUUCAGUUGAGCC  
UGAAAUUUAAGUCAUACUAUCUAGCUAAUUUUCGGUCAUUU  
15 UUGAUAGUGUAGCCUUGCGUUUGACAAGCGUUGAGGUGAAAU  
AAGGUCUUAGCCUUGCUUUUGAGUUUUGGAAGAUGAGCGAAG  
20 UAGGGUGAAGUAGUCAUCUUUGCUAAGCAUGUAGAGGUCUUU  
GUGGGAUUAUUUUUGG SEC ID N°: 136

25 *Parcial, interna de ssrA de Clostridium perfringens*

ACGGGGGTAGGATGGGTTTGATAAGCGAGTCGAGGGAAGCATG  
30 GTGCCTCGATAATAAAGTATGCATTAAGATAAACGCACGAGAT  
AATTTTGCATTAGCAGCTTAAGTTAGCGCTGCTCATCCTTCCTCA  
ATTGCCACGGTTGAGAGTAAGGGTGTCATTTAAAAGTGGGGAA  
35 CCGAGCCTAGCAAAGCTTTGAGCTAGGAACGGAATTTATGAAGC  
TTACCAAAGAGGAAGTTTGTCTGTGGACGTTCTCTGAGGGAATTT  
40 TAAACACAAGACTACACTCGTAGAAAGTCTTACTGGTCTGCTTT  
CGG SEC ID N°: 137

45 *Parcial, interna de ARNm de Clostridium perfringens I*

50 ACGGGGGUAGGAUGGGUUUGAUAAAGCGAGUCGAGGGAAGCAU  
GGUGCCUCGAUAAUAAAGUAUGCAUUAAGAUAAACGCACGA  
55 GAUAAUUUUGCAUUAGCAGCUUAAGUUAGCGCUGCUCAUCCU  
UCCUCAAUUGCCCACGGUUGAGAGUAAGGGUGUCAUUUAAAA  
60 GUGGGGAACCGAGCCUAGCAAAGCUUUGAGCUAGGAACGGAA  
UUUAUGAAGCUUACCAAAGAGGAAGUUUGUCUGUGGACGUUC  
65 UCUGAGGGAAUUUUAAAACACAAGACUACACUCGUAGAAAGU  
CUUACUGGUCUGCUUUCGG SEC ID N°: 138

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Haemophilus ducreyi (NCTC 10945)*

5 ACGGGATTAGCGAAGTCCAAGGTGCACGTCGAGGTGCGGTAGGC  
CTCGTAACAAACCGCAAAAAAATAGTCGCAAACGACGAACAAT  
10 ACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGCATTTAGCCTTCGCGCCCTAG  
CTTTCGCTCGTAAGACGGGGAGCACGCGGAGTCAAACCAAACG  
AGATCGTGTGGACGCTTCCGCTTGTAGATGAAACACTAAATTGA  
15 ATCAAGCTAGTTTATTTCTTGCGTGTCTGTCCGCTGGAGATAAGC  
GAAATTAAGACCAGACTAAACGTGTAGTACTGAAGATAGAGTA  
20 ATTCGGACCCGGGTTCGACTC SEC ID N°: 139

25 *Parcial, interna de ARNm de Haemophilus ducreyi (NCTC 10945)*

ACGGGAUUAGCGAAGUCCAAGGUGCACGUCGAGGUGCGGUAG  
30 GCCUCGUAACAAACCGCAAAAAAUAGUCGCAAACGACGAACA  
AUACGCUUUAGCAGCUUAAUAACCUUGCAUUUAGCCUUCGCGCC  
35 CUAGCUUUCGCUCGUAAGACGGGGAGCACGCGGAGUCAACCA  
AAACGAGAUUCGUGUGGACGCUUCCGCUUGUAGAUGAACACU  
40 AAUUGAAUCAAGCUAGUUUAUUUCUUGCGUGUCUGUCCGCU  
GGAGAUAGCGAAAUUAAAGACCAGACUAAACGUGUAGUACU  
45 GAAGAUAGAGUAAUUCGGACCCGGGUUCGACUC  
SEC ID N°: 140

50 *Parcial, interna de ssrA de Listeria innocua (aislado alimenticio N°:1)*

55 GGCAAAGAAAAACAAAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAACCAGT  
AGCATAGCTGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGG  
60 GTCTCACTCTAAGTGGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGAGGTT  
AAATAGAAGAGCTTAATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTAC  
65 CGGGCTGATGTTTATGCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCG  
TAGATATTCAA SEC ID N°: 141

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Listeria innocua (aislado alimenticio N°: 1)*

5 GGCAAAGAAAAACAAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAACCAG  
UAGCAUAGCUGAUCCUCCGUGCAUCGCCCAUGUGCUACGGUAA  
10 GGGUCUCACUCUAAGUGGGCUACACUAGUUAUUCUCCGUCUGA  
GGUUAUUAGAAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCC  
15 UGUUACCGGGCUGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGAC  
UACGCUCGUAGAUUUCAA SEC ID N°: 142

*Parcial, interna de ssrA de Listeria innocua (aislado alimenticio N°: 2)*

20 GGCAAAGAAAAACAAAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGT  
AGCATAGCTGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGG  
25 GTCTCACTCTAAGTGGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGAGGTT  
AAATAGAAGAGCTTAATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTAC  
30 CGGGCCGATGTTTATGCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCG  
TAGATATTTAA SEC ID N°: 143

35 *Parcial, interna de ARNm de Listeria innocua (aislado alimenticio N°: 2)*

GGCAAAGAAAAACAAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAAGCAG  
40 UAGCAUAGCUGAUCCUCCGUGCAUCGCCCAUGUGCUACGGUAA  
GGGUCUCACUCUAAGUGGGCUACACUAGUUAUUCUCCGUCUGA  
45 GGUUAUUAGAAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCC  
UGUUACCGGGCCGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGAC  
50 UACGCUCGUAGAUUUUAA SEC ID N°: 144

*Parcial, interna de ssrA de Listeria innocua (aislado alimenticio N°: 3)*

55 GGCAAAGAAAAACAAAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGT  
AGAATAGCTGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGG  
60 GTCTCACTCTAAGTGGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGAGGTT  
AAATAGAAGAGCTTAATCGGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTAC  
CGGGCCGATGTTTATGCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCG  
65 TAGATATTTAA SEC ID N°: 145

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Listeria innocua (aislado alimenticio N°: 3)*

5 GGCAAAGAAAAACAAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAAGCAG  
UAGAAUAGCUGAUCCUCCGUGCAUCGCCCAUGUGCUACGGUAA  
10 GGGUCUCACUCUAAGUGGGCUACACUAGUUAUUCUCCGUCUGA  
GGUUAUUAGAAGAGCUUAAUCGGACUAGCUGAAUGGAAGCC  
15 UGUUACCGGGCCGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGAC  
UACGCUCGUAGAUUUUAA SEC ID N°: 146

20

*Parcial, interna de ssrA de Listeria innocua (ATCC 12210)*

25 GGCAAAGAAAAACAAAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGT  
AGCATAGCTGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGG  
30 GTCTCACTCTAAGTGGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCTGGGGTT  
AAATAGAAGAGCTTAATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTAC  
35 TGGGCCGATGTTTATGCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCG  
TAGATATTTAA SEC ID N°: 147

40

*Parcial, interna de ARNm de Listeria innocua (ATCC 12210)*

45 GGCAAAGAAAAACAAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAAGCAG  
UAGCAUAGCUGAUCCUCCGUGCAUCGCCCAUGUGCUACGGUAA  
50 GGGUCUCACUCUAAGUGGGCUACACUAGUUAUUCUCCGUCUGG  
GGUUAUUAGAAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCC  
55 UGUUACUGGGCCGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGAC  
UACGCUCGUAGAUUUUAA SEC ID N°: 148

60

65

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Listeria ivanovii (NCTC 11846)*

5 ACAGGGATAGTTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGATCGTCC  
TCGTTATTAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAACA  
AAACCTAGCTTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
10 CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTTTAAGTGG  
GCTACACTAAATAATCTCCGTCTGGGGTTAGTTAGAAGAGCTTA  
15 ATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCTGATGTTTAT  
GCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTTAAGTGC  
20 CGATATTTCTGG SEC ID N°: 149

*Parcial, interna de ARNm de Listeria ivanovii (NCTC 11846)*

25 ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGGAUCGU  
CCUCGUUAUUAACGUCAAAGCCAAUAAUAAACUGGCAAAGAAA  
30 AACAAAACCUAGCUUUCGUGCCUAAUAAAGCAGUAGCAUAGCU  
GAUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACU  
35 UUAAGUGGGCUACACUAAAUAAUCUCCGUCUGGGGUUAGUUA  
GAAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGG

40  
45 GCUGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGACUCGCUCGUA  
GAUAUUUAAGUGCCGAUAUUUCUGG SEC ID N°: 150

*Parcial, interna de ssrA de Listeria seeligeri (NCTC 11856)*

50 ACAGGGATAGTTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGATCGTCC  
TCGTTATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAACA  
55 AAACCTAGCTTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGAAAGGGTCTCACTTTAAGTG  
60 GGCTACACTAAATAATCTCCGTCTGGGGTTAGTTAGAAGAGCTT  
AATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCTGATGTTTA  
65 TGCGAAATACTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTTAAGTG  
CCCATATTTCTGG SEC ID N°: 151

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Listeria seeligeri (NCTC 11856)*

5 ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGAUCGU  
CCUCGUUAUCAACGUCAAAGCCAAUAAUAAACUGGCAAAGAAAA  
10 ACAAACCUAGCUUUCGCUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCUG  
AUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGAAAGGGUCUCACUU  
UAAGUGGGCUACACUAAAUAUCUCCGUCUGGGGUUAGUUAG  
15 AAGAGCUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGG  
CUGAUGUUUAUGCGAAAUACUAAUACGGUGACUACGCUCGUA  
20 GAUAUUUAAGUGCCCAUAUUUCUGG SEC ID N°: 152

25 *Parcial, interna de ssrA de Salmonella enteritidis*

ACGGGATTTGCGAAACCCAAGGTGCATGCCGAGGGGGCGGTTGGC  
30 CTCGTAAAAAGCCGCAAAAAAATAGTCGCAAACGACGAAACCT  
ACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGCTTAGAGCCCTCTCTCCCTAG  
CCTCCGCTCTTAGGACGGGGATCAAGAGAGGTCAAACCCAAAAG  
35 AGATCGCGTGGATGCCCTGCCTGGGGTTGAAGCGTTAAAACGAA  
TCAGGCTAGTCTGGTAGTGGCGTGTCCGTCCGCAGGTGCCAGGC  
40 GAATGTAAAGACTGACTAAGCATGTAGTACCGAGGATGTAGGAA  
TTTCGG SEC ID N°: 153

45 *Parcial, interna de ARNm de Salmonella enteritidis*

50 ACGGGAUUUGCGAAACCCAAGGUGCAUGCCGAGGGGGCGGUUG  
GCCUCGUAAAAAGCCGCAAAAAAAUAGUCGCAAACGACGAAAC  
55 CUACGCUUUAGCAGCUUAAUAACCUGCUUAGAGCCCUCUCUCC  
CUAGCCUCCGCUCUUAAGGACGGGGAUCAAGAGAGGUCAAACCC  
AAAAGAGAUCGCGUGGAUGCCCUGCCUGGGGUUGAAGCGUUA  
60 AAACGAAUCAGGCUAGUCUGGUAGUGGCGUGUCCGUCCGCAGG  
UGCCAGGCGAAUGUAAAGACUGACUAAGCAUGUAGUACCGAG  
65 GAUGUAGGAAUUUCGG SEC ID N°: 154

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Staphylococcus epidermidis (NCTC 11047)*

5 ACAGGGGTCCCCCGAGCTTATTAAGCGTGTCTGGAGGGTGGCTC  
CGTCATCAACACATTTTCGGTTAAATATAACTGACAAATCAAACA  
ATAATTTTCGCAGTAGCTGCGTAATAGCCACTGCATCGCCTAACA  
10 GCATCTCCTACGTGCTGTTAACGCGATTCAACCCTAGTAGGATAT  
GCTAAACACTGCCGCTTGAAGTCTGTTTAGATGAAATATAATCA  
15 AGCTAGTATCATGTTGGTTGTTTATTGCTTAGCATGATGCGAAAA  
TTATCAATAAACTACACACGTAGAAAGATTTGTATCAGGACCTC  
TGG SEC ID N°: 155  
20

*Parcial, interna de ARNm de Staphylococcus epidermidis (NCTC 11047)*

25 ACAGGGGUCCCCCGAGCUUAUUAAGCGUGUCGGAGGGUUGGCU  
CCGUCAUCAACACAUUUCGGUAAAUAUAACUGACAAAUCAAA  
30 CAAUAAUUUCGCAGUAGCUGCGUAAUAGCCACUGCAUCGCCUA  
ACAGCAUCUCCUACGUGCUGUUAACGCGAUUCAACCCUAGUAG  
35 GAUAUGC UAAACACUGCCGCUUGAAGUCUGUUUAGAUGAAAU  
AUAAUCAAGCUAGUAUCAUGUUGGUUGUUUAUUGC UUAGCAU  
40 GAUGC GAAAUAUCAAAUAACUACACACGUAGAAAGAUUUG  
UAUCAGGACCUCUGG SEC ID N°: 156

*Parcial, interna de ssrA de Streptococcus agalactiae (NCTC 8181)*

50 ACAGGCATTATGAGGTATATTTTGC GACTCATCGGCAGATGTAA  
AATGCCAGTTAAATATAACTGCAAAAAATACAAATTCTTACGCA  
TTAGCTGCCTAAAAACAGCCTGCGTGATCTTCACAAGATTGTTT  
55 GCGTTTTGCTAGAAGGTCTTATTTATCAGCAAACACTACGTTTGGCT  
ACTGTCTAGTTAGTTAAAAAGAGATTTATAGACTCGCTATGTGA  
60 GGGCTTGAGTTATGTGTCATCACCTAGTTAAATCAATACATAACC  
TATAGTTGTAGACAAATATATTAGCAGATGTTTGG  
65 SEC ID N°: 157

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Streptococcus agalactiae (NCTC 8181)*

5 ACAGGCAUUAUGAGGUUAUUAUUUGCGACUCAUCGGCAGAUGU  
AAAUGCCAGUUAUAUAACUGCAAAAAUACAAUUCUUA  
10 CGCAUUAGCUGCCUAAAAACAGCCUGCGUGAUCUUCACAAGA  
UUGUUUGCGUUUUGCUAGAAGGUCUUAUUUAUCAGCAAACUA  
CGUUUGGCUACUGUCUAGUUAGUUAAAAAGAGAUUUUAUAGAC  
15 UCGCUAUGUGAGGGCUUGAGUUAUGUGUCAUCACCUAGUUA  
AUCAAUACAUAACCUAUAGUUGUAGACAAAUUAUUAUAGCAGA  
20 UGUUUGG SEC ID N°: 158

25 *ssrA de Bordetella bronchiseptica*

30 GGGGCCGATCCGGATTCGACGTGGGTCATGAAACAGCTCAAGGC  
ATGCCGAGCACCAGTAAGCTCGTTAATCCACTGGAACACTACAA  
35 ACGCCAACGACGAGCGTTTCGCTCTCGCCGCTTAAGCGGTGAGC  
CGCTGCACTGATCTGTCTTGGGTCACGCGGGGGAA  
SEC ID N°: 159

45 *ARNm de Bordetella bronchiseptica*

50 GGGGCCGAUCCGGAUUCGACGUGGGUCAUGAAACAGCUCAAGGC  
AUGCCGAGCACCAGUAAGCUCGUUAUCCACUGGAACACUACAA  
ACGCCAACGACGAGCGUUUCGCUCUCGCCGCUUAAGCGGUGAGC  
55 CGCUGCACUGAUCUGUCCUUGGGUCACGCGGGGGAA  
SEC ID N°: 160

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Chlamydia pneumoniae (CWL029)*

5 GGGGGTGTATAGGTTTCGACTTGAAAATGAAGTGTTAATTGCAT  
GCGGAGGGCGTTGGCTGGCCTCCTAAAAAGCCAACAAAACAATA  
10 AATGCCGAACCTAAGGCTGAATGCGAAATTATTAGCTTGTTTGA  
CTCAGTAGAGGAAAGACTAGCTGCTTAATTAGCAAAAGTTGTTA  
15 GCTAGATAATCTCTAGGTAACCCGGTATCTGCGAGCTCCACCAG  
AGGCTTGCAAAATACCGTCATTTATCTGGTTGGAACCTACTTTCT  
20 CTAATTCTCAAGGAAGTTCGTTTCGAGATTTTTGAGAGTCATTGGC  
TGCTATAGAGGCTTCTAGCTAAGGGAGTCCAATGTAAACAATTC  
TAGAAGATAAGCATGTAGAGGTTAGCAGGGAGTTTGTC AAGGAC  
25 GAGAGTTCGAGTCTCTCCACCTCCACCA SEC ID N°: 161

30 *ARNtm de Chlamydia pneumoniae (C WL029)*

35 GGGGGUGUAUAGGUUUCGACUUGAAAUGAAGUGUUAAUUGC  
AUGCGGAGGGCGUUGGCUGGCCUCCUAAAAAGCCAACAAAACA  
40 AUAAAUGCCGAACCUAAGGCUGAAUGCGAAAUAUUAGCUUG  
UUUGACUCAGUAGAGGAAAGACUAGCUGCUUAAUUAGCAAAA  
GUUGUUAGCUAGAUAAUCUCUAGGUAACCCGGUAUCUGCGAG  
45 CUCCACCAGAGGCUUGCAAAAUACCGUCAUUUAUCUGGUUGGA  
ACUUACUUUCUCUAAUUCUCAAGGAAGUUCGUUCGAGAUUUU  
50 UGAGAGUCAUUGGCUGCUAUAGAGGCUUCUAGCUAAGGGAGU  
CCA AUGUAAACA AUUCUAGAAGAU AAGCAUGUAGAGGUUAGC  
55 AGGGAGUUUGUCAAGGACGAGAGUUCGAGUCUCUCCACCUCCA  
CCA SEC ID N°: 162

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Francisella tularensis*

5 GGGGGCGAATATGGTTTCGACATGAATGTCAAAATCTAAGGTGC  
ATGCCGAGGAAGTACCGTAACCTCGTTAATAACAGTACAAATGC  
10 CAATAATAACTGGCAACAAAAAAGCAAACCGCGTAGCGGCTAA  
CGACAGCAACTTTGCTGCTGTTGCTAAAGCTGCCTAGTCTAGCTT  
AATAATCTAGATGCGCACGGATATGATAGTCTTTCTTATGACACT  
15 ATCTATACATCCGTTTCATATTCCGCATAAGACGGTCTTTGCTTTTT  
GTCTGGGAGTTAAGGCTGTATTTAACAGACTCGCTAACTATTACC  
20 CTGGCTAATTGGGGAATAGTCAAGCTAAACTCAAATAGATTAGC  
CTAAGCATGTAGATCCAAAGATCTAGAGTTTGTGGACGCGGGTT  
25 CAAATCCCGCCGCCTCCACCA SEC ID N°: 163

30 *ARNtm de Francisella tularensis*

35 GGGGGCGAAUAUGGUUUCGACAUGAAUGUCAAAAUCUAAGGU  
GCAUGCCGAGGAAGUACCGUAACCUUCGUUAAUAACAGUACAAA  
40 UGCCAAUAAUAACUGGCAACAAAAAAGCAAACCGCGUAGCGGC  
UAACGACAGCAACUJUGCUGCUGUJUGCUAAAGCUGCCUAGUCU  
AGCUUAAUAUCUAGAUGCGCACGGUAUAUGAUAGUCUUUCUU  
45 AUGACACUAUCUAUACAUCCGUUCAUAUUCGCAUAAGACGGU  
CUUUGCUUUUUGUCUGGGAGUUAAGGCUGUAUUUAACAGACU  
50 CGCUAACUAUUACCCUGGCUAAUUGGGGAAUAGUCAAGCUAA  
ACUCAAAUAGAUUAGCCUAAGCAUGUAGAUCCAAAGAUCUAG  
55 AGUUUGUGGACGCGGGUUCAAAUCCCGCCGCCUCCACCA  
SEC ID N°: 164

60

65

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Guillardia theta (plastidial)*

5 GGGGCTGATTTGGATTTCGACATATAAATTTGCGTGTTTCATTATG  
AAGCAAGTCAAGTTTAATGATCTTGTAACAAAACATTAAGTACA  
10 AATAAATGCAAGCAATATAGTTTCATTTAGTTCAAACGTTTAGT  
CTCTTTTGCATAAGCAAAATGTGTTAATAACTTTCTTAGTAGAAA  
15 TTGGAGAAGTTTACTAAGATTTATATTTACTCCATAATTATTTA  
AAGATGGTAAAAAGGTGATTCATCATTGTATGTTTCTAAACTTT  
20 GTGAAAGAATAGTGGGCTCCATTTATAATGAACGTGGGGTTCAAA  
TCCCACCAGCTCCACCA SEC ID N°: 165

25  
*ARNtm de Guillardia theta (plastidial)*

30 GGGGCUGAUUUGGAUUCGACAUUAAAUUUGCGUGUUUCAUU  
AUGAAGCAAGUCAAGUUUAAUGAUCUUGUAAAAACAUUAAA  
35 GUACAAAUAAAUGCAAGCAAUAUAGUUUCAUUUAGUUCAAAA  
CGUUUAGUCUCUUUUGCAUAAGCAAAAUGUGUAAUAACUUU  
40 CUUAGUAGAAUUGGAGAAGUUUACUAAGAUAUUUUACU  
CCAUAUUUAUUUAAAGAUGGUAAAAGGUGAUUCAUCAUUU  
45 GUAUGUUUCUAAACUUUGUGAAAGAAUAGUGGGCUCCAUUUA  
UAAUGAACGUGGGUUCAAUCCCACCAGCUCCACCA  
SEC ID N°: 166

50  
*ssrA de Thalassiosira Weissflogii (plastidial)*

55 GGGGCTGATTTGGTTTCGACATTTAAACTTCTTTCTATGTGTCA  
60 GGTCAAAGTTTGTATTCTTTGTAAAAAATACTAAAATACTAATA  
AATGCTAATAATATAATACCGTTTATTTTTAAAGCAGTAAAAAC

65

ES 2 345 243 T3

AAAAAAAGAAGCAATGGCTTTAAATTTTGCTGTATAGTTCATTA  
ACTTAGGTTATTAATATTTTTTTCATTATAACTGGACTTTTCTCTA  
5 GTTTATAGTTTAGAATAAATTTAAATTTTGCAAAACTCGTTCGAA  
AATTTTCGGGCTAAACCTGTAAACGCAAATACTAAGAAATTTTA  
10 GATGGACATGGGTTCAATTCCCATCAGTTCACCA  
SEC ID N°: 167

ARNtm de *Thalassiosira Weissflogii* (plastidial)

GGGGCUGAUUUGGUUUCGACAUUUAAAACUUCUUCUAUGUG  
UCAGGUCAAAGUUUGUAUUCUUGUAAAAAAAAUACUAAAUA  
25 CUAUAAAUGCUAAUAAUAAUAAUACCGUUUAUUUUUAAAGCA  
GUAAAAACAAAAAAGAAGCAAUGGCUUUAAAUUUUGCUGUA  
30 UAGUUCAUUAACUUAGGUUAUAAAUAUUUUUUCAUUAUAAC  
UGGACUUUUCUCUAGUUUAUAGUUUAGAAUAAAUUUAAAUUU  
35 UGCAAAACUCGUUCGAAAUJUUCGGGCUAAACCGUAAACGC  
AAAUACUAAGAAAUUUUAGAUGGACAUGGGUUCAAUCCCAU  
40 CAGUCCACCA SEC ID N°: 168

Parcial, interna de *ssrA* de *Helicobacter pylori* (aislado clínico 1)

TGGGGATGTTACGGTTTCGACAGGGGTAGTTCGAGCTTAGGTGG  
50 CGAGTCGAGGGGATCGGCCTCGTTAAAACGTCAAAGCCTATAAC  
TGGCAAACAACAAAACAACCTTCGCTTTAGCAGCTTAATAAGCTC  
55 TTAGCGGTTCCCTCCCTCCATCGCCCATGTGGTAGGGTAAGGGACT  
CAAATTAAGTGGGCTACGCTGGATTCCACCGTCTGAGGATGAAA  
60 GAAGAGAACAACCAGACTAGCTACCCGGACGCCCGTCGATAGG  
CAGATGGAGTAGCGAATCGCGAATATATCGACTACACTCGTAGA  
65 AGCTTAAGTGCCGATATTCTTGGACGTGGGTTCGACTCCC  
SEC ID N°: 176

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Helicobacter pylori (aislado clínico 1)*

5 UGGGGAUGUUACGGUUCGACAGGGGUAGUUCGAGCUUAGGU  
GGCGAGUCGAGGGGAUCGGCCUCGUUAAAACGUCAAAGCCUAU  
10 AACUGGCAAACAACAAAACAACUUCGCUUUAGCAGCUUAAUAA  
GCUCUUAGCGGUUCCUCCCUCCAUCGCCCAUGUGGUAGGGUAA  
GGGACUCAAAUUAAGUGGGCUACGCUGGAUUCACCGUCUGAG  
15 GAUGAAAGAAGAGAACAACCAGACUAGCUACCCGGACGCCCGU  
CGAUAGGCAGAUGGAGUAGCGAAUCGCGAAUAUAUCGACUAC  
20 ACUCGUAGAAGCUUAAGUGCCGAUAUUCUUGGACGUGGGUUC  
GACUCC SEC ID N°: 177

25

*Parcial, interna de ssrA de Helicobacter pylori (aislado clínico 2)*

30 TGGGGACGTTACGGTTTCGACAGGGATAGTTCGAGCTTAGGTTG  
CGAGTCGAGGGGATCGGCCTCGTTAAAACGTCAAAGCCTATAAT  
35 TGGCAAACAACAATCTTTCTTTAGCTGCTTAATTGCACTAAAG  
GTTCCCTCCCTCCATCGTCCATGTGGTAGGGTAAGGGACTCAA  
40 AAGTGGACTACGCCGGAGTTCGCCGTCTGAGGACAAAGGAAGA  
GAACAACCAGACTAGCAACTTGGAAGCCTGTCGATAGGCCGAAG  
45 AGTTCGCGAAATGCTAATATATCGACTACACTCGTAGAAGCTTA  
AGTGCCGATATTTTTGGACGTGGGTTTCGATTCCCT SEC ID N°:  
50 178

55

60

65

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Helicobacter pylori (aislado clínico 2)*

5 UGGGGACGUUACGGUUUCGACAGGGAUAGUUCGAGCUUAGGU  
UGCGAGUCGAGGGGAUCGGCCUCGUUAAAACGUCAAAGCCUAU  
10 AAUUGGCAAACAAAACAUCUUUCUUUAGCUGCUUAAUUGCA  
CUAAAGGUUCCUCCCUCCAUCGUCCAUGUGGUAGGGUAAGGGA  
15 CUCAAACUAAGUGGACUACGCCGGAGUUCGCCGUCUGAGGACA  
AAGGAAGAGAACAACCAGACUAGCAACUUGGAAGCCUGUCGA  
UAGGCCGAAGAGUUCGCGAAAUGC UAAUAUAUCGACUACACUC  
20 GUAGAAGCUUAAGUGCCGAUAUUUUUGGACGUGGGUUCGAUU  
CCCU SEC ID N°: 179

25 *Parcial, interna de ssrA de Listeria seeligeri (NCTC 11856)*

ACAGGGATAGTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGATCGTCC  
30 TCGTTATCAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAAACA  
AAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
35 CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGAAAGGGTCTCACTTTAAGTG  
GGCTACACTAAATAATCTCCGTCTGGGGTTAGTTAGAAGAGCTT  
40 AATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCTGATGTTTA  
TGCGAAATACTAATAACGGTGACTACGCTCGTAGATATTTAAGTG  
CCCATATTTCTGG SEC ID N°: 180

45 *Parcial, interna de ARNm de Listeria seeligeri (NCTC 11856)*

50 ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGGAUCGU  
CCUCGUUAUCAACGUCAAAGCCAAUAUAACUGGCAAAGAAAA  
55 ACAAACCUAGCUUUCGUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCUG  
AUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGAAAGGGUCUCACUU  
60 UAAGUGGGCUACACUAAAUAUCUCCGUCUGGGGUUAGUUAG  
AAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGGG  
CUGAUGUUUAUGCGAAUACUAAUACGGUGACUACGCUCGUA  
65 GAUAUUUAAGUGCCCAUAUUUCUGG SEC ID N°: 181

ES 2 345 243 T3

Parcial, interna de *ssrA* de *Listeria ivanovii* (NCTC 11846)

5 ACAGGGATAGTTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGGATCGTCC  
TCGTTATTAACGTCAAAGCCAATAATAACTGGCAAAGAAAACA  
10 AACCTAGCTTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCT  
CCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTTTAAGTGG  
15 GCTACACTAAATAATCTCCGTCTGGGGTTAGTTAGAAGAGCTTA  
ATCAGACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCTGATGTTTAT  
20 GCGAAATGCTAATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTTAAGTGC  
CGATATTTCTGG SEC ID N°: 182

Parcial, interna de *ARNtm* de *Listeria ivanovii* (NCTC 11846)

25 ACAGGGAUAGUUCGAGCUUGAGUUGCGAGUCGGGGGGAUCGU  
CCUCGUUAUUAACGUCAAAGCCAUAUAUACUGGCAAAGAAA  
30 AACAAAACCUAGCUUUCGUGCCUAAUAAGCAGUAGCAUAGCU  
GAUCCUCCGUGCAUCGCCAUGUGCUACGGUAAGGGUCUCACU  
35 UUAAGUGGGCUACACUAAAUAUCUCCGUCUGGGGUUAGUUA  
GAAGAGCUUAAUCAGACUAGCUGAAUGGAAGCCUGUUACCGG  
40 GCUGAUGUUUAUGCGAAAUGC UAAUACGGUGACUCGCUCGUA  
GAUAUUUAAGUGCCGAUAUUUCUGG SEC ID N°: 183

Parcial, interna de *ssrA* de *Mycobacterium africanum* (aislado clínico)

50 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCGACCAAATAAGCGCCGATTCACA  
55 TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTAGTCTGTC  
AGACCGGGAACGCCCTCGGCCCGGACCCTGGCATCAGCTAGAGG  
GATCCACCGATGAGTCCGGTCGCGGGACTCCTCGGGACAACCAC  
60 AGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTAGTTCGCGTGACCGGGAGA  
TCCGAGCAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAG  
65 GGAATGCCGTA SEC ID N°: 184

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium africanum (aislado clínico)*

5 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCGACCAAUAAGCGCCGAUUCA  
10 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUAGUC  
UGUCAGACCGGGAACGCCUCGGCCCGGACCCUGGCAUCAGCU  
AGAGGGAUCCACCGAUGAGUCCGGUCGCGGGACUCCUCGGGAC  
15 AACCACAGCGACUGGGAUCGUCAUCUCGGCUAGUUCGCGUGAC  
CGGGAGAUCCGAGCAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAG  
20 CCUUGAGGGAAUGCCGUA SEC ID N°: 185

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium gordonae (aislado clínico)*

25 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCATATAAGCGCCGATTCACA  
30 TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTAGTCTGTC  
GGACCGGGAACGCCCTCGCCCCGGACCCCGGCATCAGCTAGAGG  
35 GATCAACCGATGAGTTCGGTCGCGGGACTCATCGGGACACCAAC  
AGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTAGTCCGTGTGACCAGGAGA  
40 TCCGAGCAGAGACATAGCGGACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAG  
GGAATGCCGTA SEC ID N°: 186

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium gordonae (aislado clínico)*

50 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAUAUAAGCGCCGAUUCA  
55 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUAGUC  
UGUCGGACCGGGAACGCCUCGGCCCGGACCCCGGCAUCAGCU  
AGAGGGAUCAACCGAUGAGUUCGGUCGCGGGACUCAUCGGGAC  
60 ACCAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUAGUCCGUGUGAC  
CAGGAGAUCCGAGCAGAGACAUAGCGGACUGCGCACGGAGAAG  
65 CCUUGAGGGAAUGCCGUA SEC ID N°: 187

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium kansasii (aislado clínico)*

5 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCAAATAAGCGCCGATTACA  
10 TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTAGTCTGTC  
AGACCGGGACCGCCCTCGACCCGGACTCTGGCATCAGCTAGAGG  
15 GATCAACCGATGAGTTCGGTTCGCGGGACTCGTCGGGACACCAAC  
AGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTAGTTCGCGTGACCAGGAGA  
20 TCCGAGCAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAG  
GGAATGCCGTA SEC ID N°: 188

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium kansasii (aislado clínico)*

30 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAAUAAGCGCCGAUUCA  
CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUAGUC  
35 UGUCAGACCGGGACCGCCCUCGACCCGGACUCUGGCAUCAGCU  
AGAGGGAUCAACCGAUGAGUUCGGUCGCGGGACUCGUCGGGAC  
40 ACCAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUAGUUCGCGUGAC  
CAGGAGAUCCGAGCAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAG  
45 CCUUGAGGGAAUGCCGUA SEC ID N°: 189

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium chelonae*

50 ACAGCGAGTCTCGACTTAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAG  
AGACCACCGTAAGCGTCATTGCAACCAATTAAGCGCCGATTCTC  
55 ATCAGCGCGACTACGCACTCGCTGCCTAAGCGACTGCGTGTCTG  
TCAGACCGGGAGCGCCCTCAGCCCGGACCCTGGCATCAGCTAGA  
60 GGGACAAACTACGGGTTCGGTTCGCGGGACCCGTAGGGACATCAA  
ACAGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTTGTTCGCGGGACCGAGA  
65 GATCCAAGTAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTA  
ATGAACGGCCGTTG SEC ID N°: 190

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium chelonae*

5 ACAGCGAGUCUCGACUUAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCAUUGCAACCAAUUAAGCGCCGAUUCU  
10 CAUCAGCGCGACUACGCACUCGCUGCCUAAGCGACUGCGUGUC  
UGUCAGACCGGGAGCGCCCUCAGCCCGGACCCUGGCAUCAGCU  
AGAGGGACAAACUACGGGUUCGGUCGCGGGACCCGUAGGGACA  
15 UCAAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCUCGGCUUGUUCGCGGGAC  
CGAGAGAUCCAAGUAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAA  
20 GCCUAAUGAACGGCCGUUG SEC ID N°: 191

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium szulgai (ATCC 35 799)*

25 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCAATTAAGCGCCGAGAACAC  
30 TCAGCGCGACTTCGCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCAAGTCCGT  
CAGACCGGGAAAGCCCTCGACCCGGACCCTGGCGTCATCTAGAG  
35 GGATCCACCGGTGAGTTCGGTCGCGGGACTCATCGGGACACCAA  
CAGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTAGTTCGCGTGACCAGGAG  
40 ATCCGAGTAGAGACATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGA  
GGGAATGCCGTAG SEC ID N°: 192

45 *Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium szulgai (ATCC 35 799)*

50 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAAUUAAGCGCCGAGAAC  
ACUCAGCGCGACUUCGCUCUCGCUGCCUAAGCGACAGCAAGUC  
55 CGUCAGACCGGGAAAGCCCUCGACCCGGACCCUGGCGUCAUCU  
60 AGAGGGAUCCACCGGUGAGUUCGGUCGCGGGACUCAUCGGGAC  
ACCAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUAGUUCGCGUGAC  
65 CAGGAGAUCCGAGUAGAGACAUAAGCGAACUGCGCACGGAGAA  
GCCUUGAGGGAAUGCCGUAG SEC ID N°: 193

ES 2 345 243 T3

*ssrA de Mycobacterium malmoense (aislado clínico)*

5 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCATATAAGCGCCGTTTCAAC  
10 ACAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCTAGTCCGT  
CAGACCGGGAACGCCCTCGACCCGGAGCCTGGCGTCAGCTGGAG  
GGATCCACCGGTGAGTCCGGTCGCGGGACTCATCGGGACATACA  
15 CAGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTGGTTCGCGTGACCGGGAG  
ATCCGAGCAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGA  
20 GGAATGCCGTAG SEC ID N°: 194

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium malmoense (aislado clínico)*

25 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAUAUAAGCGCCGUUUCA  
30 ACACAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACAGCUAGUC  
CGUCAGACCGGGAACGCCUCGACCCGGAGCCUGGCGUCAGCU  
35 GGAGGGAUCCACCGGUGAGUCCGGUCGCGGGACUCAUCGGGAC  
AUACACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUGGUUCGCGUGAC  
40 CGGGAGAUCCGAGCAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAG  
CCUUGAGGGAAUGCCGUAG SEC ID N°: 195

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium flavescens*

50 ACTTCGAGCGTCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAG  
AGACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCAATTAAGCGCCGATTCCA  
55 ATCAGCGCGACTACGCACTCGCTGCCTAAGCGACTGCGTGTCTG  
TCAGCCC GGGAGAGCCCTCGACCCGGTGTCTGGCATCAGCTAGA  
GGGATAAACCGGTGGGTCCGGTCGCGGGACTCATCGGGACATCA  
60 AACAGCGACTGGGATCGTCATCCTGACTTGTTTCGCGTGATCAGG  
AGATCCGAGTAGAGACATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTT  
65 GAGGGAACGCCGTAG SEC ID N°: 196

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium flavescens*

5 ACUUCGAGCGUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAAUUAAGCGCCGAUUC  
10 AAUCAGCGCGACUACGCACUCGCUGCCUAAGCGACUGCGUGUC  
UGUCAGCCC GGGAGAGCCCUCGACCCGGUGUCUGGCAUCAGCU  
AGAGGGAUAAACCGGUGGGUCCGGUCGCGGGACUCAUCGGGAC  
15 AUCAAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGACUUGUUCGCGUGA  
UCAGGAGA UCCGAGUAGAGACAUAGCGAACUGCGCACGGAGA  
20 AGCCUUGAGGGAAACGCCGUAG SEC ID N°: 197

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium marinum*

25 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGATGCAACTAGATAAGCGCCGATTCACA  
30 TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTAGTCTGTC  
GGACCGGGAACGCCCTCGCCCCGGACCCCGGCATCAGCTAGAGG

35  
40 GATCAACCGATGAGTTCGGTCGCGGGGCTCATCGGGACATCAAC  
AGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTAGTTCGCGTGACCAGGAGA  
TCCGAGCAGAGACCTAGCGGACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAG  
45 GGAATGCCGTAG SEC ID N°: 198

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium marinum*

50 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGAUGCAACUAGAUAAAGCGCCGAUUCA  
55 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUAGUC  
UGUCGGACCGGGAACGCCUCGCCCCGGACCCCGGCAUCAGCU  
60 AGAGGGAUCAACCGAUGAGUUCGGUCGCGGGGCUCAUCGGGAC  
AUCAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUAGUUCGCGUGAC  
CAGGAGA UCCGAGCAGAGACCUAGCGGACUGCGCACGGAGAAG  
65 CCUUGAGGGAAUGCCGUAG SEC ID N°: 199

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium microti (aislado ambiental)*

5 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCGACCAAATAAGCGCCGATTCACA  
10 TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTAGTCTGTC  
AGACCGGGAACGCCCTCGGCCCGGACCCTGGCATCAGCTAGAGG  
15 GATCCACCGATGAGTCCGGTCGCGGGACTCCTCGGGACAGCCAC  
AGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTAGTTCGCGTGACCGGGAGA  
20 TCCGAGCAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTGAG  
GGAATGCCGTA SEC ID N°: 200

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium microti (aislado ambiental)*

25 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCGACCAAUAAGCGCCGAUUCA  
30 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUAGUC  
UGUCAGACCGGGAACGCCUCGGCCCGGACCCUGGCAUCAGCU  
35 AGAGGGAUCCACCGAUGAGUCCGGUCGCGGGACUCCUCGGGAC  
AGCCACAGCGACUGGGAUCGUCAUCUCGGCUAGUUCGCGUGAC  
40 CGGGAGAUCCGAGCAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAAG  
CCUUGAGGGAAUGCCGUA SEC ID N°: 201

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium smegmatis (ATCC 10143)*

50 ACTTCGAGCATCGAATCCAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCAATTAAGCGCCGATTCCAA  
55 TCAGCGCGACTACGCCCTCGCTGCCTAAGCGACGGCTGGTCTGT  
CAGACCGGGAGTGCCCTCGGCCCGGATCCTGGCATCAGCTAGAG  
GGACCCACCCACGGGTTCGGTCGCGGGACCTGTGGGGACATCAA  
60 ACAGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTTGTTCGTGTGACCGGGA  
GATCCGAGTAGAGACATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTCG  
65 AGGACATGCCGTAG SEC ID N°: 202

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium smegmatis (ATCC 10143)*

5 ACUUCGAGCAUCGAAUCCAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAAUUAAGCGCCGAUUCC  
AAUCAGCGCGACUACGCCUCGCUGCCUAAGCGACGGCUGGUC  
10 UGUCAGACCGGGAGUGCCCUCGGCCCGGAUCCUGGCAUCAGCU

15 AGAGGGACCCACCCACGGGUUCGGUCGCGGGACCUGUGGGGAC  
AUCAAACAGCGACUGGGAUUCGUCAUCUCGGCUUGUUCGUGUGA  
20 CCGGGAGAUCCGAGUAGAGACAUAGCGAACUGCGCACGGAGAA  
GCCUCGAGGACAUGCCGUAG SEC ID N°: 203

25 *Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium xenopi (aislado clínico)*

30 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAGA  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACTAAATAAGCGCCGATTCACA  
TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCTAGTCCGT  
35 CAGGCCGGGAGTTCCTCGACCCGGATCCTGGCGTCAGCTAGAG  
GGATCCACCGATGGGTTCGGTCGCGGGACCCATCGGGACACCAC  
40 ACAGCGACTGGGATCGCCGTCCCGGCTAGTTCGCGAGACCGGGA  
GATCCGAGTAAGGGCAAAGCGAACTGCGCACGGAGAAGCCTTG  
45 AGGGTATGCCGTA SEC ID N°: 204

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium xenopi (aislado clínico)*

50 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACUAAAUAAGCGCCGAUUCA  
55 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACAGCUAGUC  
CGUCAGGCCGGGAGUUCCCUCGACCCGGAUCCUGGCGUCAGCU  
60 AGAGGGAUCCACCGAUGGGUUCGGUCGCGGGACCCAUCGGGAC  
ACCACACAGCGACUGGGAUUCGCCGUCCC GGCUAGUUCGCGAGA  
65 CCGGGAGAUCCGAGUAAGGGCAAAGCGAACUGCGCACGGAGAA  
GCCUUGAGGGUAUGCCGUA SEC ID N°: 205

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium intracellulare (NCTC 10425)*

5 ACTTCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAACC  
GACCACCGTAAGCGTCGTTGCAAACAGATAAGCGCCGATTCACA  
10 TCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCTAGTCCGT  
CAGACCGGGAACGCCCTCGACCCGGAGCCTGGCGTCAGCTAGAG  
GGATCCACCGATGAGTCCGGTCGCGGGACTTATCGGGACACCAA  
15 CAGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTTGTTCGCGTGACCGGGAG  
ATCCGAGTAGAGGCATAGCGAACTGCGCACGGAGAAGTCTTGAG  
20 GGAATGCCGTAG SEC ID N°: 206

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium intracellulare (NCTC 10425)*

25 ACUUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAC  
CGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAAACAGAUAAAGCGCCGAUUCA  
30 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACAGCUAGUC  
CGUCAGACCGGGAACGCCUCGACCCGGAGCCUGGCGUCAGCU  
35 AGAGGGAUCCACCGAUGAGUCCGGUCGCGGGACUUAUCGGGAC  
ACCAACAGCGACUGGGAUUCGUCAUCUCGGCUUGUUCGCGUGAC  
40 CGGGAGAUCCGAGUAGAGGCAUAGCGAACUGCGCACGGAGAA  
GUCUUGAGGGAAUGCCGUAG SEC ID N°: 207

45 *Parcial, interna de ssrA de Mycobacterium scrofulaceum (NCTC 10803)*

50 ACATCGCGCATCGAATCAAGGGAAGCGTGCCGGTGCAGGCAAG  
AGACCACCGTAAGCGTCGTTGCAACCAATTAAGCGCCGATTCAC  
ATCAGCGCGACTACGCTCTCGCTGCCTAAGCGACAGCTAGTCCG  
55 TCAGACCGGGAAGGCCCTCGACCCGGAGCCTGGCGTCAGCTAGA  
GGGATCAACCGATGAGTTCGGTCGCGGGACTCATCGGGACACCA  
60 ACAGCGACTGGGATCGTCATCCTGGCTAGTCCGCGTGACCAGGA  
GATCCGAGCAGAGGCATAGCGGACTGCGCACGGAGAAGTCTTG  
65 AGGGAATGCCGTTG SEC ID N°: 208

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Mycobacterium scrofulaceum (NCTC 10803)*

5 ACAUCGCGCAUCGAAUCAAGGGAAGCGUGCCGGUGCAGGCAAG  
AGACCACCGUAAGCGUCGUUGCAACCAAUUAAGCGCCGAUUCA  
10 CAUCAGCGCGACUACGCUCUCGCUGCCUAAGCGACAGCUAGUC  
CGUCAGACCGGGAAAGCCCUCGACCCGGAGCCUGGCGUCAGCU  
AGAGGGAUCAACCGAUGAGUUCGGUCGCGGGACUCAUCGGGAC  
15 ACCAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCCUGGCUAGUCCGCGUGAC  
CAGGAGA UCCGAGCAGAGGCAUAGCGGACUGCGCACGGAGAAG  
20 UCUUGAGGGAAUGCCGUUG SEC ID N°: 209

*Parcial, interna de ssrA de Nocardia asteroides*

25 ACTGTGTGCGCCGAGGTAGGGGAAGCGTGTCTGGTGCAGGCTGGA  
GACCACCGTTAAGCGTCGCGGCAACCAATTAAGCGCCGATTCCA  
30 ATCAGCGCGACTACGCCCTCGCTGCCTGATCAGCGACGGCTAGC  
TGTCGGCCCGGGTTGTGTTCCCGAACCCGGATGCCGGCATCATCT  
35 CAGGGAACTCACCGTGTTCCGCCGGTCGCGGACGGACACGGGACA  
GCAAACAGCGACTGGGATCGTCATCTCGGCTTGTTGCGGTGACC  
40 GGGAGATCCAAGTAGAGACATAGCGGACTGCACACGGAGAAGC  
CCTACTGACTCGACACAG SEC ID N°: 210

*Parcial, interna de ARNm de Nocardia asteroides*

50 ACUGUGUGCGCCGAGGUAGGGGAAGCGUGUCGGUGCAGGCUG  
GAGACCACCGUUAAGCGUCGCGGCAACCAAUUAAGCGCCGAUU  
55 CCAAUCAGCGCGACUACGCCUCGCUGCCUGAUCAGCGACGGC  
UAGCUGUCGGCCCGGGUUGUGUUCGGAACCCGGAUGCCGGCA  
UCAUCUCAGGGAACUCACCGUGUUCGCCGGUCGCGGACGGACA  
60 CGGGACAGCAAACAGCGACUGGGAUCGUCAUCUCGGCUUGUUC  
GCGUGACCGGGAGA UCCAAGUAGAGACA UAGCGGCUGCACACG  
65 GAGAAGCCCUACUGACUCGACACAG SEC ID N°: 211

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ssrA de Salmonella enteritidis*

5 ACGGGATTTGCGAAACCCAAGGTGCATGCCGAGGGGGCGGTTGGC  
CTCGTAAAAAGCCGCAAAAAAATAGTCGCAAACGACGAAACCT  
10 ACGCTTTAGCAGCTTAATAACCTGCTTAGAGCCCTCTCTCCCTAG  
CCTCCGCTCTTAGGACGGGGATCAAGAGAGGTCAAACCCAAAAG  
AGATCGCGTGGATGCCCTGCCTGGGGTTGAAGCGTTAAAACGAA  
15 TCAGGCTAGTCTGGTAGTGGCGTGTCCGTCCGCAGGTGCCAGGC  
GAATGTAAAGACTGACTAAGCATGTAGTACCGAGGATGTAGGAA  
20 TTTCGG SEC ID N°: 212

*Parcial, interna de ARNm de Salmonella enteritidis*

25 ACGGGAUUUGCGAAACCCAAGGUGCAUGCCGAGGGGGCGGUUG  
GCCUCGUAAAAAGCCGCAAAAAAAUAGUCGCAAACGACGAAAC  
30 CUACGCUUUAGCAGCUUAAUAACCUAGCUUAGAGCCCUCUCUCC  
CUAGCCUCCGCUCUUAGGACGGGGGAUCAAGAGAGGUCAAACCC  
35 AAAAGAGAUCGCGUGGAUGCCCUGCCUGGGGUUGAAGCGUUA  
AAACGAAUCAGGCUAGUCUGGUAGUGGCGUGUCCGUCCGCAGG  
40 UGCCAGGCGAAUGUAAAGACUGACUAAGCAUGUAGUACCGAG  
GAUGUAGGAAUUUCGG SEC ID N°: 213

*Parcial, interna de ssrA de Staphylococcus epidermidis (NCTC 11047)*

50 ACAGGGGTCCCCCGAGCTTATTAAGCGTGTCCGAGGGTTGGCTC  
CGTCATCAACACATTTTCGGTTAAATATAACTGACAAATCAAACA  
55 ATAATTTTCGCAGTAGCTGCGTAATAGCCACTGCATCGCCTAACA  
GCATCTCCTACGTGCTGTTAACGCGATTCAACCCTAGTAGGATAT  
60 GCTAAACACTGCCGCTTGAAGTCTGTTTAGATGAAATATAATCA  
AGCTAGTATCATGTTGGTTGTTTATTGCTTAGCATGATGCGAAAA  
TTATCAATAAACTACACACGTAGAAAGATTTGTATCAGGACCTC  
65 TGG SEC ID N°: 214

ES 2 345 243 T3

*Parcial, interna de ARNm de Staphylococcus epidermidis (NCTC 11047)*

5 ACAGGGGUCCCCCGAGCUUAUUAAGCGUGUCGGAGGGUUGGCU  
CCGUCAUCAACACAUUUCGGUUAUUUAACUGACAAAUCAAA  
10 CAAUAAUUUCGCAGUAGCUGCGUAAUAGCCACUGCAUCGCCUA  
ACAGCAUCUCCUACGUGCUGUUAACGCGAUUCAACCCUAGUAG  
GAUAUGC UAAACACUGCCGCUUGAAGUCUGUUUAGAUGAAAU  
15 AUAUCAAGCUAGUAUCAUGUUGGUUGUUUAUUGCUUAGCAU  
GAUGCGAAAAUUAUCAAUAAACUACACCGUAGAAAGAUUUG  
20 UAUCAGGACCUCUGG SEC ID N°: 215

*Parcial, interna de ssrA de Streptococcus agalactiae (NCTC 8181)*

25 ACAGGCATTATGAGGTATATTTTGC GACTCATCGGCAGATGTAA  
AATGCCAGTTAAATATAACTGCAAAAAATACAAATTCTTACGCA  
30 TTAGCTGCCTAAAAACAGCCTGCGTGATCTTCACAAGATTGTTT  
GCGTTTTGCTAGAAGGTCTTATTTATCAGCAA ACTACGTTTGGCT  
35 ACTGTCTAGTTAGTTAAAAAGAGATTTATAGACTCGCTATGTGA  
GGGCTTGAGTTATGTGTCATCACCTAGTTAAATCAATACATAACC  
40 TATAGTTGTAGACAAATATATTAGCAGATGTTTGG SEC ID N°:  
216

*Parcial, interna de ARNm de Streptococcus agalactiae (NCTC 8181)*

50 ACAGGCAUUAUGAGGUUAUUAUUUUGCGACUCAUCGGCAGAUGU  
AAA AUGCCAGUUAUUUAUAACUGCAAAAAAUACAAAUUCUUA  
55 CGCAUUAGCUGCCUAAAAACAGCCUGCGUGAUCUUCACAAGA  
UUGUUUGCGUUUUGCUAGAAGGUCUUAUUUAUCAGCAAACUA  
CGUUUGGCUACUGUCUAGUUAGUUAAAAAGAGAUUUUAUAGAC  
60 UCGCUAUGUGAGGGCUUGAGUU AUGUGUCAUCACCUAGUUAA  
AUCAAUACAUAACCUA UAGUUGUAGACAAAUAUUAUUAGCAGA  
65 UGUUUGG SEC ID N°: 217

## ES 2 345 243 T3

De las secuencias anteriores, las SEC ID N°: 47 a 62, 65 a 68, 71 y 72, 98 y 99, 159 a 168 y 176-217 son secuencias nuevas.

Las secuencias anteriormente mencionadas pueden usarse para formar una base de datos de secuencias del gen *ssrA* que pueden usarse para identificar una especie bacteriana, o para la generación de ensayos de diagnóstico de ácido nucleico.

Las sondas representativas identificadas de acuerdo con la invención son las siguientes:

### 10 *Salmonella*

#### 1) Sonda específica de género

15 5'-CGAATCAGGCTAGTCTGGTAG-3' SEC ID N°: 218

### *Micobacteria*

#### 20 2) Sonda oligonucleotídica para la detección del complejo de la tuberculosis

TB01 5'-ACTCCTCGGACA (A/G) CCACAGCGA-3' SEC ID N°: 219

#### 25 3) Sondas oligonucleotídicas para la detección de secuencias de *M. avium* y *M. paratuberculosis*

Sonda 1: PAV1 - 5' - GTTGCAAATAGATAAGCGCC-3' SEC ID N°: 220

Sonda 2: PAV2 - 5' - TCCGTCAGCCCGGGAACGCC-3' SEC ID N°: 221

30

### *Listeria*

#### 35 4) Sonda oligonucleotídica usada en la determinación de la integridad del ARN<sub>tm</sub> después del tratamiento de exterminio térmico de las células

LV<sub>tm</sub>: 5' - TTTTGTTTTCTTTGCCA - 3' SEC ID N°: 222

### 40 *Escherichia coli*

#### 5) Sonda oligonucleotídica usada en la determinación de la integridad del ARN<sub>tm</sub> después del tratamiento de exterminio térmico de las células

45 Evt<sub>tm</sub>: 5' - AGTTTTTCGTCTTTGCCA - 3' SEC ID N°: 223

Otros cebadores representativos de acuerdo con la invención son los siguientes:

### 50 *Micobacteria*

#### 1) Cebadores oligonucleotídicos degenerativos para la amplificación de todas las secuencias micobacterianas

55 Cebador 5' 10SAAM3 - 5' - CAGGCAA (G/C) (A/T/C) GACCACCGTAA-3' SEC ID N°: 224

Cebador 3' 10SAAM4 - 5' GGATCTCC(C/T)G(A/G)TC(A/T)C(A/G)CG(A/G)AC (A/T)A-3' SEC ID N°: 225

60

#### 2) Cebadores oligonucleotídicos para la amplificación de *M. avium* y *M. paratuberculosis*

Cebador 5': directoAP1-5'-TGCCGGTGCAGGCAACTG-3' SEC ID N°: 226

65 Cebador 3': inversoAP2 -5' - CACGCGAACAAGCCAGGA-3' SEC ID N°: 227

### Breve descripción de los dibujos

En los dibujos adjuntos:

- 5 La figura 1 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de *E. coli* y *V. cholerae*;
- La figura 2 es una fotografía de un gel de agarosa del ARN celular total, preparado de células de *E. coli* y *V. cholerae*.
- 10 La fig. 3 es una fotografía de un autorradiograma de hibridación de una sonda oligonucleotídica de *V. cholerae* con transcritos de ARNm de *E. coli* y *V. cholerae*;
- La fig. 4 es una fotografía de un gel de agarosa de los productos amplificados de cebadores universales de amplificación del gen *ssrA* universal procedente de un panel de organismos;
- 15 La fig. 5 es un alineamiento de clustal de las secuencias del gen *ssrA* de las especies de *Listeria*;
- La fig. 6 es un alineamiento de clustal de las secuencias del gen *ssrA*/ARNtm de *B. subtilis*;
- 20 La fig. 7 es una fotografía de un gel de agarosa de los productos amplificados de cebadores de amplificación por PCR específicos del género *Listeria* procedente de un panel de organismos;
- La fig. 8 es una fotografía de un autorradiograma de una sonda oligonucleotídica específica del género *Listeria* hibridada con un panel de organismos como se prepara en el Ejemplo 4;
- 25 La figura 9 es una fotografía de un autorradiograma de una sonda oligonucleotídica específica de la especie *L. monocytogenes* hibridada con un panel de organismos como se prepara en el Ejemplo 7;
- La fig. 10 es una imagen escaneada por ordenador de una tira de membrana de nylon usada en la detección múltiple de sonda colorimétrica de secuencias deL gen *ssrA* de *Listeria* como se describe en Ejemplo 6.
- 30 La figura 11 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de cepas de *C. trachomatis*;
- La fig. 12 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de cepas de *H. pylori*;
- 35 La fig. 13 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de cepas de *M. genitalium*;
- La fig. 14 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de cepas de *Neisseria gonorrhoeae*;
- 40 La fig. 15 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de cepas de *L. monocytogenes*;
- La fig. 16 es un alineamiento de clustal de secuencias del gen *ssrA* de cepas de *L. monocytogenes* y de la cepa *L. innocua*;
- 45 La fig. 17 es una fotografía de un autorradiograma de una sonda oligonucleotídica de *Listeria* (Evtm) hibridada con muestras de ARN total aislado después del tratamiento térmico del medio de células de *E. coli*;
- La fig. 18 es una fotografía de un autorradiograma de una sonda oligonucleotídica de *Listeria* (Evtm) hibridada con muestras de ARN total aislado después del tratamiento térmico extremo de células de *E. coli*;
- 50 La fig. 19 es una fotografía de un autorradiograma de una sonda oligonucleotídica de *Listeria* (Lvtm) hibridada con muestras de ARN total aislado después del tratamiento térmico medio de células de *L. monocytogenes*;
- La fig. 20 es una fotografía de un autorradiograma de una sonda oligonucleotídica de *Listeria* (Lvtm) hibridada con muestras de ARN total aislado después del tratamiento térmico extremo de células de *L. monocytogenes*; y
- 55 La figura 21 es una fotografía de un gel de agarosa de productos de ARNm generados por RT-PCR a diversos momentos después del tratamiento térmico.
- La invención se ilustrará adicionalmente por los siguientes ejemplos.
- 60

### Modos para llevar a cabo la invención

#### Ejemplo 1

65 *Examen de las secuencias primarias de nucleótidos de secuencias disponibles de ARNm*

Un alineamiento comparativo de las secuencias primarias de nucleótidos de secuencias disponibles de ARNm usando el programa de alineamiento de ácido nucleico Clustal W demostró que las secuencias de ARNm de procario-

## ES 2 345 243 T3

tas muestran un grado más significativo de variabilidad y no homología de secuencias de nucleótidos que otros ARN bacterianos de alto número de copias, como se muestra en la Tabla 1.

TABLA 1

Porcentaje de homología de secuencias de nucleótidos entre moléculas de ARN de diferentes bacterias.		
	<i>Escherichia coli</i> frente <i>Vibrio cholerae</i>	<i>Bacillus subtilis</i> frente <i>Mycobacterium tuberculosis</i>
% de homología del ARNr	88	66
% de homología del ARNtm	68	25

Estas regiones de no homología entre secuencias de ARNtm de diferentes bacterias se localizan en el centro de la molécula y el grado de no-homología de la secuencia de nucleótidos dentro de la molécula de ARNtm indica que podrían generarse sondas específicas de género así como de especie para diferenciar entre y/o detectar bacterias.

Los alineamientos de secuencias de nucleótidos habían demostrado previamente que las regiones flanqueantes 5' y 3' de las moléculas de ARNtm comparten un alto grado de homología tanto dentro de la especie como dentro del género. Esta observación indicó que podrían generarse cebadores oligonucleotídicos universales para amplificar el gen *ssrA* o su ARNtm codificante a partir de una amplia diversidad de bacterias.

Ahora los inventores han demostrado que estas regiones de homología y no homología dentro de la secuencia de nucleótidos de las moléculas de ARNtm de diferentes organismos pueden usarse como base para la identificación y detección de organismos a nivel molecular.

### Ejemplo 2

#### *Desarrollo de una sonda específica de ARNtm de V. cholerae*

Como se representa en la Figura 1, un alineamiento de las secuencias de nucleótidos de las secuencias de *ssrA* de *E. coli* (SEC ID N°: 37) y *V. cholerae* (SEC ID N°: 127), muestra que estas dos especies bacterianas están filogenéticamente muy relacionadas. Sin embargo, son regiones de no homología entre las secuencias como se pone de manifiesto por la ausencia de asteriscos (en la figura). Se sintetizó una sonda oligonucleotídica, complementaria con la región variable de la secuencia de nucleótidos de *ssrA* de *V. cholerae*, subrayada en la figura 1.

La secuencia de la sonda específica del ARNtm de *V. cholerae* es

5'- AACGAATGGCTAACCTGAA-3' SEC ID N°. 169

Se aisló ARN total de cultivos líquidos de *E. coli* y *V. cholerae* en la fase media exponencial y en la fase estacionaria del crecimiento. Se realizó la electroforesis de cantidades equivalentes del ARN total aislado en un gel de agarosa desnaturizado con formaldehído y se realizó la transferencia sobre una membrana de nylon HYBOND-N como se muestra en la Figura 2, en la que los carriles 1-4 representan lo siguiente:

- Carril 1: ARN total de *E. coli* en la fase med-log
- Carril 2: ARN total de *V. cholerae* en la fase med-log
- Carril 3: ARN total de *E. coli* en la fase estacionaria
- Carril 4: ARN Total de *V. cholerae* en la fase estacionaria

Después, la transferencia de Northern resultante, se hibridó con la sonda específica del ARNtm de *V. cholerae* marcada en el extremo con  $\gamma\text{P}^{32}$ . Los resultados del experimento de hibridación mostrados en la Figura 3 demuestran la especificidad de la sonda ya que solo se detectaron los ARNtm de *V. cholerae*. Por otra parte, se observó un mayor grado de intensidad de la señal de hibridación con el aislado del ARNtm de *V. cholerae* procedente de cultivos durante la fase estacionaria del crecimiento, lo que indica que durante esta fase, está presente un mayor número de copias de la molécula de ARNtm en células de *V. cholerae*.

## ES 2 345 243 T3

### Ejemplo 3

*Generación de cebadores oligonucleotídicos universales de amplificación de ssrA/ARNtm para la caracterización de secuencias desconocidas del gen ssrA y del ARNtm*

5

El alineamiento mediante Clustal W de todas las secuencias disponibles del gen ssrA y del ARNtm indicó que podrían diseñarse cebadores oligonucleotídicos degenerados para amplificar secuencias de nucleótidos del gen ssrA y del ARNtm para una amplia diversidad de organismos.

10

Se sintetizaron cebadores oligonucleotídicos degenerados para amplificar por PCR secuencias del gen ssrA procedentes de preparaciones de ADN genómico total de una amplia variedad de bacterias.

Las secuencias de los oligonucleótidos degenerados sintetizados son las siguientes:

15

(a) *tmU5'*: cebador para ampliación por PCR *in vitro* 5'

5'- GGG(A/C)(C/T)TACGG(A/T)TTCGAC- 3' SEC ID N°: 170

20

(b) *tmU3'*: cebador para ampliación por PCR *in vitro* 3'

5'- GGG(A/G)TCGAACC(A/G)(C/G)GTCC- 3' SEC ID N°: 171

25

Las posiciones de las bases degeneradas se indican entre paréntesis.

30

En un gel de agarosa, se realizó la electroforesis de los productos de las reacciones de PCR y en todos los casos se amplificó un producto PCR de 350 pares de bases (aprox.), como se muestra en la Figura 4, lo que demuestra la "universalidad" de los cebadores degenerados del ARNtm.

En la Figura 4 los carriles representan lo siguiente:

35

Carril A: Marcador de peso molecular V

Carril 1: *Escherichia coli*

40

Carril 2: *Salmonella poona*

Carril 3: *Klebsiella aerogenes*

Carril 4: *Proteus mirabilis*

45

Carril 5: *Proteus rettgeri*

Carril 6: *Aeromonas hydrophilia*

Carril 7: *Staphylococcus aureus*

50

Carril 8: *Enterococcus faecalis*

Carril 9: *Lactobacillus lactis*

Carril 10: *Bacillus subtilis*

55

Carril 11: *Listeria monocytogenes*

Carril 12: *Listeria innocua*

Carril 13: *Listeria murrayi*

60

Carril 14: *Listeria welshimeri*

Carril 15: *Listeria grayi*

Carril 16: *Mycobacterium bovis*

65

Carril B: Marcador de peso molecular V

## ES 2 345 243 T3

Los cebadores universales amplifican el gen *ssrA* de bacterias Gram-positivas y Gram negativas, como se muestra en la Tabla 2.

TABLA 2

Especies bacterianas ensayadas con cebadores de amplificación universales		
		Productos PCR
Bacterias Gram negativas	<i>Escherichia coli</i>	+
	<i>Salmonella poona</i>	+
	<i>Klebsiella aerogenes</i>	+
	<i>Proteus mirabilis</i>	+
	<i>Proteus rettgeri</i>	+
	<i>Aeromonas hydrophilia</i>	+
Bacterias Gram positivas	<i>Staphylococcus aureus</i>	+
	<i>Enterococcus faecalis</i>	+
	<i>Lactobacillus lactis</i>	+
	<i>Bacillus subtilis</i>	+
	<i>Listeria monocytogenes</i>	+
	<i>Listeria innocua</i>	+
	<i>Listeria murrayi</i>	+
	<i>Listeria welshimeri</i>	+
	<i>Listeria grayi</i>	+
	<i>Mycobacterium bovis</i>	+

### Ejemplo 4

*Aislamiento y caracterización de secuencias de nucleótidos bacterianas previamente desconocidas de ssrA/ARNtm*

Se subclonaron los productos PCR amplificados procedentes de ADN genómico de especies de la bacteria *Listeria* y de la bacteria *M. bovis*, de la tabla 2, en un vector plasmidial de cola T con objeto de realizar la secuenciación del ADN. Para cada especie se seleccionaron tres clones recombinantes y se secuenciaron por el procedimiento de secuenciación di-desoxi. Para cada subclon, se determinó la secuencia de las dos hebras del ADN.

La secuencia de nucleótidos determinada para el gen *ssrA* *M. bovis* comparte homología del 100% con la secuencia del gen *ssrA* de *Mycobacterium tuberculosis*.

En la Fig. 5 se muestra un alineamiento mediante clustal W de las nuevas secuencias génicas de *ssrA* obtenidas para las especies de *Listeria* (SEC ID N°: 51, 53, 55, 59 y 61). Este análisis indicó que para la bacteria *Listeria* pueden generarse sondas específicas de género y cebadores de amplificación oligonucleotídicos. Además, el alineamiento indicó también que puede generarse una sonda oligonucleotídica específica de especie que diferenciará *L. monocytogenes* de las otras especies de *Listeria*.

En la Figura 5 los cebadores oligonucleotídicos específicos de género propuestos, Ltm 1 y 2 de Ltm, están enmarcados, así como la sonda oligonucleotídica específica del género *Listeria*, LGtm. La secuencia de la sonda oligonucleotídica específica de la especie *L. monocytogenes*, *LStm*, está subrayada y en cursiva.

## ES 2 345 243 T3

Para ilustrar adicionalmente que la diana del ácido nucleico del gen *ssrA/ARNtm* es una diana adecuada para diagnósticos bacterianos, se llevó a cabo un alineamiento comparativo de la secuencia de nucleótidos del gen *ssrA* de *L. monocytogenes* (SEC ID N°. 55) con la secuencia de nucleótidos del gen *ssrA* disponible de *B. subtilis* (SEC ID N°. 11) (una bacteria filogenéticamente estrechamente relacionada con *Listeria*) como se muestra en la Figura 6.

5 El análisis del alineamiento de secuencia mostró un porcentaje de homología de secuencia de nucleótidos del 41%, mientras que el alineamiento correspondiente del ARNr 16S presentó un porcentaje de homología de secuencia de nucleótidos del 87%, (datos no mostrados).

### 10 Ejemplo 5

*Generación y aplicación de cebadores de amplificación específicos de género del gen ssrA/ARNtm, sondas específicas de género y específicas de especie para la especie bacteriana Listeria*

15 Usando el alineamiento de secuencias de nucleótidos del gen *ssrA/ARNtm* del género *Listeria* del Ejemplo 4, se analizaron las regiones de la secuencia de nucleótidos del gen *ssrA/ARNtm* para determinar su idoneidad para la generación de cebadores de amplificación específicos de género, y sondas oligonucleotídicas específicas de género y específicas de especie. En este análisis, las regiones que demostraron las mayores diferencias de secuencia para *B. subtilis*, se seleccionaron en el diseño de estas sondas y cebadores de amplificación.

20 Las secuencias de los oligonucleótidos sintetizados son las siguientes:

(a) *Ltm1: cebador de amplificación específico del género Listeria 5'*

25 5' -AAAGCCAATAATAACTGG- 3' SEC ID N°: 172

(b) *Ltm2: cebador de amplificación específico del género Listeria 3'*

30 5' -CCAGAAATATCGGCACTT- 3' SEC ID N°: 173

(c) *LGtm: sonda de hibridación específica del género Listeria*

35 5' -GTGAGACCCTTACCGTAG- 3' SEC ID N°: 174

(d) *LStm: sonda de hibridación específica de la especie L.*

40 45 5' -TCTATTTAACCCAGACG- 3' SEC ID N°: 175

Los cebadores de amplificación específicos de género *Ltm1* y *Ltm2* se usaron, en cada caso, como molde en una serie de reacciones de PCR con ADN genómico total de veinte cepas diferentes. Con estos cebadores, únicamente se amplificaron las secuencias del gen *ssrA* de las especies de *Listeria* (producto de 260 pares de bases) (Fig. 7 y Tabla 3) lo que demuestra que el gen *ssrA/ARNtm* es una diana adecuada para la amplificación *in vitro* específica de un género de bacteria. En ninguna otra especie bacteriana ensayada se observaron productos de amplificación, aunque se obtuvieron productos PCR del ADN de estas especies bacterianas usando los cebadores universales (*tmU5'* y *tmU3'*) descritos en el ejemplo 2.

55

60

65

## ES 2 345 243 T3

En la Fig. 7 los carriles representan lo siguiente:

5	Carril A:	Marcador de peso molecular V
	Carril 1:	<i>E. coli</i>
10	Carril 2:	<i>S. poona</i>
	Carril 3:	<i>K. aerogenes</i>
	Carril 4:	<i>P. mirabilis</i>
15	Carril 5:	<i>P. rettgeri</i>
	Carril 6:	<i>A. hydrophilia</i>
	Carril 7:	<i>S. aureus</i>
20	Carril 8:	<i>E. faecalis</i>
	Carril 9:	<i>L. lactis</i>
	Carril 10:	<i>B. subtilis</i>
25	Carril 11:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 1
	Carril 12:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 2
	Carril 13:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 3
30	Carril 14:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 4
	Carril 15:	<i>L. monocytogenes</i> aislado clínico
	Carril 16:	<i>L. innocua</i>
35	Carril 17:	<i>L. murrayi</i>
	Carril 18:	<i>L. welshimeri</i>
	Carril 19:	<i>L. grayi</i>
40	Carril 20:	<i>M. bovis</i>
	Carril B:	Marcador de peso molecular V
45		
50		
55		
60		
65		

# ES 2 345 243 T3

TABLA 3

Especies bacterianas ensayadas con cebadores de amplificación específicos de <u>Listeria</u>		
		Productos PCR
Bacterias Gram negativas	<i>Escherichia coli</i>	-
	<i>Salmonella poona</i>	-
	<i>Klebsiella aerogenes</i>	-
	<i>Proteus mirabilis</i>	-
	<i>Proteus rettgeri</i>	-
	<i>Aeromonas hydrophilia</i>	-
Bacterias Gram positivas	<i>Staphylococcus aureus</i>	-
	<i>Enterococcus faecalis</i>	-
	<i>Lactobacillus lactis</i>	-
	<i>Bacillus subtilis</i>	-
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 1	+
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 2	+
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 3	+
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 4	+
	Aislado clínico de <i>Listeria monocytogenes</i>	+
	<i>Listeria innocua</i>	+
	<i>Listeria murrayi</i>	+
	<i>Listeria welshimeri</i>	+
	<i>Listeria grayi</i>	+
<i>Mycobacterium bovis</i>	-	

La sonda oligonucleotídica específica del género *Listeria*, LGtm, se hibridó con la transferencia de Southern representada en la figura 4. Se observaron señales positivas de hibridación sólo con especies de *Listeria*, como se muestra en la Fig. 8 y en la Tabla 4, lo que demuestra la utilidad de la secuencia de ARNtm como una diana en la detección de un género específico.

En la Fig. 8 los carriles representan lo siguiente:

Carril A      Marcador de peso molecular V  
 Carril 1:     *Escherichia coli*

## ES 2 345 243 T3

5	Carril 2:	<i>Salmonella poona</i>
	Carril 3:	<i>Klebsiella aerogenes</i>
	Carril 4:	<i>Proteus mirabilis</i>
	Carril 5:	<i>Proteus rettgeri</i>
10	Carril 6:	<i>Aeromonas hydrophilia</i>
	Carril 7:	<i>Staphylococcus aureus</i>
	Carril 8:	<i>Enterococcus faecalis</i>
	Carril 9:	<i>Lactobacillus lactis</i>
15	Carril 10:	<i>Bacillus subtilis</i>
	Carril 11:	<i>Listeria monocytogenes</i>
	Carril 12:	<i>Listeria innocua</i>
20	Carril 13:	<i>Listeria murrayi</i>
	Carril 14:	<i>Listeria welshimeri</i>
	Carril 15:	<i>Listeria grayi</i>
25	Carril 16:	<i>Mycobacterium bovis</i>
	Carril B:	Marcador de peso molecular V

30

35 Se realizó la transferencia de Southern de los productos PCR generados usando la amplificación específica de género descrita en este ejemplo y se muestra en la Figura 7 y se hibridaron con la sonda oligonucleotídica específica de la especie *L. monocytogenes*. Se observó una señal de hibridación positiva con tres de las cuatro cepas tipificadas y el aislado clínico de *L. monocytogenes* como se muestra en la Figura 9 y en la Tabla 4.

En la Fig. 9 los carriles representan lo siguiente:

40

	Carril A:	Marcador de peso molecular V
	Carril 1:	<i>E. coli</i>
45	Carril 2:	<i>S. poona</i>
	Carril 3:	<i>K. aerogenes</i>
	Carril 4:	<i>P. mirabilis</i>
50	Carril 5:	<i>P. rettgeri</i>
	Carril 6:	<i>A. hydrophilia</i>
	Carril 7:	<i>S. aureus</i>
55	Carril 8:	<i>E. faecalis</i>
	Carril 9:	<i>L. lactis</i>
60	Carril 10:	<i>B. subtilis</i>

65

## ES 2 345 243 T3

	Carril 11:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 1
	Carril 12:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 2
5	Carril 13:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 3
	Carril 14:	<i>L. monocytogenes</i> cepa 4
	Carril 15:	Aislado clínico de <i>L. monocytogenes</i>
10	Carril 16:	<i>L. innocua</i>
	Carril 17:	<i>L. murrayi</i>
15	Carril 18:	<i>L. welshimeri</i>
	Carril 19:	<i>L. grayi</i>
20	Carril 20:	<i>M. bovis</i>
	Carril B:	Marcador de peso molecular V

TABLA 4

Especificidad de la sonda específica del género <i>Listeria</i> y de la sonda específica de la especie <i>L. monocytogenes</i>			
		Sonda LGtm específica de género	Sonda LStm específica de especie
Bacterias Gram negativas	<i>Escherichia coli</i>	-	-
	<i>Salmonella poona</i>	-	-
	<i>Klebsiella aerogenes</i>	-	-
	<i>Proteus mirabilis</i>	-	-
	<i>Proteus rettgeri</i>	-	-
	<i>Aeromonas hydrophilia</i>	-	-
Bacterias Gram positivas	<i>Staphylococcus aureus</i>	-	-
	<i>Enterococcus faecalis</i>	-	-
	<i>Lactobacillus lactis</i>	-	-
	<i>Bacillus subtilis</i>	-	-
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 1	+	+
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 2	+	+
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 3	+	+
	<i>Listeria monocytogenes</i> cepa 4	+	-
	<i>Listeria monocytogenes</i> aislado clínico	+	+
<i>Listeria innocua</i>	+	-	
<i>Listeria murrayi</i>	+	-	

## ES 2 345 243 T3

	<i>Listeria welshimeri</i>	+	-
	<i>Listeria grayi</i>	+	-
5	<i>Mycobacterium bovis</i>	-	-

La cepa 4, una de las cepas tipificadas de *L. monocytogenes*, no pudo generar una señal positiva con esta sonda. La secuenciación de ADN del gen *ssrA* amplificado por PCR de esta cepa demostró que este contenía una región diana de sonda idéntica a *L. innocua*. Sin embargo, cabe señalar, que el gen *ssrA* de esta cepa contiene otras regiones en las que la secuencia es idéntica a la de la cepa de *L. monocytogenes* anteriormente caracterizada y que estas secuencias son diferentes a las secuencias de *L. innocua*., como se muestra en la Figura 15. Por lo tanto, puede sintetizarse un oligonucleótido específico de especie dirigido a una de estas regiones variables que reconocería cada tipo de cepa (aislada) dentro de la especie, por ejemplo *L. monocytogenes*.

15

### Ejemplo 6

20 *Detección por sonda colorimétrica múltiple de secuencias del gen ssrA de Listeria*

LGTm (A), LStm (B) y una sonda oligonucleotídica de la SEC ID N°: 228 de espaciador de ARNr 16S - 23S (C - 5' CATTAAACTTTAG-CAAGGAAGTG 3') de *Campylobacter upsaliensis* se unieron de manera irreversible a tiras de membrana de nylon y se hibridaron con el producto PCR amplificado de *ssrA*, usando los cebadores específicos de género, Ltm1 y Ltm2 (Ltm1 se marcó con biotina en el extremo 5'), de *L. monocytogenes* (1-6), *L. innocua* (7-10), *L. ivanovii* (11), *L. murrayi* (12), *L. seeligeri* (13), *L. welshimeri* (14) y *L. grayii* (15). También se hibridaron los productos PCR amplificados de *ssrA*, usando tmU5' y tmU3' (tmU5' se marcó con biotina en el extremo 5'), con las tiras de la membrana de nylon de las bacterias Gram-positivas, *B. subtilis*, *L. lactis*, *S. aureus*, *S. epidermis*, *E. faecalis*, *C. perfringens* (16-21) y las bacterias Gram-negativas *E. coli*, *S. enteritidis*, *P. Rettgeri*, *K. aerogenes* (22-25). Como se muestra en la Fig. 10, después de la hibridación, el desarrollo del ensayo colorimétrico con biotina reveló lo siguiente: las Tiras 1-6 demuestran que el producto PCR amplificado de *ssrA* se origina de *L. monocytogenes* combinado con la confirmación de que el producto PCR amplificado es del género *Listeria* - A y B dan detección de color; las Tiras 7 - 15 demuestran que estos productos PCR se originan del género *Listeria* - solo A da detección de color; y las Tiras 16 - 25 demuestran que los productos PCR no son del género *Listeria* - no se detecta color. C es una sonda de control oligonucleotídica negativa y D es un control positivo del ensayo de detección colorimétrico para todas las muestras.

35

### Ejemplo 7

40 *Uso de secuencias de ssrA/ARNtm para diferenciar entre especies de organismos*

Los alineamientos mediante Clustal W como se muestra en las Figs. 11 (SEC ID N°: 19 y 21), 12 (SEC ID N°: 41 y 43), 13 (SEC ID N°: 77 y 79), 14 (SEC ID N°: 83 y 85), 15 y 16 (SEC ID N°: 53, 55 y 57), indican que hay diferencias de nucleótidos dentro de las secuencias de *ssrA/ARNtm* de diferentes cepas de la misma bacteria. Esto sugiere que las secuencias de *ssrA/ARNtm* posiblemente podrían usarse para discriminar entre individuos y/o grupos de cepas dentro de una especie bacteriana. Esto puede tener aplicaciones útiles en epidemiología y análisis de población bacteriana.

45

### Ejemplo 8

50 *Análisis de integridad del ARNtm después del tratamiento térmico medio y extremo de células bacterianas*

Se trataron cultivos de *E. coli* y *L. monocytogenes* a 80°C, durante 20 minutos en el caso de *E. coli* y 40 minutos en el caso de *L. monocytogenes* y a 120°C durante 15 minutos (esterilizando en autoclave) después del crecimiento durante una noche y se ensayó su viabilidad a las 0 h, 1 h, 2 h, 6 h, 12 h, h 24 y 48 horas después del tratamiento térmico. No se observó viabilidad en ningún período de tiempo ensayado. También se aisló ARN total en estos períodos de tiempo y se realizó la electroforesis en geles de agarosa al 1,2% desnaturizantes y la transferencia de Northern. Cada transferencia se hibridó, en el caso de *E. coli* (Figs 17 y 18), con una sonda oligonucleotídica marcada radiactivamente Evtm y en el caso de *L. monocytogenes* (Figs 19 y 20) con una Lvtm radiomarcada. Con cada muestra ensayada no se detectó ningún transcrito de ARNtm, lo que demuestra que el transcrito de ARNtm se degrada después del tratamiento térmico. Los carriles representados con la anotación +ve son una muestra de ARN total de control positivo.

60

### Ejemplo 9

65 *Uso del transcrito de ARNtm para diferenciar entre bacterias viables y no viables*

Un cultivo de 100 ml de *L. monocytogenes* creció durante una noche en un cultivo líquido. Después del crecimiento, se llevaron a cabo diluciones en serie de las células y se determinó la viabilidad sembrando en placas de propagación

## ES 2 345 243 T3

sobre placas de agar nutritivo. Simultáneamente, se aisló ARN total de una alícuota de 1 ml de estas células. El resto de las células se calentó a 65°C durante 20 minutos. Después, las células se eliminaron para el análisis de viabilidad y el aislamiento de ARN total. Se tomaron muestras para la viabilidad y el aislamiento de ARN en períodos de tiempo de 0 h, 2 h, 6 h y 24 horas después del tratamiento.

5

La siembra en placas de propagación sobre placas de agar nutritivo indicó que el tratamiento térmico exterminó células de *L. monocytogenes*, no observándose ninguna unidad formadora de colonias viable. Después, cada aislado de muestra de ARN se trató con DNasa para eliminar cualquier ADN contaminante y las muestras de ARN total (100 ng) se sometieron a amplificación PCR - Transcriptasa Inversa usando los cebadores oligonucleotídicos Ltm1 y Ltm2 específicos de *ssrA/ARNtm* del género *Listeria*. Las reacciones de amplificación de control negativo incluyeron cebadores, diana y Taq polimerasa, pero no transcriptasa inversa. Los resultados de las reacciones de amplificación se muestran en la Figura 12.

10

Sólo se observaron productos RT-PCR de ARNtm amplificados con la muestra de RNA no tratada con calor. Las muestras restantes no dieron ningún producto RT-PCR lo que indica que las moléculas de ARNtm en estas muestras pueden haberse degradado en las células tratadas con calor no viables.

15

En la Fig. 21 los carriles representan lo siguiente:

20

Carril A: Marcador de peso molecular V;

Carril 1: Amplificación del ARN por PCR (tratamiento de células sin calor) - Transcriptasa Inversa (RT), + Taq polimerasa (TP);

25

Carril 2: RT-PCR del ARN (tratamiento de células sin calor), + RT, +TP;

Carril 3: Amplificación del ARN por PCR (a tiempo 0 después del tratamiento térmico), -RT, +TP;

Carril 4: RT-PCR del ARN (a tiempo 0 después del tratamiento térmico), +RT, +TP;

30

Carril 5: Amplificación del ARN por PCR (a tiempo 1 h después del tratamiento térmico), - RT, +TP;

Carril 6: RT-PCR del ARN (a tiempo 1 h después del tratamiento térmico), +RT, +TP;

35

Carril 7: Amplificación del ARN por PCR (a tiempo 2 h después del tratamiento térmico), - RT, +TP;

Carril 8: RT-PCR del ARN (a tiempo 2 h después del tratamiento térmico), +RT, +TP;

Carril 9: Amplificación del ARN por PCR (a tiempo 6 h después del tratamiento térmico), -RT, +TP;

40

Carril 10: RT-PCR del ARN (a tiempo 6 h después del tratamiento térmico), +RT, +TP;

Carril 11: Amplificación del ARN por PCR (a tiempo 24 h después del tratamiento térmico), -RT, +TP;

45

Carril 12: RT-PCR del ARN (a tiempo 24 h después del tratamiento térmico), +RT, +TP;

Carril B: Marcador de peso molecular V;

50

55

60

65

## ES 2 345 243 T3

### REIVINDICACIONES

- 5 1. El uso del gen *ssrA* o un fragmento del mismo constituido al menos por 10 nucleótidos como una región diana en un ensayo de ácidos nucleicos por sonda para la detección e identificación de un organismo *in vitro* procariota o eucariota.
- 10 2. El uso de acuerdo con la reivindicación 1, en el que un fragmento de la molécula del gen *ssrA* correspondiente a una región de alta homología del extremo 5' de la molécula de ADN se usa como una región diana universal.
- 15 3. El uso de acuerdo con la reivindicación 1, en el que un fragmento de la molécula del gen *ssrA* correspondiente a una región de alta homología del extremo 3' de la molécula de ADN se usa como una región diana universal.
- 20 4. El uso de acuerdo con la reivindicación 1, en el que un fragmento de la molécula del gen *ssrA* correspondiente a una región de baja homología se usa como una región diana en un ensayo de ácidos nucleicos por sonda para diferenciar entre especies.
- 25 5. El uso de acuerdo con la reivindicación 1, en el que un fragmento de la molécula del gen *ssrA* correspondiente a una región de baja homología se usa como una región diana para la generación de una sonda específica de un género.
- 30 6. El uso de ARN<sub>tm</sub>, de un transcrito de ARN del gen *ssrA*, o de un fragmento del mismo constituido al menos por diez nucleótidos como una región diana en un ensayo de ácidos nucleicos por sonda para la detección e identificación de un organismo procariota o eucariota.
- 35 7. El uso de acuerdo con la reivindicación 6, en el que un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de alta homología del extremo 5' de la molécula de ARN<sub>tm</sub> se utiliza como una región diana universal.
- 40 8. El uso de acuerdo con la reivindicación 6, en el que un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de alta homología en el extremo 3' de la molécula de ARN<sub>tm</sub> se utiliza como una región diana universal.
- 45 9. El uso de acuerdo con la reivindicación 6, en el que un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de baja homología se usa como una región diana en un ensayo de ácidos nucleicos por sonda para diferenciar entre especies.
- 50 10. El uso de acuerdo con la reivindicación 6, en el que un fragmento de una molécula de ARN<sub>tm</sub> correspondiente a una región de baja homología se usa como una región diana para la generación de una sonda específica de un género.
- 55 11. El uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que dicho fragmento del gen *ssrA* o dicho fragmento de ARN<sub>tm</sub> se usa como base de un cebador para usar en un procedimiento de amplificación.
- 60 12. El uso de acuerdo con la reivindicación 11, en el que el producto del procedimiento de amplificación se usa como región diana en un ensayo de ácidos nucleicos por sonda.
- 65 13. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6 - 12, en el que un transcrito de ADN<sub>c</sub> de una molécula de ARN<sub>tm</sub> se utiliza como una sonda en un ensayo de hibridación de ácidos nucleicos.
14. El uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que la región diana se usa como base de un ensayo para diferenciar organismos procariotas o eucariotas, vivos y muertos.
15. El uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que la región diana se usa en un formato de sondas múltiples para la detección y/o identificación a gran escala de organismos procariotas o eucariotas.
16. El uso de acuerdo con la reivindicación 15, en el que una sonda del gen *ssrA* o una sonda de un transcrito de ARN<sub>tm</sub> está unida a un sistema de microplaca de genes de micromatriz para la detección e identificación a gran escala a alto rendimiento de organismos procariotas o eucariotas.
17. El uso de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en el que la región diana se usa como una sonda en un ensayo para detectar organismos procariotas o eucariotas en una muestra de materia.
18. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-13, en el que un fragmento del gen *ssrA* o del transcrito de ARN<sub>tm</sub> se usa en un ensayo para obtener un perfil de ADN de un sistema procariota o eucariota y, por lo tanto, diferenciar entre cepas de la misma especie.
19. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-13, en el que gen *ssrA*, el transcrito de ARN<sub>tm</sub> o una secuencia de ADN complementaria de este, o un fragmento del mismo, se usa para diseñar un agente dirigido contra organismos infecciosos procariotas o eucariotas para propósitos terapéuticos.

## ES 2 345 243 T3

20. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-13, en el que la región diana se usa para controlar la eficacia de las terapias con fármacos contra agentes infecciosos.

5 21. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-13, en el que la región diana se usa para controlar la viabilidad y el nivel de organismos beneficiosos para la salud en el tracto gastrointestinal.

22. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-13, en el que el ensayo se usa para la cuantificación de organismos procariotas o eucariotas.

10 23. El uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5 y 11-13, en el que, para identificar un organismo procariota o eucariota, se usa una base de datos de las secuencias del gen *ssrA*.

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65



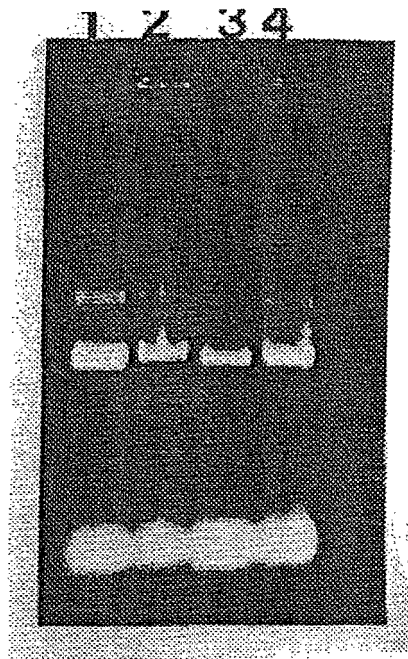


FIG. 2

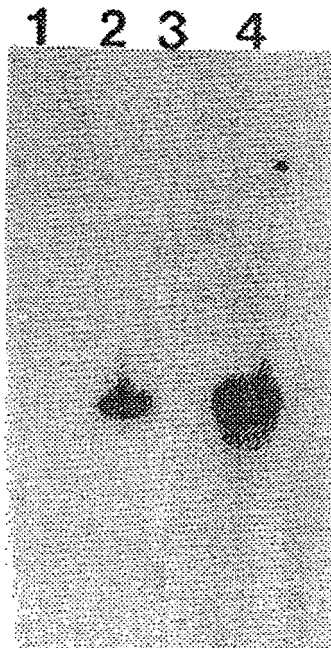


FIG. 3

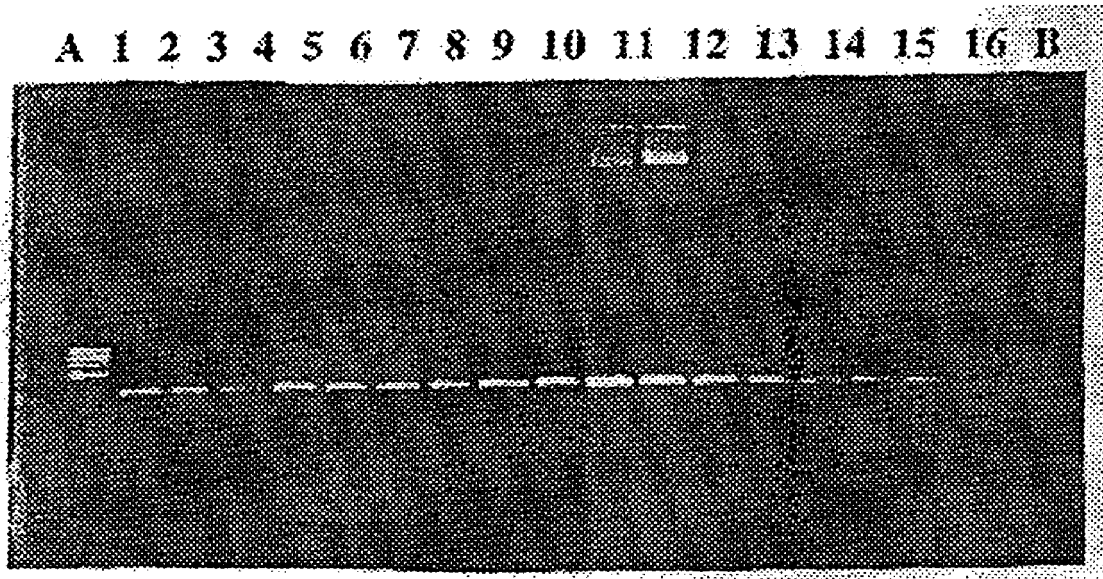


FIG. 4

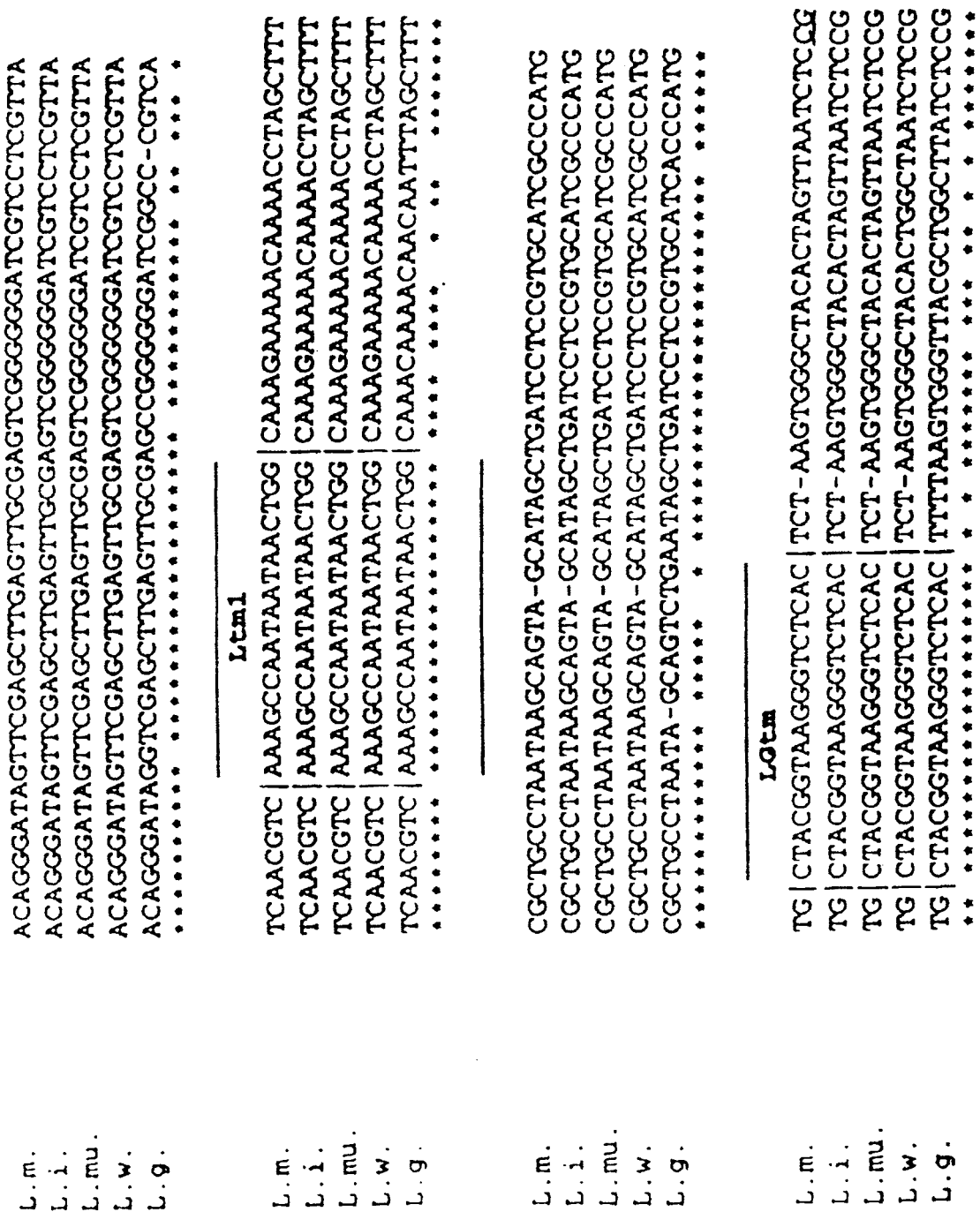


FIG. 5A



B. s. ACAGGGATGGATCGAGCTTGAGCTGCGAGCCGAGAGG--CGATCTCGTAA  
 L. m. ACAGGGATAGTTCGAGCTTGAGTTGCGAGTCGGGGGATCGTCCCTCGTTA  
 \*\*\*\*\* \* \*\*\*\*\* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*

B. s. ACACGCACCTAAATATAACTGGCAAAACTAACAGTTTAAACCAAAACGTA  
 L. m. TCA-ACG-TCAAAGCCAA-TAATA--ACTGGCAAAGAAAACAAACCTA  
 \*\* \* \* \*\* \* \*\* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

B. s. GCATTAGCTGCCCTAATAAGC-GCAGCGAGACT--CTTCCCTGACATGCCC  
 L. m. GCTTTCGCTGCCCTAATAAGCAGTAGCATAGCTGATCCTCCGTCATCGCC  
 \*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

B. s. TATGTGT--CTGTGAAGAGCACA-TCCAAGTAGGCTACGCTTGC--GATC  
 L. m. CATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGTGGCTACACTAGTTAATCT  
 \*\*\*\*\* \* \*\* \* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

B. s. CCGTCTGAGAACGTA-AGAAGAGATGAA-CAGACTAGCTCTCGGAAGGCC  
 L. m. CCGTCTGGGGTTAAATAGAAGAGCTTAAATCAGACTAGCTGAATGGAAGCC  
 \*\*\*\*\* \* \* \*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

B. s. CGCCCGCAGGCAAGAAGATGAGTGAACCAATAAATATCAGGCTACGCTC  
 L. m. TGTTACCGGCGGATGTTTATGCGAAAT-GCTAATAACGGTACTACGCTC  
 \* \* \*\* \* \* \* \*\* \* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

B. s. G-AGACGCTAAGTTAATCGATGTTCTGG  
 L. m. GTAGATATTTAAGT--GCCGATATTCTGG  
 \* \*\* \* \*\*\*\*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \* \*\* \*

FIG. 6

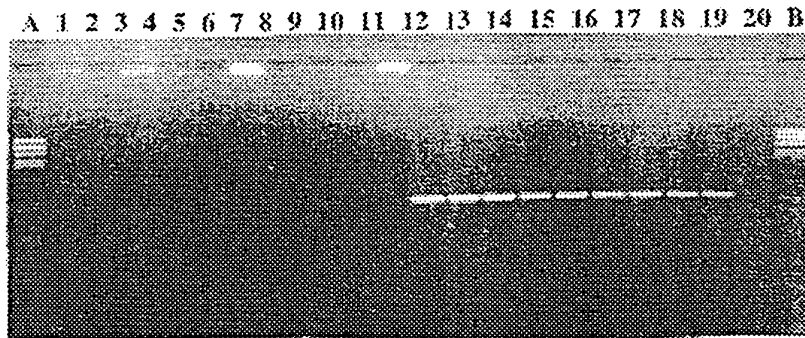


FIG. 7

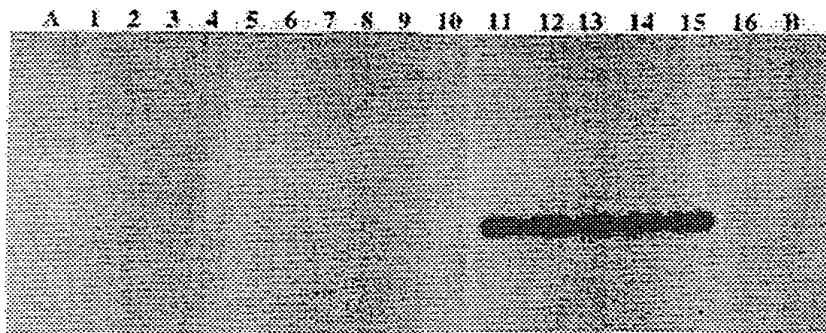


FIG. 8

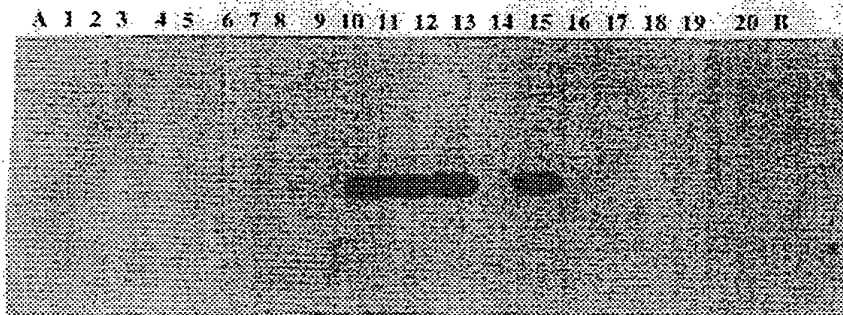


FIG. 9

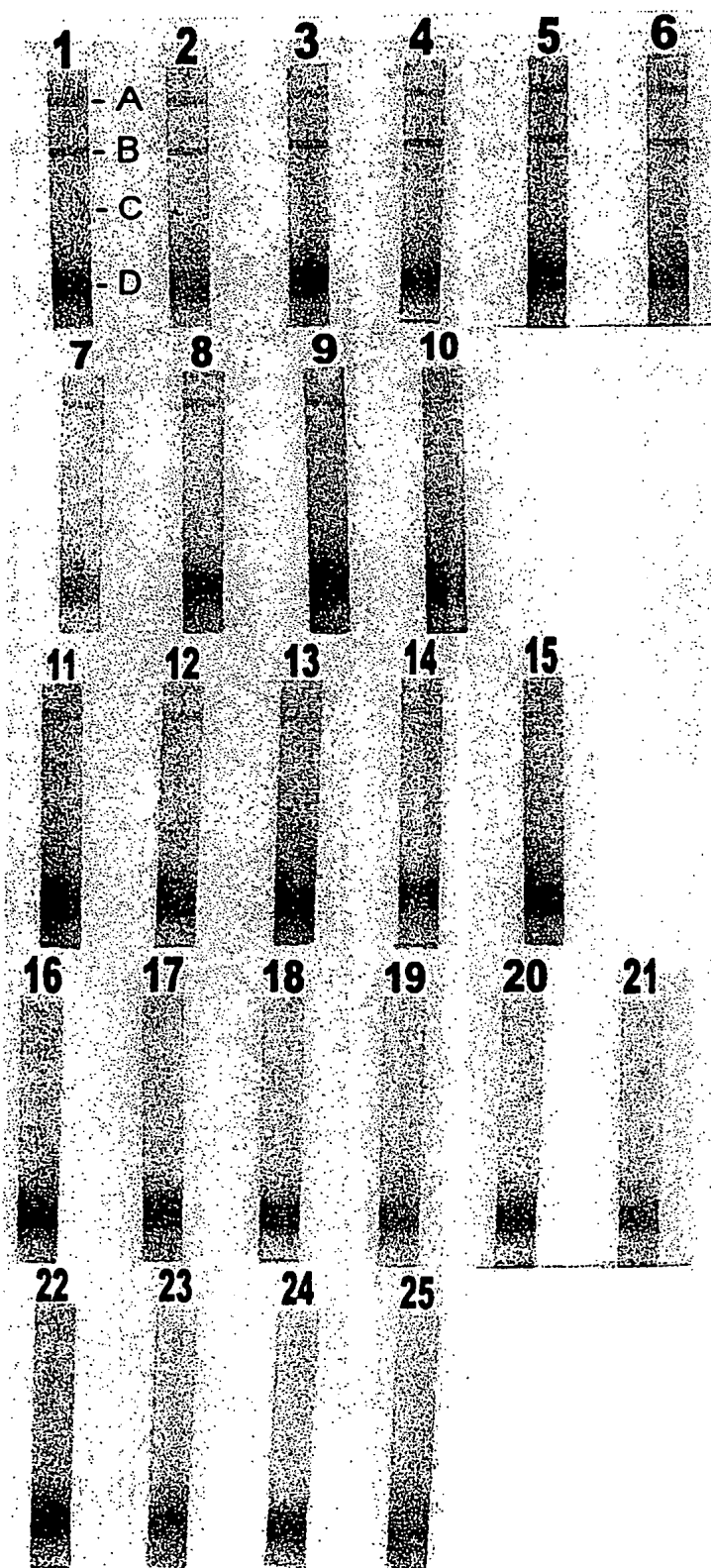


FIG. 10

```

Ct1  GGGGTGTAAGGTTTCGACTTAGAAATGAAGCGTTAATTGCATGCCGGAG
Ct2  GGGGTGTAAGGTTTCGACTTAGAAATGAAGCGTTAATTGCATGCCGGAG
    * * * * *
Ct1  GCGGTTGGCTGGCCCTCTAAAAGCCGACAAACAATAAATGCCGAACCT
Ct2  GCGGTTGGCTGGCCCTCTAAAAGCCGACAAACAATAAATGCCGAACCT
    * * * * *
Ct1  AAGGCTGAATGCGAAATATCAGCTTCGCTGATCTCGAAGATCTAAGAGT
Ct2  AAGGCTGAATGCGAAATATCAGCTTCGCTGATCTTAATGATCTAAGAGT
    * * * * *
Ct1  AGCTGCTTAATAGCAAAGTTGTACCTAAATACGGGTGACCCGGTGTC
Ct2  TGCTGCTTAATAGCAAAGTTGTACCTAAGTACTGGTAACCCGGTGTC
    * * * * *
Ct1  GCGAGCTCCACCAGAGGTTTTCGAAACACCCGTCATGTATCTGGTTAGAAC
Ct2  GCGAGCTCCACCAGAGGTTTTCGAAACACCCGTCATTTATCTGGTTAGAAT
    * * * * *

```

FIG. 11A

```
Ct1 TTAGGTCCTTTAATTCTCGAGGAAATGAGTTTGAAATTTAATGAGAGTCG
Ct2 TAGGGCCTTTTTAACCTCTCAAGGAACTAATTTGAAATTTTAAATGAGAGTCG
* * * * *
Ct1 TTAGTCTCTATAGGGTTTCTAGCTGAGGAGACATAACGTATAGTAC-CT
Ct2 TTGGTCTCTATAGAGGTTTCTAGCTGAGGAGATATAACGTAAATAATCT
* * * * *
Ct1 AGGAACTAAGCATGTAGAGGTTAGCGGGGAGTTTACTAAGGACGAGAGTT
Ct2 AGAAACTAAGCATGTAGAGGTTAGCGGGGAGTTTACTAAGGACGAGAGTT
* * * * *
Ct1 CGACTCTCTCCACCCTCCACCA
Ct2 CGAATCTCTCCACCCTCCACCA
* * * * *
```

FIG. 11B

AGATTTCCTTGTCGGCAGATAGCATGCCAAGCGGTGCTTGTAAACAGCA  
AGATTTCCTTGTCGGCAGATAGCATGCCAAGCGGTGCTTGTAAACAGCA  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

ACAAAAATAACTGTAAACAACACAGATTACGCTCCAGCTTACGCTAAAGC  
ACAAAAATAACTGTAAACAACACAGATTACGCTCCAGCTTACGCTAAAGC  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

TGCGTGAGTTAATCTCCCTTTTGGAGCTGGACTGATTAGAAATTTCTAGCGT  
TGCGTGAGTTAATCTCCCTTTTGGAGCTGGACTGATTAGAAATTTCTAGCGT  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

TTTAAATCGCTCCATAACCTTAAGCTAGACCGCTTTAAAGGTGTTTCGCC  
TTTAAATCGCTCCATAACCTTAAGCTAGACCGCTTTAAAGGTGTTTCGCC  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

TTTTAAACTAAGAAACAAGAACTCTTGAAACTATCTTAAGGTTTAGAAA  
TTTTAAACTAAGAAACAAGAACTCTTGAAACTATCTCAAGGTTTAGAAA  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

GTTGGACCAGAGCTAGTTTAAAGGCTAAAACCTAACCAATTTTCTAAGC  
GTTGGACCAGAGCTAGTTTAAAGGCTAAAACCTAACCAATTTTCTAAGC  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

ATGTAGAAGTTTGTGTTTAGGGCAAGATTTTGGACTGGGG  
ATGTAGAAGTTTGTGTTTAGGGCAAGATTTTGGACTGGGG  
\*\*\*\*\*

Hp1  
HP2

FIG. 12

Mc1	ACATAATGCTGATAGACAAACAGTAGCATGGGGTATGCCCCCTTACAGCG
Mc2	ACATAATGCTGATAGACAAACAGTAGCATGGGGTATGCCCCCTTACAGCG
	*****
Mc1	CTAGGTTCAATAACCCGACAAAGAAAATAACGAAGTGTGGTAGAACCAAA
Mc2	CTAGGTTCAATAACCCGACAAAGAAAATAACGAAGTGTGGTAGATCCAAA
	*****
Mc1	TTTGATCAATTAACCAACAAGCAAGTGTTAACTTTGCTTTTGCATAAGTAG
Mc2	TTTGATCAATTAACCAACAAGCAAGTGTTAACTTTGCTTTTGCATAAGTAG
	*****
Mc1	ATACTAAAGCTACAGCTGGTGAATAGTCATAGTTTGCCTAGCTGCATAGT
Mc2	ATACTAAAGCTACAGCTGGTGAATAGTCATAGTTTGCCTAGCTGCATAGT
	*****
Mc1	TTATGACTCGAGGTAAATCGTTCAATTTAACCTTTAAAAATAGAACTTG
Mc2	TTATGACTCGAGGTAAATCGTTCAATTTAACCTTTAAAAATAGAACTTG
	*****
Mc1	TTGTTCCATGATGTTTGTGATCAATTGGAAACAAGACAAAAATCCAC
Mc2	TTGTTCCATGATGTTTGTGATCAATTGGAAACAAGACAAAAATCCAC
	*****
Mc1	AAAACTAAAAATGTAGAAGCTGTTTGTGTCTTTATGGAAACGGGTTTC
Mc2	AAAACTAAAAATGTAGAAGCTGTTTGTGTCTTTATGGAAACGGGTTTC
	*****

FIG. 13

GGGGTTCCGAAGCAGATCGGGCATAACGGGGTCTCAGATTCGCCGTAAA  
GGGGTTCCGAAGCAGATCGGGCATAACGGGGTCTCAGATTCGCCGTAAA  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

ACACTGAATCAAAATAGTCGCAACGACGAAACTTACGCTTTAGCCGCTT  
ACACTGAATCAAAATAGTCGCAACGACGAAACTTACGCTTTAGCCGCTT  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

AAGGCTAGCCGTTGCAGCAGTCGGTCAATGGGCTGTGTGGCGAAAGCCAC  
AAGGCTAGCCGTTGCAGCAGTCGGTCAATGGGCTGTGTGGCGAAAGCCAC  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

CGCAACGTCATCTTACATMGACTGGTTTCCAGCCGGTTACTTGGCAGGA  
CGCAACGTCATCTTACATMGACTGGTTTCCAGCCGGTTACTTGGCAGGA  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

AATAAGACTTAAGGTAACCTGGTTTCCAAAGGCCCTGTGTGGTCCGGCATGAT  
AATAAGACTTAAGGTAACCTGGTTTCCAAAGGCCCTGTGTGGTCCGGCATGAT  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

GGAAATAAGATTTTCAAATAGACACAACCTAAGTATGTAGAACGCTTTTGTA  
GGAAATAAGATTTTCAAATAGACACAACCTAAGTATGTAGAACGCTTTTGTA  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

GAGGACTTTCGGACGGGGG  
GAGGACTTTCGGACGGGGG  
\*\*\*\*\*

Ng1  
Ng2

FIG. 14

L.m1	CAAAGAAAACAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGC
L.m2	CAAAGAAAACAACCTAGCTTTCGCTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGC
	*****
L.m1	TGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGTCCTCACTCTAAGT
L.m2	TGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGTCCTCACTCTAAGT
	*****
L.m1	GGGCTACACTAGTTAATCCTCGTCTGGGGTTAATAAGAAGAGCTTAATCA
L.m2	GGGCTACACTAGTTAATCCTCGTCTGGGGTTAATAAGAAGAGCTTAATCA
	*****
L.m1	GACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCCGATGTTTATGCCGAAATGCT
L.m2	GACTAGCTGAATGGAAGCCTGTTACCGGGCCGATGTTTATGCCGAAATGCT
	*****
L.m1	AATACGGTGACTACCGCTCGTAGATATTT
L.m2	AATACGGTGACTACCGCTCGTAGATATTT
	*****

FIG. 15

L.m1	CAAAGAAAACAACCTAGCTTTCGGTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGC
L.m2	CAAAGAAAACAACCTAGCTTTCGGTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGC
L.i	CAAAGAAAACAACCTAGCTTTCGGTGCCTAATAAGCAGTAGCATAGC *****
L.m1	TGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGT
L.m2	TGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGT
L.i	TGATCCTCCGTGCATCGCCCATGTGCTACGGTAAGGGTCTCACTCTAAGT *****
L.m1	GGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCGTTGGGGTTAAATAGAGAGCTTAATCA
L.m2	GGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCGTTGGGGTTAAATAGAGAGCTTAATCA
L.i	GGGCTACACTAGTTAATCTCCGTCGTTGGGGTTAAATAGAGAGCTTAATCA *****
L.m1	GACTAGCTGAATGGAAGCCCTGTTACCGGGCCCGATGTTTATGCCGAAATGCT
L.m2	GACTAGCTGAATGGAAGCCCTGTTACCGGGCCCGATGTTTATGCCGAAATGCT
L.i	GACTAGCTGAATGGAAGCCCTGTTACCGGGCCCGATGTTTATGCCGAAATGCT *****
L.m1	AATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTT
L.m2	AATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTT
L.i	AATACGGTGACTACGCTCGTAGATATTT *****

FIG. 16

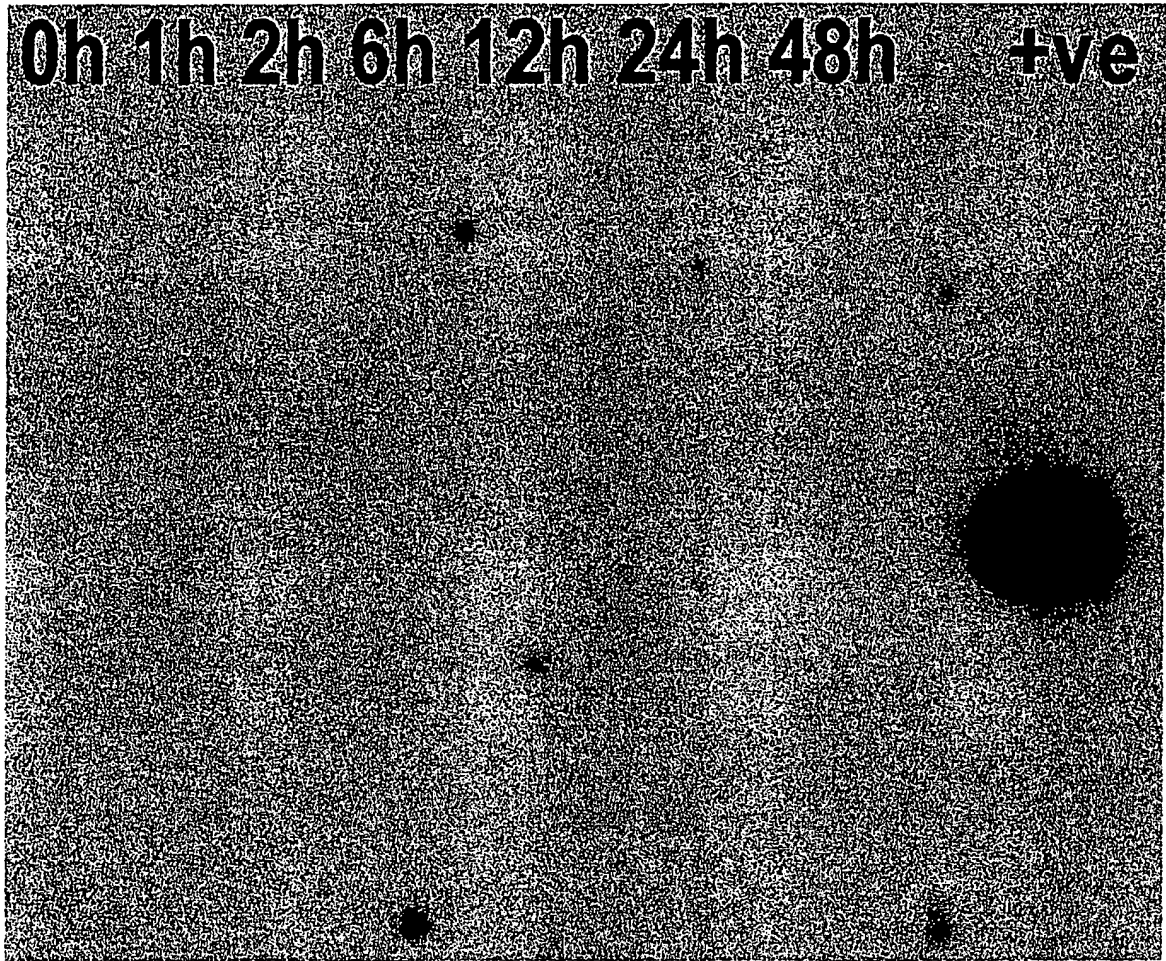


FIG. 17

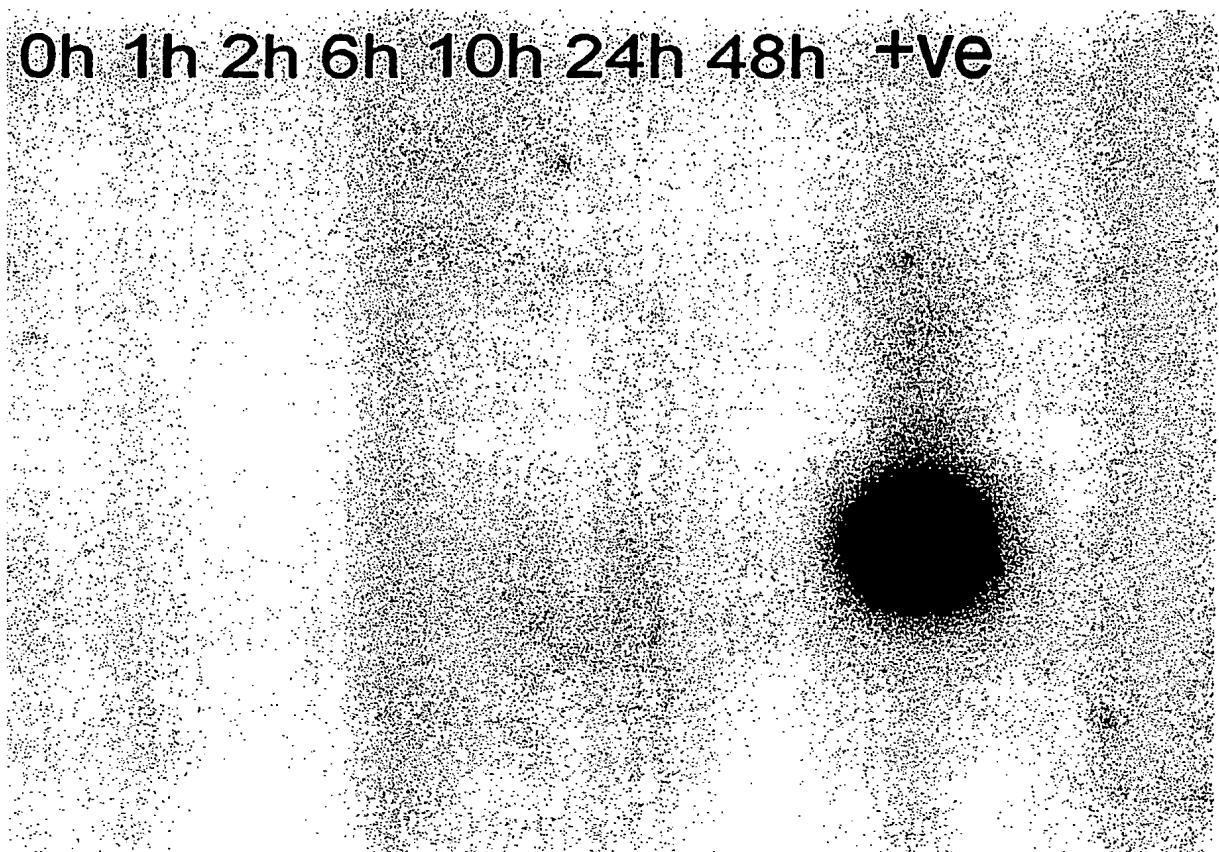


FIG. 18

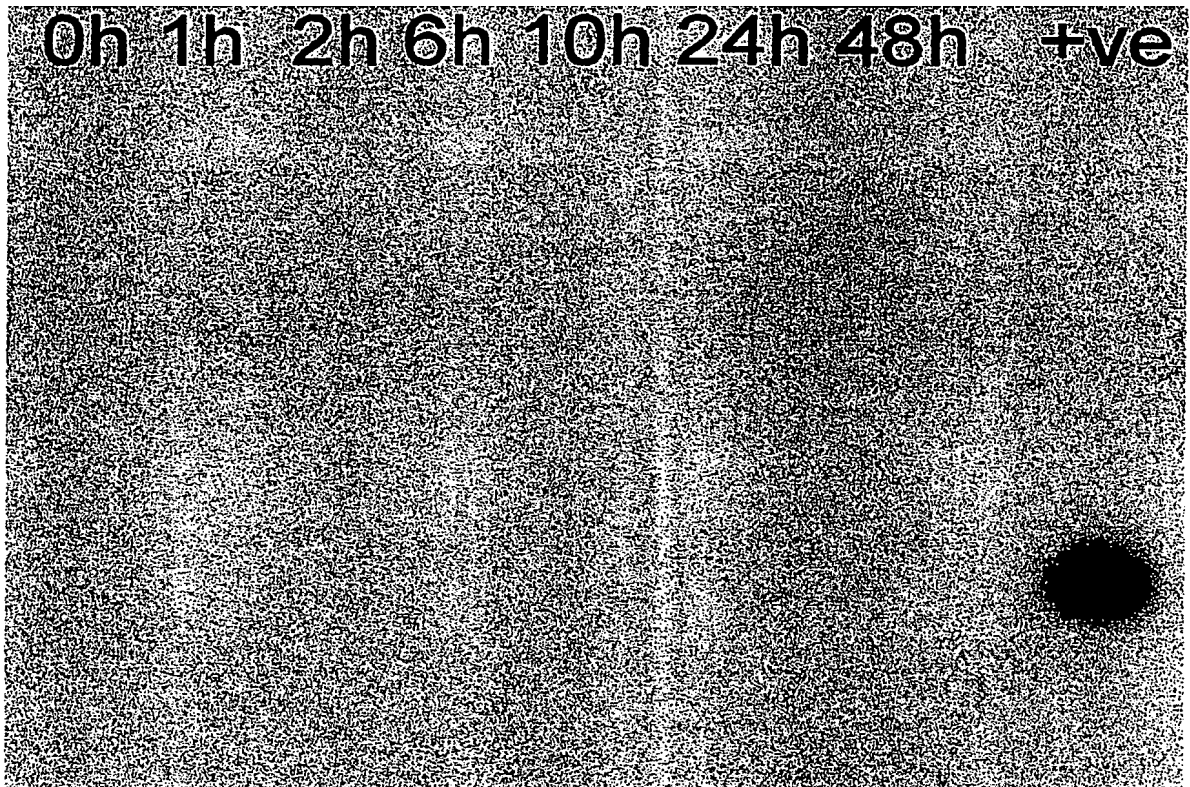


FIG. 19

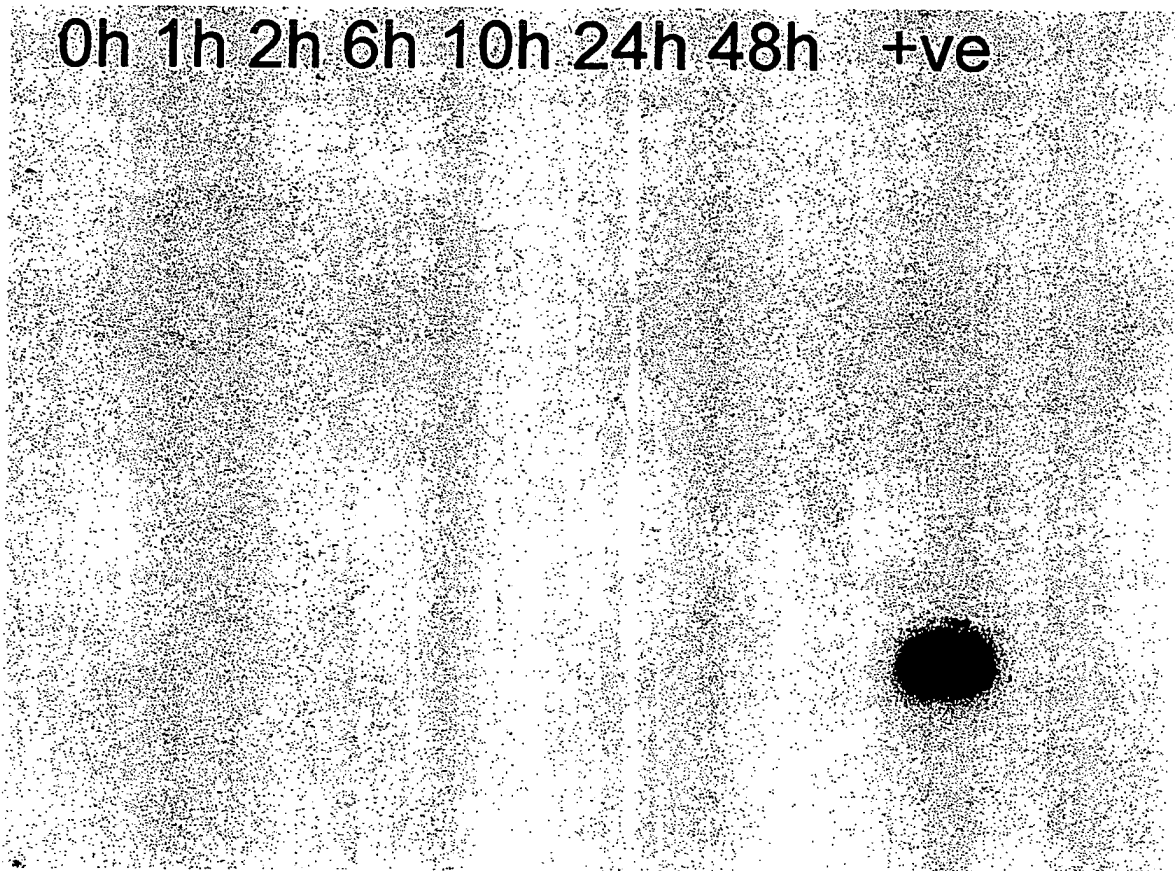


FIG. 20

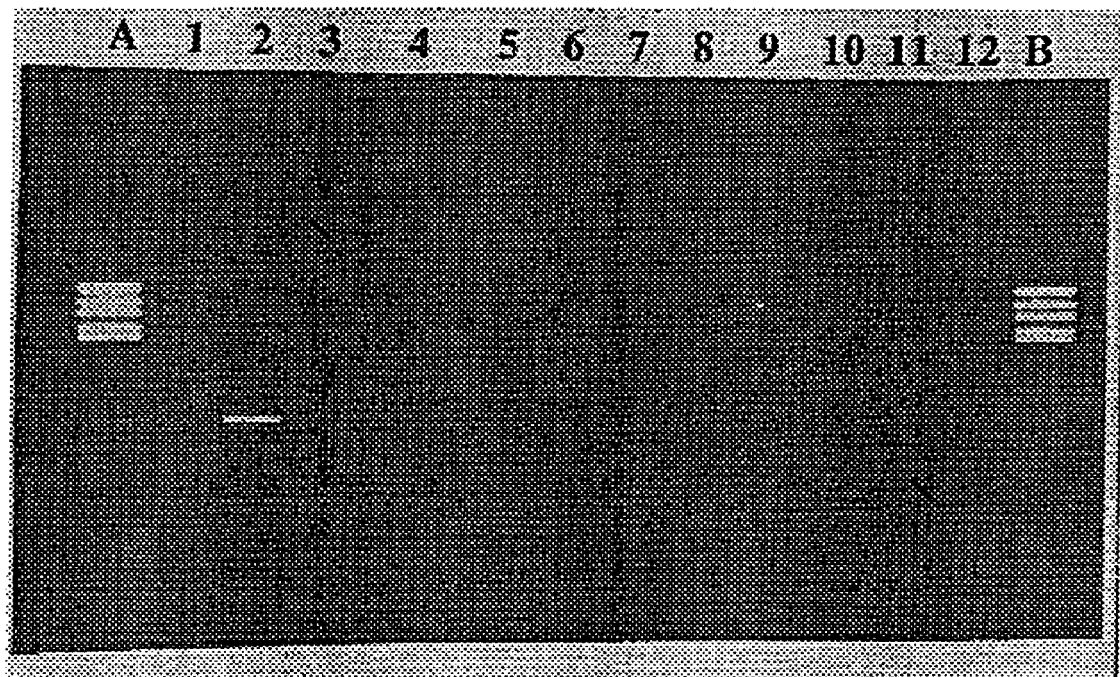


FIG. 21

# ES 2 345 243 T3

## LISTA DE SECUENCIAS

- <110> ENTERPRISE IRELAND (t/a BIORESEARCH IRELAND) y col
- 5 <120> Ensayos de diagnóstico basados en sondas de ácidos nucleicos para organismos procariotas y eucariotas
- <130> P00-37-PCT
- 10 <140>  
<141>
- <150> PCT/IE 99/00043
- 15 <151> 14-05-1999
- <160> 228
- <170> PatentIn Ver. 2.0
- 20 <210> 1  
<211> 366  
<212> ADN
- 25 <213> *Actinobacillus actinomycetemcomitans*
- <400> 1
- 30        ggggctgatt ctggattcga cgggattagc gaagcccga gtcacgctc aggtgcggta 60  
      ggcctcgtaa ataaaccgca aaaaaatagt cgcaaacgac gaacaatacg ctttagcagc 120  
      ttaataacct gcctttagcc ttcgctcccc agcttccgct cgtaagacgg ggataaagcg 180  
      gagtcaaacc aaaacgagat cgtgtggaag ccaccgtttg aggatcgaag cattaatta 240  
35        aatcaaagta gcttaattgt cgcgtgtccg tcagcaggat taagtgaatt taaagaccgg 300  
      actaaacgtg tagtgctaac ggcagaggaa tttcggacgg gggttcaact cccccagct 360  
      ccacca 366
- 40
- <210> 2  
<211> 366  
<212> ARN
- 45 <213> *Actinobacillus actinomycetemcomitans*
- <400> 2
- 50        ggggcugauu cuggauucga cgggauuagc gaagcccga gugcacgucg aggugcggua 60  
      ggccucguua auaaaccgca aaaaauagu cgcaaacgac gaacaauacg cuuuagcagc 120  
      uuuaaaaccu gccuuuagcc uucgcucgcc agcuuccgcu cguaagacgg ggauaaagcg 180  
55        gagucaaacc aaaacgagau cguguggaag ccaccguuug aggaucaag cauuuuuuua 240  
      aaucuaagua gcuuaauugu cgcguguccg ucagcaggau uaagugaauu uaaagaccgg 300  
      acuaaacgug uagugcuaac ggcagaggaa uuucggacgg ggguucaacu cccccagcu 360  
      ccacca 366
- 60
- <210> 3  
<211> 315  
<212> ADN
- 65 <213> *Aeromonas salmonicida*

## ES 2 345 243 T3

<400> 3

```

aagattcacg aaacccaagg tgc atgccga ggtgcggtag gcctcgtaa caaacgcaa 60
aaaaatagtc gcaaacgacg aaaactacgc actagcagct taataacctg catagagccc 120
5  ttctacccta gcttgctgt gtcctagga atcggaaggt catccttcac aggatcgtgt 180
ggaagtcctg ctcggggcgg aagcattaa accaatcgag ctagtcaatt cgtggcgtgt 240
ctctccgag cgggttgcg aatgtaaaga gtgactaagc atgtagtacc gaggatgtag 300
10 taattttgga cggggg                                     315

```

<210> 4

<211> 315

<212> ARN

15 <213> *Aeromonas salmonicida*

<400> 4

```

aagauucacg aaacccaagg ugcaugccga ggugcgguag gccucguuaa caaacgcaa 60
aaaaauaguc gcaaacgacg aaaacuacgc acuagcagcu uaauaaccug cauagagccc 120
uucuaccua gcuugccugu guccuagga aucggaaggu cauccuucac aggauugugu 180
25 ggaaguccug cucggggcgg aagcauuaaa accaaucgag cuagucauu cguggcgugu 240
cucuccgag cggguugcg aauguaaaga gugacuaagc auguaguacc gaggaugug 300
uaauuuugga cggggg                                     315

```

<210> 5

30 <211> 349

<212> ADN

<213> *Alcaligenes eutrophus*

35 <400> 5

```

tgggccgacc tggtttcgac gtggttaca agcagtgagg cataccgagg acccgtcacc 60
tcgttaatca atggaatgca ataactgcta acgacgaacg ttacgcactc gcttaattgc 120
40 ggccgtectc gactggctc gctgacgggc tagggctgca agaccacgcg aggtatttac 180
gtcagataag ctccggaagg gtcacgaagc cggggacgaa aacctagtga ctcgccgtcg 240
tagagcgtgt tcgtccgatg cgccggttaa atcaaatgac agaactaagt atgtagaact 300
ctctgtggag ggcttacgga cgcgggttcg attcccgcg gctccacca 349

```

45 <210> 6

<211> 349

<212> ARN

50 <213> *Alcaligenes eutrophus*

<400> 6

```

ugggccgacc ugguuucgac gugguacaa agcagugagg cauaccgagg acccgucacc 60
55 ucguaauca auggaugca auaacugcua acgacgaacg uuacgcacuc gcuuaauugc 120
ggccguccuc gcacuggcuc gcugacgggc uaggguccgca agaccacgcg agguauuuac 180
gucagauaag cuccggaagg gucacgaagc cggggacgaa aaccuaguga cucgccgucg 240

```

60

```

uagagcgugu ucguccgaug cgccgguuaa aucaauugac agaacuaagu auguagaacu 300
cucuguggag ggcuuacgga cgcggguucg auucccgccg gcuccacca 349

```

65 <210> 7

<211> 347

<212> ADN

## ES 2 345 243 T3

<213> *Aquifex aeolicus*

<400> 7

```

5      gggggcggaa aggattcgac ggggacaggc ggtccccgag gagcaggccg ggtggctccc 60
      gtaacagccg ctaaaacagc tcccgaagct gaactcgctc tcgctgccta attaaacggc 120
      agcgcgtccc cggtaggttt gcgggtggcc taccggaggg cgtcagagac acccgctcgg 180
      gctactcggg cgcacggggc tgagtagctg acacctaac cgtgctaccc tcggggagct 240
10     tgcccgtggg cgacccgagg ggaaatcctg aacacgggct aagcctgtag agcctcggat 300
      gtggccgccg tcctcggacg cgggttcgat tcccgccgcc tccacca 347

```

<210> 8

15 <211> 347

<212> ARN

<213> *Aquifex aeolicus*

20 <400> 8

```

      gggggcggaa aggauucgac ggggacaggc ggucgccgag gagcaggccg gguggcuccc 60
25     guaacagccg cuaaaacagc ucccgaagcu gaacucgcuc ucgcugccua auuaaacggc 120
      agcgcgucucc cgguagguuu gcggguggcc uaccggaggg cgucagagac acccgcucgg 180
      gcuacucggu cgcacggggc ugaguagcug acaccuaacc cgugcuaccc ucggggagcu 240
      ugcccguugg cgacccgagg ggaaauccug aacacgggcu aagccuguag agccucggau 300
30     guggccgccg uccucggacg cggguucgau ucccgccgcc uccacca 347

```

<210> 9

35 <211> 316

<212> ADN

<213> *Bacillus megaterium*

40 <400> 9

```

      agggtagttc gagcttaggt tgcgagtcga ggagatggcc tcgttaaaac atcaacgccca 60
      ataataactg gcaaactctaa caataacttc gctttagctg cataatagta gcttagcggt 120
      cctccctcca tcgccatgt ggtagggtaa gggactcact ttaagtggc tacgccggag 180
45     ttcgccgtct gaggacgaag gaagagaata atcagactag cgactgggac gcctgttggt 240
      aggcagaaca gctcgcgaat gatcaatatg ccaactacac tcgtagacgc ttaagtggcc 300
      atatttctgg acgtgg 316

```

50

<210> 10

<211> 316

<212> ARN

55 <213> *Bacillus megaterium*

<400> 10

```

60     agguaguuc gagcuuaggu ugcgagucga ggagauggcc ucguuaaac aucaacgccca 60
      auuaaacug gcaaaucuaa cauaacuuc gcuuagcug cauaauagua gcuuagcguu 120
      ccucccucca ucgcccaugu gguaggguaa gggacucacu uuaagugggc uacgccggag 180
      uucgccgucu gaggacgaag gaagagaaua aucagacuag cgacugggac gccuguuggu 240
65     aggcagaaca gcucgcgaau gaucaauaug ccaacuacac ucguagacgc uuaaguggcc 300
      auuuucugg acgugg 316

```

## ES 2 345 243 T3

<210> 11

<211> 363

<212> ADN

5 <213> *Bacillus subtilis*

<400> 11

```

10      ggggacgtta cggattcgac agggatggat cgagcttgag ctgcgagccg agaggcgatc 60
      tcgtaaacac gcacttaaat ataactggca aaactaacag ttttaaccaa aacgtagcat 120
      tagctgccta ataagcgag cgagctcttc ctgacattgc ctatgtgtct gtgaagagca 180
15      catccaagta ggctacgctt gcgttcccgt ctgagaacgt aagaagagat gaacagacta 240
      gctctcggaa ggcccgccg caggcaagaa gatgagtgaa accataaata tgcaggctac 300
      gctcgtagac gcttaagtaa tcgatgtttc tggacgtggg ttcgactccc accgtctcca 360
      cca
  
```

20

<210> 12

<211> 363

<212> ARN

25 <213> *Bacillus subtilis*

<400> 12

```

30      ggggacguua cggauucgac agggauuggau cgagcuugag cugcgagccg agaggcgauc 60
      ucguaaacac gcacuuuuuu auaacuggca aaacuaacag uuuuaaccaa aacguagcau 120
      uagcugccua auaagcgag cgagcucuuc cugacauugc cuaugugucu gugaagagca 180
35      cauccaagua ggcuacgcuu gcguuuccgu cugagaacgu aagaagagau gaacagacua 240
      gcucucggaa ggcccgccg caggcaagaa gaugagugaa accauuuuuu ugcaggcuac 300
      gcucguagac gcuuaagua ucgauguuuc uggacguggg uucgacuccc accgucucca 360
      cca
  
```

40

<210> 13

<211> 387

<212> ADN

45 <213> *Bordetella pertussis*

<400> 13

```

50      ggggcccgatc cggattcgac gtgggtcatg aaacagctca gggcatgccg agcaccagta 60
      agctcgttaa tccactggaa cactacaaac gccaacgacg agcgtctcgc tctcgccget 120
      taagcggtag gccgctgcac tgatctgtcc ttgggtcagg cgggggaagg caacttcaca 180
55      gggggcaacc ccgaaccgca gcagcgacat tcacaaggaa tcggccaccg ctggggtcac 240
      acggcgttgg tttaaattac gtgaatcgcc ctggtccggc ccgtcgatcg gctaagtcca 300
      gggttaaatc caaatagatc gactaagcat gtagaactgg ttgcgagggg cttgaggagc 360
60      ggggttcaat tccccccggc tccacca
  
```

60

<210> 14

<211> 387

<212> ARN

65 <213> *Bordetella pertussis*

## ES 2 345 243 T3

<400> 14

```

    ggggccgauc cggauucgac gugggucaug aaacagcuca gggcaugccg agcaccagua 60
    agcucguuaa uccacuggaa cacuacaaac gccaacgacg agcgucucgc ucucgccgcu 120
5   uaagcgguga gccgcugcac ugaucugucc uugggucagg cgggggaagg caacuucaca 180
    gggggcaacc ccgaaccgca gcagcgacau ucacaaggaa ucggccaccg cuggggucac 240
    acggcguugg uuuaaaauac gugaaucgcc cugguccggc ccgucgaucg gcuaagucca 300
10  ggguuuuuuc caaaauagauc gacuaagcau guagaacugg uugcggaggg cuugcggacg 360
    gggguucaau uccccccggc uccacca                                     387

```

<210> 15

15 <211> 362

<212> ADN

<213> *Borrelia burgdorferi*

20 <400> 15

```

    ggggatgttt tggatttgac tgaaaatggt aatattgtaa gttgcaggca gagggaatct 60
    cttaaaactt ctaaaataaa tgcaaaaaat aataacttta caagctcaaa tcttgtaatg 120
25  gctgcttaag ttagcagagg gttttgttga atttggcttt gaggttact tatactcttt 180
    tcgacatcaa agcttgctta aaaatgtttt caagttgatt tttagggact tttatacttg 240
    agagcaatth ggtggtttgc tagtatttcc aaaccatatt gcttaataaa atactagata 300
    agctttaga agcttatagt attattttta ggacgcgggt tcaattcccg ccatctccac 360
30  ca                                     362

```

<210> 16

35 <211> 362

<212> ARN

<213> *Borrelia burgdorferi*

40 <400> 16

```

    ggggauguuu uggauuugac ugaaaauguu aaauuuguaa guugcaggca gagggaaucu 60
    cuaaaaacu cuaaaauaaa ugcaaaaaau aauaacuuua caagcucaaa ucuuguaaug 120
45  gcugcuuaag uuagcagagg guuuuuguga auuuggcuuu gagguucacu uauacucuuu 180
    ucgacaucaa agcuugcuua aaaauguuuu caaguugauu uuuagggacu uuuauacuug 240
    agagcauuu ggugguuugc uaguauuucc aaaccuauuu gcuaauuaaa auacuagaua 300
    agcuuguaga agcuuauagu auuuuuuuua ggacgcgggu ucaauucccg ccaucuccac 360
50  ca                                     362

```

<210> 17

<211> 359

55 <212> ADN

<213> *Campylobacter jejuni*

<400> 17

```

    gggagcgact tggcttcgac aggagtaagt ctgcttagat ggcattgctgc tttgggcaaa 60
    gcgtaaaaag cccaaataaa attaaacgca aacaacgtta aattcgctcc tgcttacgct 120
    aaagctgctg aagttcagtt gagcctgaaa tttaaagtc actatctagc ttaattttcg 180
65  gtcatttttg atagtgtagc cttgcgtttg acaagcgttg aggtgaaata aagtcttagc 240
    cttgcttttg agttttggaa gatgagcgaa gtagggtgaa gtagtcatct ttgctaagca 300
    tgtagaggtc tttgtgggat tattttttgga caggggttcg attcccctcg cttccacca 359

```

## ES 2 345 243 T3

<210> 18

<211> 359

<212> ARN

5 <213> *Campylobacter jejuni*

<400> 18

```

10      gggagcgacu uggcuucgac aggaguaagu cugcuuagau ggcaugucgc uuugggcaaa 60
      gcguaaaaaag cccaaauaaa auuaaacgca aacaacguua aauucgcucc ugcuuacgcu 120
      aaagcugcgu aaguucaguu gagccugaaa uuuaagucau acuaucuagc uuaauuuucg 180
15      gucauuuuug auaguguagc cuugcguuug acaagcguug aggugaaua aagucuuagc 240
      cuugcuuuug aguuuuggaa gaugagcgaa guagggugaa guagucaucu uugcuaagca 300
      uguagagguc uuugugggau uauuuuugga cagggguucg auccccucg cuuccacca 359
  
```

20 <210> 19

<211> 420

<212> ADN

25 <213> *Chlamydia trachomatis* (D/UW-3/CX)

<400> 19

```

30      gggggtgtaa aggtttcgac ttagaaatga agcgttaatt gcatgcggag ggcgttggct 60
      ggcctcctaa aaagccgaca aaacaataaa tgccgaacct aaggctgaat gcgaaattat 120
      cagcttcgct gatctcgaag atctaagagt agctgcttaa ttagcaaagt tgttacctaa 180
      atacgggtga cccgggtgtc gcgagctcca ccagaggttt tcgaaacacc gtcatgtatc 240
35      tggttagaac ttaggtcctt taattctcga ggaaatgagt ttgaaattta atgagagtcg 300
      ttagtctcta taggggtttc tagctgagga gacataacgt atagtaccta ggaactaagc 360
      atgtagaggt tagcggggag tttactaagg acgagagttc gactctctcc acctccacca 420
  
```

40 <210> 20

<211> 420

<212> ARN

45 <213> *Chlamydia trachomatis* (D/UW-3/CX)

<400> 20

```

50      ggggguguaa agguuucgac uuagaaauga agcguuaauu gcaugcggag ggcguuggcu 60
      ggccuccuaa aaagccgaca aaacaauaaa ugccgaaccu aaggcugaau gcgaaauuau 120
      cagcuucgcu gaucucgaag aucuaagagu agcugcuuaa uuagcaaagu uguuaccuaa 180
      auacggguga cccgguguuc gcgagcucca ccagagguuu ucgaaacacc gucauguauc 240
55      ugguuagaac uuagguccuu uaauucucga ggaaaugagu uugaaauua augagagucg 300
      uuagucucua uagggguuuc uagcugagga gacauaacgu auaguaccua ggaacuaagc 360
      auguagaggu uagcggggag uuuacuaagg acgagaguuc gacucucucc accuccacca 420
  
```

60

<210> 21

<211> 421

<212> ADN

65 <213> *Chlamydia trachomatis* (neumonitis murina)

# ES 2 345 243 T3

<400> 21

```
5      gggggtgtaa aggtttcgac ttagaaatga agcgttaatt gcatgcgag ggcgttgct 60
      ggcctcctaa aaagccgaca aaacaataaa tgccgaacct aaggctgaat gcgaaattat 120
      cagcttcgct gatcttaatg atctaagagt tgctgcttaa ttagcaaagt tgttacctaa 180
      gtactggtaa cccgggtgtc gcgagctcca ccagaggttt tcgaaacgcc gtcatttatac 240
      tggtagaat tagggccttt taactctcaa gggaaactaat ttgaatttta atgagagtcg 300
10     ttggtctcta tagaggtttc tagctgagga gatataacgt aaaatattct agaaactaag 360
      catgtagagg ttagcgggga gtttactaag gacgagagtt cgaatctctc cacctccacc 420
      a 421
```

15

<210> 22

<211> 421

<212> ARN

20

<213> *Chlamydia trachomatis* (neumonitis murina)

<400> 22

```
25     ggggguguaa agguuucgac uuagaaauga agcguuaauu gcaugcggag ggcguuggcu 60
      ggccuccuaa aaagccgaca aaacaauaaa ugccgaaccu aaggcugaau gcgaaauuau 120
      cagcuucgcu gaucuuaaug aucuaagagu ugcugcuuaa uuagcaaagu uguuaccuaa 180
30     guacugguaa cccgguguuc gcgagcucca ccagagguuu ucgaaacgcc gucauuuauc 240
      ugguuagaau uagggccuuu uaacucuaa gggaaacuaa uugaauuuua augagagucg 300
      uuggucucua uagagguuuc uagcugagga gauuaaacgu aaaaauuucu agaaacuaag 360
      cauguagagg uuagcgggga guuuacuaag gacgagaguu cgaaucucuc caccuccacc 420
35     a 421
```

<210> 23

40

<211> 404

<212> ADN

<213> *Chlorobium tepidum*

45

<400> 23

```
      ggggatgaca ggctatcgac aggataggtg tgagatgtcg ttgcactccg agtttcagca 60
      tggacggact cgtaaacia gtctatgtac caatagatgc agacgattat tcgtatgcaa 120
50     tggctgcctg attagcacia gttaattcag aagccatcgt cctgcggtga atgcgcttac 180
      tctgaagccg ccggatggca taaccgcgctc ttgagcctac gggttcgcgc aagtaagctc 240
      cgtacattca tgcccgaggg ggtgtgcggg taaccaatcg ggataagggg acgaacgctg 300
55     ctggcgggtg aatcggacca cgaaaaacca accaccagag atgagtgtgg taactgcatc 360
      gagcagtgtc ctggacgcgg gttcaagtcc cgccatctcc acca 404
```

<210> 24

60

<211> 404

<212> ARN

<213> *Chlorobium tepidum*

65

## ES 2 345 243 T3

<400> 24

```

    gggggaugaca ggcuaucgac aggauaggug ugagaugucg uugcacuccg aguuucagca 60
    uggacggacu  cguaaaaca  gucuauguac caauagaugc agacgauuau ucguaugcaa 120
5   uggcugccug  auuagcaca  guaaauucag aagccaucgu ccugcgguga augcgcuuac 180
    ucugaagccg  ccggauggca uaaccgcgc  uugagccuac ggguucgcgc aaguaagcuc 240
    cguacauuca  ugcccgaggg ggugugcggg uaaccaaucg ggauaagggg acgaacgcug 300
10  cuggcggugu  aaucggacca cgaaaaacca accaccagag augagugugg uaacugcauc 360
    gagcaguguc  cuggacgcgg guucaagucc cgccaucucc acca 404

```

<210> 25

15 <211> 294

<212> ADN

<213> *Cyanophora paradoxa* (alga) cyanelle

20 <400> 25

```

    ggggctgttt aggtttcgac gtttttttct aattatgttt gttaagcaag tcgaggattt 60
    gttctatctc gaaaatcaag aactctcaaa atttaaacgc aactaatatt gtacgtttta 120
25  accgtaaagc agctttcgct gtttaataat tacttttaat ttaaaaacct aattttttta 180
    ggaatttatt tattttattgt ttatcctgct taatgaatta aaaaaagcta tacttgtgaa 240
    taaacgcata atttaaaaaa acggacgtgg gttcaaatcc caccagctcc acca 294

```

30 <210> 26

<211> 294

<212> ARN

35 <213> *Cyanophora paradoxa* (alga) cyanelle

<400> 26

```

    ggggcuguuu agguuucgac guuuuuuucu aauuauguuu guuaagcaag ucgaggauuu 60
40  guucuaucuc gaaaaucaag aacucucaaa auuuuaaacgc aacuaauuuu guacguuuua 120
    accgaaaagc agcuuucgcu guuuauuuuu uacuuuuuuu uaaaaaacuu aauuuuuuuu 180
    ggaauuuuuu uauuuuuugu uuauccugcu uauugaauua aaaaaagcua uacuugugaa 240
45  uaaacgcaua auuuuuuuuu acggacgugg guucaaaucc caccagcucc acca 294

```

<210> 27

<211> 189

50 <212> ADN

<213> *Clostridium acetobutylicum*

<400> 27

```

55  aatctggcgt cgagagcggg gaaacgagcc ttacaaagct ttgagtaagg aacggaattt 60
    atgaagctac tgaagtgaaa agcttgtttg taggcgtttc atggagggaa tgttaaaata 120
    caaactgcac tcggagatgc ttaatgaaac cattttcgga caggggttcg attcccctcg 180
60  cctccacca 189

```

<210> 28

65 <211> 189

<212> ARN

<213> *Clostridium acetobutylicum*

## ES 2 345 243 T3

<400> 28

```

    aaucuggcgu cgagagcggg gaaacgagcc uuacaaagcu uugaguaagg aacggaaauuu 60
    augaagcuac ugaagugaaa agcuuguuug uaggcguuuc auggagggaa uguuaaaaua 120
5   caaacugcac ucggagaugc uuaaugaaac cauuuucgga cagggguucg auuccccucg 180
    ccuccacca                                     189

```

<210> 29

10 <211> 349

<212> ADN

<213> *Deinococcus radiodurans*

15 <400> 29

```

    gggggtgacc cggtttcgac aggggaactg aaggatgatgt tgcgtgtcga ggtgccgttg 60
    gcctcgtaaa caaacggcaa agccatttaa ctggcaacca gaactacgct ctcgctgctt 120
20   aagtgagatg acgaccgtgc agcccggcct ttggcgtcgc ggaagtcact aaaaaagaag 180
    gctagcccag gcgattctcc atagccgacg gcgaaacttt atggagctac ggcctgcgag 240
    aacctgcca ctggtgagcg ccggcccgcac aatcaaacag tgggatacac acgtagacgc 300
25   acgctggacg gacctttgga cggcggttcg actccgcca cctccacca 349

```

<210> 30

<211> 349

<212> ARN

30 <213> *Deinococcus radiodurans*

<400> 30

```

35   gggggugacc cgguuucgac aggggaacug aaggugaugu ugcgugucga ggugccguug 60
    gccucguaaa caaacggcaa agccauuuuaa cuggcaacca gaacuacgcu cucgcugcuu 120
    aagugagaug acgaccgugc agcccggccu uuggcgucgc ggaagucacu aaaaaagaag 180
    gcuagcccag gcgauucucc auagccgacg gcgaaacuuu auggagcuac ggccugcgag 240
40   aaccugcca cuggugagcg ccggcccgcac aaucaaacag ugggauacac acguagacgc 300
    acgcuggacg gaccuuugga cggcgguucg acuccgcca ccuccacca 349

```

<210> 31

45 <211> 330

<212> ADN

<213> *Desulfovibrio desulfuricans*

50 <400> 31

```

    gggactggaa ccgtagcggc aggtcgaggc gccgctggcc tcgtaaaaag cggcacaaaa 60
55   gtaattgcca acaacgatta cgactacgct tacgctgcct aataacagcg aggcaatgac 120
    cgtttaacgg tcgcgccgat cagggccatg cctgataacc ctgattggcg aactttatca 180
    ggctggcgaa aaccggctct cgccggggtt tttcgcgagg agtttaccgg cgggattgct 240
    gcgttgtgcc tggtcagggg ccaacagcgc ggtgaaatac atacttgacc taaacctgta 300
60   atgcttcgtg tggaatgttc tcggacgggg                                     330

```

<210> 32

65 <211> 330

<212> ARN

<213> *Desulfovibrio desulfuricans*

## ES 2 345 243 T3

<400> 32

```

    gggacuggaa ccguagcggc aggucgaggc gccgcuggcc ucguaaaaag cggcacaaaa 60
    guaaauugcca acaacgauua cgacuacgcu uacgcugccu aaauacagcg aggcaaugac 120
5    cguuuuacgg ucgcgccgau cagggccaug ccugauaacc cugauuggcg acacuuauc 180
    ggcuggcgaa aaccggcucu cgccgggguu uuucgcgagg aguuuaccgg cgggauugcu 240
    gcguugugcc uggucagggg ccaacagcgc ggugaaaauac auacuugacc uaaaccugua 300
10    augcuucgug uggaauguuc ucggacgggg                                     330

```

<210> 33

<211> 318

<212> ADN

15 <213> *Dichelobacter nodosus*

<400> 33

```

20    ctcgaggtgc atgtcgagaa tgagagaatc tcgttaaata ctttcaaac ttatagttgc 60
    aaacgacgac aactacgctt tagcggctta attcccgctt tcgcttacct agatttgtct 120
    gtgggtttac cgtaagcgac attaacacag aatcgctggt taacgcgtcc gctgttaatc 180
    ggttaaatta agcggaatcg cttgtaaaat gcctgagcgt tggctgttta tgagttaaac 240
25    ctaattaact gctctaaaca tgtagtacca aaagttaagg attcgcggac gggggttcaa 300
    atccccccgc ctccacca                                     318

```

<210> 34

30 <211> 318

<212> ARN

<213> *Dichelobacter nodosus*

35 <400> 34

```

    cucgaggugc augucgagaa ugagagaauc ucguuuuuua cuuucaaac uuauaguugc 60
    aaacgacgac aacnacgcuu uagcggcuua auucccgcuu ucgcuuaccu agauuugucu 120
40    guggguuuac cguaagcgac auuaacacag aaucgcuggu uaacgcgucc gcuguuuauc 180
    gguuuuuuaa agcggaaucg cuuguaaaau gccugagcgu uggcuguuuu ugaguuuauc 240
    cuaauuacu gcucuaaaca uguaguacca aaaguuaagg auucgcggac ggggguucaa 300
    auccccccgc cuccacca                                     318

```

45 <210> 35

<211> 367

<212> ADN

50 <213> *Enterococcus faecalis*

<400> 35

```

55    gggggcgtta cggattcgac aggcatagtt gagcttgaat tgcgtttcgt aggttacggc 60
    tacgttaaaa cgttacagtt aaatataact gctaaaaacg aaaacaattc ttctgcttta 120
    gctgcctaaa aaccagctag cgaagatcct cccggcatcg cccatgtgct cgggtcaggg 180
60
    tcctaatcga agtgggatac gctaaatfff tccgtctgta aaatttagag gagcttacca 240
    gactagcaat acagaatgcc tgctactcgg cacgctgtaa agcgaacctt taaatgagtg 300
65    tctatgaacg tagagattta agtggcaata tgtttgagcg cgggttcgac tcccgcgctc 360
    tccacca                                             367

```



## ES 2 345 243 T3

<400> 39

```

    ggggctgatt ctggattcga cgggattagc gaagcccaag gtgcacgtcg aggtgcggtg 60
    ggcctcgtaa ataaaccgca aaaaaatagt cgcaaacgac gaacaatagc ctttagcagc 120
5   ttaataacct gcatttagcc ttcgcgctcc agcttccgct cgtaagacgg ggataacgcg 180
    gagtcaaacc aaaacgagat cgtgtggaag ccaccgtttg aggatcgaag cactaaattg 240
    aatcaaaacta gcttaagttt agcgtgtctg tccgcatgct taagtgaaat taaagacgag 300
10  actaaacgtg tagtactgaa ggtagagtaa tttcggacgg gggttcaact cccccagct 360
    ccacca                                     366

```

<210> 40

15 <211> 366

<212> ARN

<213> *Haemophilus influenzae*

20 <400> 40

```

    ggggcugauu cuggauucga cgggauuagc gaagcccaag gugcacgucg aggugcggua 60
    ggcucuguaa auaaaccgca aaaaaauagu cgcaaacgac gaacaauacg cuuuagcagc 120
25  uuaauaaccu gcauuuagcc uucgcgcucc agcuuccgcu cguaagacgg ggauaacgcg 180
    gagucaaaacc aaaacgagau cguguggaag ccaccguuug aggaucgaag cacuaaaauug 240
    aaucaaaacua gcuaaaguuu agcgugucug uccgcaugcu uaagugaaa uaaagacgag 300
30  acuaaacgug uaguacugaa gguagaguaa uuucggacgg ggguucaacu cccccagcu 360
    ccacca                                     366

```

<210> 41

35 <211> 340

<212> ADN

<213> *Helicobacter pylori* (ATC 43504)

40 <400> 41

```

    agatttcttg tgcgcagat agcatgccaa gcgctgcttg taaaacagca acaaaaataa 60
    ctgtaaacia cacagattac gctccagctt acgctaaagc tgcgtgagtt aatctccttt 120
    tggagctgga ctgattagaa tttctagcgt tttaatcgct ccataacctt aagctagacg 180
45  cttttaaag gtggttcgcc ttttaacta agaaacaaga actcttgaaa ctatcttaag 240
    gttttagaaa gttgaccag agctagtttt aaggctaaaa actaaccaat tttctaagca 300
    ttgtagaagt ttgtgtttag ggcaagatth ttggactggg                                     340

```

50

<210> 42

<211> 340

<212> ARN

55 <213> *Helicobacter pylori* (ATC 43504)

<400> 42

```

    agauuucuug ucgcgcagau agcaugccaa gcgcugcuug uaaaacagca acaaaaauaa 60
    cuguaaacia cacagauuac gcuccagcuu acgcuaaagc ugcgugaguu aaucuccuuu 120
    uggagcugga cugauuagaa uuucuaagcu uuuaaucgcu ccuaaacuuu aagcuagacg 180
    cuuuuaaaag gugguucgcc uuuuaaacua agaaacaaga acucuugaaa cuaucuuuag 240
65  guuuuagaaa guuggaccag agcuaguuuu aaggcuaaaa acuaaccaau uuucuaagca 300
    uuguagaagu uuguguuuag ggcaagauuu uuggacuggg                                     340

```



## ES 2 345 243 T3

<400> 46

```

    gggauucgcg aaacccaagg ugcaugccga ggggcgguug gccucguaaa aagccgcaaa 60
    aaaauagucg caaacgacga aaacuacgcu uuagcagcuu aaauaccugc uaagagcccu 120
5   cucucccuag cuuccgcucc uaagacgggg aaauaaagaga ggucaaacc ccc aaaagagauc 180
    gcguggaagc ccugccuggg guugaagcgu uaaaacuaau caggcuaguu ugucaguggc 240
    guguccgucc gcagcuggcc agcgaaugua aagacuggac uaagcaugua gugccgagga 300
10  uguaggaauu uc 312

```

<210> 47

<211> 316

<212> ADN

15 <213> *Lactobacillus lactis* (NCTC 662)

<400> 47

```

20  aagcacagtt cgagcttgaa ttgctgttcg taggttacgt ctacgttaaa acgttacagt 60
    taaatataac tgctaaaaac gaaaacaact cttacgcttt agctgcctaa aaacagttag 120
    cgtagatcct ctcggcatcg cccatgtgct cgagtaaggg tctcaaattt agtgggatac 180
    gttaaacttt tccgtctgta aagtttaaaa gagatcatca gactagcgat acagaatgcc 240
25  tgtcactcgg caagctgtaa agcgaaacct caaatgagtt gactatgaac gtagattttt 300
    aagtgtcgat gtgttt 316

```

<210> 48

30 <211> 316

<212> ARN

<213> *Lactobacillus lactis* (NCTC 662)

35 <400> 48

```

    aagcacaguu cgagcuugaa uugcguuucg uagguuacgu cuacguuaaa acguuacagu 60
    uaaaauaaac ugcuaaaaac gaaaacaacu cuuacgcuuu agcugccuaa aaacaguuag 120
40  cguagauccu cucggcaucg cccaugugcu cgaguaaggg ucuaaaauuu aguggggauc 180
    guaaaacuuu uccgucugua aaguuuuaaaa gagaucauca gacuagcgau acagaaugcc 240
    ugucacucgg caagcuguaa agcgaaaccu caaauagauu gacuangaac guagauuuuu 300
45  aagugucgau guguuu 316

```

<210> 49

<211> 362

<212> ADN

50 <213> *Legionella pneumophila*

<400> 49

```

55  gtgggttgca aaaccggaag tgcattgccga gaaggagatc tctcgtaaat aagactcaat 60
    taaatataaa tgcaaacgat gaaaactttg ctggtgggga agctatcgct gcctaataag 120
    cactttagtt aaaccatcac tgtgtactgg ccaataaacc cagtatcccg ttcgaccgag 180
    cccgcttatac ggtatcgaat caacggatcat aagagataag ctagcgtcct aatctatccc 240
60  gggttatggc gcgaaactca ggggaatcgct gtgtatcatc ctgcccgtcg gaggagccac 300

```

```

65  agttaaattc aaaagacaag gctatgcatg tagagctaaa ggcagaggac ttgcggacgc 360
    gg 362

```



## ES 2 345 243 T3

<400> 53

```

    acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgtta tcaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
5   catagctgat cctccgtgca tcgcccatgt gctacggtaa gggctctact ctaagtgggc 180
    tacactagtt aatctccgtc tgagggtaaa tagaagagct taatcagact agctgaatgg 240
    aagcctgtta ccgggctgat gtttatgcga aatgctaata cggtgactac gctcgtagat 300
10  attcaagtgc cgatatttct gg                                     322

```

<210> 54

<211> 322

<212> ARN

15

<213> *Listeria innocua*

<400> 54

```

20  acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cggggggauc guccucguua ucaacgucaa 60
    agccaauaau aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
    cauagcugau ccuccgugca ucgcccangu gcuacgguaa gggucucacu cuaagugggc 180
    uacacuaguu aaucuccguc ugagguuaaa uagaagagcu uaucagacu agcugaaugg 240
25  aagccuguaa ccgggcugau guuuaugcga aaugcuaaau cggugacuac gcucguagau 300
    auucaagugc cgauuuuucu gg                                     322

```

<210> 55

30 <211> 322

<212> ADN

<213> *Listeria monocytogenes* (NCTC 7973)

35 <400> 55

```

    acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgtta tcaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
40  catagctgat cctccgtgca tcgcccatgt gctacggtaa gggctctact ctaagtgggc 180
    tacactagtt aatctccgtc tgggggtaaa tagaagagct taatcagact agctgaatgg 240
    aagcctgtta ccgggccgat gtttatgcga aatgctaata cggtgactac gctcgtagat 300
45  atttaagtgc cgatatttct gg                                     322

```

<210> 56

<211> 322

<212> ARN

50

<213> *Listeria monocytogenes* (NCTC 7973)

<400> 56

```

55  acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cggggggauc guccucguua ucaacgucaa 60
    agccaauaau aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
    cauagcugau ccuccgugca ucgcccangu gcuacgguaa gggucucacu cuaagugggc 180
    uacacuaguu aaucuccguc ugggguuaaa uagaagagcu uaucagacu agcugaaugg 240
60  aagccuguaa ccgggccgau guuuaugcga aaugcuaaau cggugacuac gcucguagau 300
    auuaaagugc cgauuuuucu gg                                     322

```

<210> 57

65 <211> 247

<212> ADN

<213> *Listeria monocytogenes* (NCTC 11994)

## ES 2 345 243 T3

<400> 57

```

    caaagccaat aataactggc aaagaaaaac aaaacctagc ttctgctgcc taataagcag 60
    tagcatagct gatcctccgt gcatcgccca tgtgctacgg taagggctct actctaagtg 120
5   ggctacacta gttaatctcc gtctgggggtt aatagaaga gcttaatcag actagctgaa 180
    tggagcctg ttaccggggc gatgtttatg cgaaatgcta atacggtgac tacgctcgta 240
    gatattt                                     247

```

10 <210> 58

<211> 247

<212> ARN

15 <213> *Listeria monocytogenes* (NCTC 11994)

<400> 58

```

    caaagccaau auaaacuggc aaagaaaaac aaaaccuagc uuucgcugcc uaauaagcag 60
20   uagcauagcu gauccuccgu gcaucgccca ugugcuacgg uaagggucuc acucuaagug 120
    ggcuacacua guuaaucucc gucugggguu aaauagaaga gcuuaaucag acuagcugaa 180
    uggagccug uuaccggggc gauguuuuug cgaaaugcua auacggugac uacgcucgua 240
25   gauauuu                                     247

```

<210> 59

<211> 322

30 <212> ADN

<213> *Listeria murrayi*

<400> 59

```

35   acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgta tcaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
    catagctgat cctccgtgca tcgcccattg gctacggtaa gggctcact ctaagtgggc 180
40   taaactagtt aatctccgtc tgaggttaaa tagaagagct taatgagact agctgaatgg 240
    aagcctgtta cgggctgat gtttatgcga aatgctaata cggtgactac gctcgtagat 300
    attcaagtgc cgatatttct gg                                     322

```

45 <210> 60

<211> 322

<212> ARN

50 <213> *Listeria murrayi*

<400> 60

```

    acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cggggggauc guccucguua ucaacgucaa 60
55   agccaauaau aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
    cauagcugau ccuccgugca ucgcccAugu gcuacgguaa gggucucacu cuaagugggc 180
    uacacuaguu aaucuccguc ugagguuaaa uagaagagcu uaaugagacu agcugaaugg 240
60   aagccuguaa cggggcugau guuuauugca aaugcuaaau cggugacuac gcucguagau 300
    auucaagugc cgauuuuuu gg                                     322

```

<210> 61

65 <211> 322

<212> ADN

<213> *Listeria welshimeri*

## ES 2 345 243 T3

<400> 61

```

acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtctctgta tcaacgtcaa 60
agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
5 catagctgat cctccgtgca tcgcccattg gctacggtaa gggctctact ctaagtgggc 180
tacctggct aatctccgtc tgaggttagt tggagagct taatcagact agctgaatgg 240
aagcctgtta cggggccgat gtttatgcga aatgctaata cggtgactac gctcgtagat 300
10 atttaagtgc cgatatttct gg 322

```

<210> 62

<211> 322

<212> ARN

15 <213> *Listeria welshimeri*

<400> 62

```

acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cggggggauc guccucguua ucaacgucaa 60
20 agccaauaau aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
cauagcugau ccuccgugca ucgcccangu gcuacgguaa gggucucacu cuaagugggc 180
uacacuggcu aaucuccguc ugagguuagu uggaagagcu uaaucagacu agcugaaugg 240
25 aagccuguaa cggggccgau guuuauagcga aaugcuaaau cggugacuac gcucguagau 300
auuaagugc cgauuuucu gg 322

```

<210> 63

30 <211> 322

<212> ADN

<213> *Marinobacter hydrocarbonoclasticus*

35 <400> 63

```

gccggtgacg aacccttggg tgcattgccga gatggcagcg aatctcgtaa atccaaagct 60
gcaacgtaat agtcgcaaac gacgaaaact acgcactggc ggcgtaagcc gttccagctg 120
40 tcttggtga ggcgcctata actcagtagc aacatcccag gacgtcatcg cttataggct 180
gctccgttca ccagagctca ctggtgttcg gctaagatta aagagctcgc ctcttgacc 240
ctgaccttcg ggtcgttga ggttaaatca atagaaggac actaagcatg tagacctcaa 300
ggcctagtgc tggcggacgc gg 322

```

45 <210> 64

<211> 322

<212> ARN

50 <213> *Marinobacter hydrocarbonoclasticus*

<400> 64

```

gccggugacg aaccuuuggg ugcaugccga gauggcagcg aaucucguua auccaaagcu 60
55 gcaacguauu agucgcaaac gacgaaaacu acgcacuggc ggcguaagcc guuccagucg 120

```

```

uccuggcuga ggcgccuaa acucaguagc aacaucccag gacguaucg cuuauaggcu 180
gcuccguuca ccagagcuca cugguguucg gcuuagauua aagagcucgc cucuugcacc 240
cugaccuucg ggucgcuuga gguuaaauca auagaaggac acuaagcaug uagaccucaa 300
65 ggccuagugc uggcggacgc gg 322

```

<210> 65

<211> 338

## ES 2 345 243 T3

<212> ADN  
 <213> *Mycobacterium avium*

5 <400> 65

```

    ttcgcgcatc gaatcaaggg aagcgtgccg gtgcaggcaa ctgaccaccg taagcgtcgt 60
    tgcaaataga taagcgccga ttcacatcag cgcgacttac ctctcgctgc ctaagcgaca 120
  10 gctagtccgt cagcccggga acgccctcga cccggagcct ggcgtcagct agagggatcc 180
    accgatgagt tcggtcgagg gactcatcgg gacaccaaca gcgactggga tcgtcatcct 240
    ggcttgttcg cgtgaccagg agatccgagt agaggcatag cgaactgcgc acggagaagc 300
    cttgagggaa tgccgtagaa cccgggttcg attcccaa                               338
  
```

15 <210> 66  
 <211> 338  
 <212> ARN

20 <213> *Mycobacterium avium*

<400> 66

```

    uucgcgcauc gaaucaaggg aagcgugccg gugcaggcaa cugaccaccg uaagcgucgu 60
  25 ugcaaaauaga uaagcgccga uucacaucag cgcgacuac cucucgcugc cuaagcgaca 120
    gcuaaguccgu cagcccggga acgccucga cccggagccu ggcgucagcu agagggaucc 180
    accgauyagu ucggucgagg gacucaucgg gacaccaaca gcgacuggga ucgucauccu 240
    ggcuuguucg cgugaccagg agauccgagu agaggcauag cgaacugcgc acggagaagc 300
  30 cuugagggaa ugccguagaa cccggguucg auucccaa                               338
  
```

<210> 67  
 <211> 318

35 <212> ADN  
 <213> *Mycobacterium bovis*

<400> 67

```

    ttcgcgcatc gaatcaaggg aagcgtgccg gtgcaggcaa gagaccaccg taagcgtcgt 60
    tgcgaccaa taagcgccga ttcacatcag cgcgactacg tctcgctgcc taagcgacgg 120
    ctagtctgtc agaccgggaa cgccctcggc cggaccctg gcatcagcta gagggatcca 180
  45 ccgatgagtc cggtcgaggg actcctcggg acaaccacag cgactgggat cgtcatctcg 240
    gctagttcgc gtgaccggga gatccgagca gaggcatagc gaactgcgca cggagaagcc 300
    ttgagggaat gccgtagg                               318
  
```

50 <210> 68  
 <211> 318  
 <212> ARN

55 <213> *Mycobacterium bovis*

<400> 68

```

    uucgcgcauc gaaucaaggg aagcgugccg gugcaggcaa gagaccaccg uaagcgucgu 60
  60 ugcgaccaa uaagcgccga uucacaucag cgcgacuac ucucgcugcc uaagcgacgg 120
    cuagucuguc agaccgggaa cgccucggc cggaccucg gcaucagcua gagggaucca 180
    ccgaugaguc cggucgaggg acucccggg acaaccacag cgacugggau cgucaucucg 240
    gcuaguucgc gugaccggga gauccgagca gaggcauagc gaacugcgc cggagaagcc 300
  65 uugagggaa gccguagg                               318
  
```

<210> 69

## ES 2 345 243 T3

<211> 369

<212> ADN

<213> *Mycobacterium leprae*

5

<400> 69

```

    ggggctgaaa ggtttcgact tcgcgcatcg aatcaagggg agcgtgccgg tgcaggcaag 60
10  agaccaccgt aagcgtcggt gcagcaatat aagcgccgat tcatatcagc gcgactatgc 120
    tctcgctgcc taagcgatgg ctagtctgtc agaccgggaa cgccctcgtc ccggagcctg 180
    gcatcagcta gagggatcta ccgatgggtt cggtcgctgg actcgtcggg acaccaaccg 240
15  cgactgggat cgtcatcctg gctagtctgc gtgatcagga gatccgagta gaggcatagc 300
    gaactacgca cggagaagcc ttgagggaaa tgccgtagga cccgggttcg attcccggca 360
    gctccacca                                     369
  
```

20 <210> 70

<211> 369

<212> ARN

<213> *Mycobacterium leprae*

25

<400> 70

```

    ggggcugaaa gguuucgacu ucgcgcaucg aaucaagggg agcgugccgg ugcaggcaag 60
30  agaccaccgu aagcgucguu gcagcaauau aagcgccgau ucauauacgc gcgacuauvc 120
    ucucgcugcc uaagcgauvg cuagucuguc agaccgggaa cgccucguc ccggagccug 180
    gcaucagcua gagggauvcu ccgauggguu cggucgcggg acucgucggg acaccaaccg 240
35  cgacugggau cgucauccug gcuaguucgc gugaucagga gaucggagua gaggcavugc 300
    gaacuacgca cggagaagcc uugagggaaa ugccguagga cccggguucg auucccgga 360
    gcuccacca                                     369
  
```

40

<210> 71

<211> 338

<212> ADN

<213> *Mycobacterium paratuberculosis*

45

<400> 71

```

    ttcgcgcatc gaatcaaggg aagcgtgccg gtgcaggcaa ctgaccaccg taagcgtcgt 60
50  tgcaaataga taagcgccga ttcacatcag cgcgacttac ctctcgctgc ctaagcgaca 120
    gctagtccgt cagcccggga acgcctcga cccggagcct ggcgtcagct agagggatcc 180
55  accgatgagt tcggtcgcgg gactcatcgg gacaccaaca gcgactggga tcgtcatcct 240
    ggcttgctcg cgtgaccagg agatccgagt agaggcatag cgaactgcgc acggagaagc 300
  
```

60

```

    cttgagggaa tgccgtagaa cccgggttcg attcccaa                                     338
  
```

<210> 72

65

<211> 338

<212> ARN

<213> *Mycobacterium paratuberculosis*

## ES 2 345 243 T3

<400> 72  
 uucgcgcauc gaaucaaggg aagcgugccg gugcaggcaa cugaccaccg uaagcgucgu 60  
 ugcaaaauaga uaagcgccga uucacaucag cgcgacuac cucucgcugc cuaagcgaca 120  
 5 gcuaguccgu cagcccggga acgcccucga cccggagccu ggcgucagcu agagggaucc 180  
 accgaugagu ucggucgagg gacucaucgg gacaccaaca gcgacuggga ucgucauccu 240  
 ggcuuguucg cgugaccagg agauccgagu agaggcauag cgaacugcgc acggagaagc 300  
 10 cuugagggaa ugccguagaa cccggguucg auucccaa 338

<210> 73

<211> 368

<212> ADN

15 <213> *Mycobacterium tuberculosis*

<400> 73

20 ggggctgaac ggtttcgact tcgcgcatcg aatcaagggg agcgtgccgg tgcaggcaag 60  
 agaccaccgt aagcgtcgtt gcgaccaa at aagcgccgat tcacatcagc gcgactacgc 120  
 tctcgctgcc taagcgacgg ctagtctgtc agaccgggaa cgccctcggc cggaccctg 180  
 gcatcagcta gagggatcca ccgatgagtc cggtcgaggg actcctcggg acaaccacag 240  
 25 cgactgggat cgtcatctcg gctagttcgc gtgaccggga gatccgagca gaggcatagc 300  
 gaactgcgca cggagaagcc ttgagggaa gccgtaggac ccgggttcga ttcccggcag 360  
 ctccacca 368

30 <210> 74

<211> 368

<212> ARN

35 <213> *Mycobacterium tuberculosis*

<400> 74

40 ggggcugaac gguuucgacu ucgcgcaucg aaucaggga agcgugccgg ugcaggcaag 60  
 agaccaccgu aagcgucguu gcgaccaaau aagcgccgau ucacaucagc gcgacuacgc 120  
 ucucgcugcc uaagcgacgg cuagucuguc agaccgggaa cgccucggc cggaccucg 180  
 gcaucagcua gagggaucca ccgaugaguc cggucgaggg acuccucggg acaaccacag 240  
 cgacugggau cgucaucucg gcuaguucgc gugaccggga gauccgagca gaggcauagc 300  
 45 gaacugcgca cggagaagcc uugagggaa gccguaggac ccggguucga uucccgagc 360  
 cùccacca 368

<210> 75

50 <211> 411

<212> ADN

<213> *Mycoplasma capricolum*

55 <400> 75

ggggatgtca tggatttgac aggatatctt tagtacatat aagcagtagt gttgtagact 60  
 ataaatacta ctaggtttaa aaaaacgcaa ataaaaacga agaaactttt gaaatgccag 120  
 60 catttatgat gaataatgca tcagctggag caaactttat gtttgcttaa taactactag 180  
 tttagttata gtatttcacg aattatagat attttaagct ttatttataa ccgtattacc 240  
 caagcttaat agaatatatg attgcaataa atatatttga aatctaattg caaatgatat 300  
 ttaaccttta gttaatttta gttaaattt ttaattagaa aattaactaa actgtagaaa 360  
 65 gtatgtatta atatatcttg gacgcgagtt cgattctcgc catctccacc a 411

<210> 76

## ES 2 345 243 T3

<211> 411

<212> ARN

<213> *Mycoplasma capricolum*

5

<400> 76

```

    ggggauguca uggauuugac aggauaucuu uaguacauau aagcaguagu guuguagacu 60
    aaaaauacua cuagguuuua aaaaacgcaa aaaaaaacga agaaacuuuu gaaaugccag 120
10   cauuuaugau gaauaaugca ucagcuggag caaacuuuuu guuugcuuaa uaacuacuag 180
    uuuaguuaaa guauuucacg aauuuauagau auuuuaagcu uuauuuuaaa ccguauuacc 240
    caagcuuaau agaauuaug auugcaauaa auauuuuga aaucuaauug caaaugauau 300
15   uuaaccuuua guuaauuuua guuaauuuu uuaauugaa aauuaacuaa acuguagaaa 360
    guauguauua auauaucuug gacgcgaguu cgauucucgc caucuccacc a          411
  
```

20 <210> 77

<211> 388

<212> ADN

<213> *Mycoplasma genitalium* (ATTC 33530, N°: 1)

25

<400> 77

```

    ggggatgttt tgggtttgac ataatgctga tagacaaaca gtagcattgg ggtatgcccc 60
    ttacagcgct aggttcaata accgacaaag aaaataacga agtgttggta gaaccaaatt 120
30   tgatcattaa ccaacaagca agtgттаact ttgcttttgc ataagtagat actaaagcta 180
    cagctggtga atagtcatag tttgctagct gtcatagttt atgactcgag gttaaatcgt 240
    tcaatttaac ctttaaaaat agaacttggt gtttccatga ttgtttgtg atcaattgga 300
35   aacaagacaa aaatccacaa aactaaaatg tagaagctgt ttgtttgtgc ctttatggaa 360
    acgggttcga ttcccgtcat ctccacca          388
  
```

40 <210> 78

<211> 388

<212> ARN

<213> *Mycoplasma genitalium* (ATTC 33530, N°: 1)

45

<400> 78

```

    ggggauguuu uggguuugac auaaugcuga uagacaaaca guagcauugg gguaugcccc 60
    uuacagcgcu agguucaaua accgacaaag aaaauaacga aguguuggua gaaccaaauu 120
50   ugaucauuua ccaacaagca aguguuuacu uugcuuuugc auaguagau acuaaagcua 180
    cagcugguga auagucuuag uuugcuagcu gucauaguuu augacucgag guuaaaucgu 240
    ucauuuuuac cuuuuuuuuu agaacuuguu guuuuccauga uuguuuugug aucaauugga 300
55
    aacaagacaa aaauccacaa aacuaaaaug uagaagcugu uuguuguguc cuuuauuggaa 360
60   acggguucga uucccgucuu cuccacca          388
  
```

<210> 79

<211> 243

65

<212> ARN

<213> *Mycoplasma genitalium* (ATTC 33530, N°: 2)

## ES 2 345 243 T3

<400> 79

5      acaaagcgaa gacaaacaga gcaggggagc cccacagcgc aggcaaaacc gacaaagaaa 60  
       aaacgaaggg gagaccaaag acaaaccaac aagcaaggaa cgcgcaaaga gaacaaagca 120  
       cagcgggaaa gcaaggcagc gcaagagacc gaggaaacgc aaaacccaaa aagaacggcc 180  
       agagggacaa ggaaacaaga caaaaaccac aaaacaaaag agaagcgggg ccaggaaacg 240  
       ggc 243

10 <210> 80  
 <211> 350  
 <212> ARN

15 <213> *Mycoplasma genitalium* (ATTC 33530, N°: 2)

<400> 80

20      acauaaugcu gauagacaaa caguagcauu gggguaugcc ccuucagcg cuagguuca 60  
       uaaccgacaa agaaaauaac gaaguguugg uagauccaaa uuugaucuu aaccaacaag 120  
       caaguguuua cuuugcuuuu gcauaaguag auacuaaagc uacagcuggu gaauagucuu 180  
       aguuugcuag cugucauagu uuaugacucg agguuaaauc guucauuua accuuuuaaa 240  
       auagaacuug uuguuuuccau gauuguuuug ugaucuuuug gaaacaagac aaaaauccac 300  
       aaaacuaaaa uguagaagcu guuuguuugug uccuuuauug aaacggguuc 350

30 <210> 81  
 <211> 387  
 <212> ADN  
 <213> *Mycoplasma pneumophila*

35 <400> 81

40      ggggatgtag aggttttgac ataatggtga aaggaaaaca gttgcagtgg ggtatgcccc 60  
       ttacagctct aggtataata accgacaaaa ataacgacga agttttggta gatccaatgt 120  
       tgatcgctaa ccaacaagca agtatcaact acgctttcgc ttagaacata ctaaagctac 180  
       acgaattgaa tcgccatagt ttggttcgtg tcacagttta tggctcgggg ttaactgggt 240  
       caacttaatc cttaaattat gaacttatcg tttacttggt tgtcttatga tctaaagtaa 300  
       gcgagacatt aaaacataag actaaactgt agaagctggt ttaccaatcc tttatggaaa 360  
       cgggttcgat tcccgtcatc tccacca 387

50 <210> 82  
 <211> 387  
 <212> ARN  
 <213> *Mycoplasma pneumophila*

55 <400> 82

60      ggggauguag agguuuugac auaauguuga aaggaaaaca guugcagugg gguaugcccc 60  
       uuacagcucu agguauaaua accgacaaaa auaacgacga aguuuuggua gauccaauuu 120  
       ugaucgcuaa ccaacaagca aguaucacu acgcuuucgc uuagaacaua cuaaagcuac 180  
       acgaauugaa ucgccauagu uugguucgug ucacaguuaa uggcucgggg uuaacugguu 240  
       caacuuaauc cuuaaaauau gaacuuauucg uuuacuuguu ugucuuuuga ucuaaaguua 300  
       gcgagacauu aaaacauaag acuaaacugu agaagcuguu uuaccaaucc uuuauugaaa 360  
       cggguucgau ucccgucauc uccacca 387

65 <210> 83  
 <211> 318  
 <212> ADN

## ES 2 345 243 T3

<213> *Neisseria gonorrhoeae* (ATCC 19424)

<400> 83

```

5      ggggggttgcg aagcagatgc gggcataccg gggctctcaga ttcccgtaaa aactgaatt 60
      caaatagtcg caaacgacga aacttacgct ttagccgctt aaggctagcc gttgcagcag 120
      tcgggtcaatg ggctgtgtgg cgaaagccac cgcaacgtca ttttacattg actggtttcc 180
      agccgggtta cttggcagga aataagactt aaggtaactg gtttccaaaa ggcctgttgg 240
10     tcggcatgat ggaaataaga ttttcaaata gacacaacta agtatgtaga acgcttttga 300
      gaggactttc ggacgggg                                     318

```

<210> 84

15 <211> 318

<212> ARN

<213> *Neisseria gonorrhoeae* (ATCC 19424)

20 <400> 84

```

      gggggguugcg aagcagaugc gggcauaccg gggucucaga ucccguaaa acacugaau 60
      caaaauagucg caaacgacga aacuuacgcu uuagccgcuu aaggcuagcc guugcagcag 120
25     ucggucaaug ggcugugugg cgaaagccac cgcaacguca ucuuacauug acugguuucc 180
      agccggguua cuuggcagga aauaagacuu aagguaacug guuuccaaaa ggccuguuug 240
      ucggcaugau ggaaauaaga uuuucaaaau gacacaacua aguauguaga acgcuuugua 300
      gaggacuuc  ggacgggg                                     318

```

<210> 85

<211> 363

<212> ADN

35 <213> *Neisseria gonorrhoeae* (FA 1090)

<400> 85

```

40     gggggcgacc ttggtttcga cgggggttgc gaagcagatg cgggcatacc ggggtctcag 60
      attcccgtaa aactgaat tcaaatagtc gcaaacgacg aaacttacgc ttagccgct 120
      taaggctagc cgttgcagca gtcgggtcaat gggctgtgtg gtgaaagcca ccgcaacgtc 180
      atcttacatt gactggtttc cagccgggtt acttggcagg aaataagact taaggtaact 240
45     ggtttccaaa aggcctgttg gtcggcatga tggaaataag attttcaaat agacacaact 300
      aagtatgtag aacgctttgt agaggacttt cggacggggg ttcgattccc cccgcctcca 360
      cca                                     363

```

50 <210> 86

<211> 363

<212> ARN

<213> *Neisseria gonorrhoeae* (FA 1090)

55 <400> 86

```

      gggggcgacc uggguuucga cggggguugc gaagcagaug cgggcacuacc ggggucucag 60
      aucccguaa aacacugaau ucaaauguc gcaaacgacg aaacuuacgc uuagccgcu 120
60     uaaggcuagc cguugcagca gucggucaau ggcugugug gugaaagcca ccgcaacguc 180
      aucuuacauu gacugguuuc cagccggguu acuuggcagg aaauaagacu uaagguaacu 240
      gguuuccaaa aggcuguuug gucggcauga uggaaauaag auuuucaaau agacacaacu 300
65     aaguauguag aacgcuuugu agaggacuuu cggacggggg uucgauuucc cccgccucca 360
      cca                                     363

```

## ES 2 345 243 T3

<210> 87

<211> 363

<212> ADN

5 <213> *Neisseria meningitidis*

<400> 87

```

10      gggggcgacc ttggtttcga cgggggttgc gaagcagatg cgggcataacc ggggtctcag 60
      attcccgtaa aacctgaat tcaaatagtc gcaaacgacg aaacttacgc tttagccgct 120
      taaggctagc cgttgcagca gtcggtcaat gggctgtgtg gcgaaagcca ccgcaacgtc 180
15      atcttacatt gactggtttc ctgccgggtt atttggcagg aaatgagatt taaggtaact 240
      ggtttccaaa aggctgttg gtcggcatga tggaaataag attttcaaat agacacaact 300
      aagtatgtag aacgcctttg agaggacttt cggacggggg ttcgattccc cccgcctcca 360
      cca                                     363
  
```

20

<210> 88

<211> 363

<212> ARN

25 <213> *Neisseria meningitidis*

<400> 88

```

30      gggggcgacc uugguuucga cggggguugc gaagcagaug cgggc auacc ggggucucag 60
      auccccguaa aacacugaau ucaaauaguc gcaaacgacg aaacuuacgc uuuagccgcu 120
      uaaggcuagc cguugcagca gucggucaau gggcugugug gcgaaagcca ccgcaacguc 180
35      aucuuacaau gacugguuuc cugccggguu auuuggcagg aaugagauu uaagguaacu 240
      gguuuccaaa aggccuguug gucggcauga uggaaauaag auuuucaaa agacacaacu 300
      aaguauguag aacgcuuugu agaggacuuu cggacggggg uucgauuccc cccgccucca 360
      cca                                     363
  
```

40

<210> 89

<211> 385

45 <212> ADN

<213> *Nostoc muscorum* PCC7120

<400> 89

```

50      ggggccgctcg gtttcgacag gttggcgaac gctactctgt gattcaggtc gagagtgagt 60
      ctctctgca aatcaaggct caaaacaaaa gtaaatgcga ataacatcgt taaatttgct 120
      cgtaaggacg ctctagtagc tgcctaaata gcctctttca ggttcgagcg tcttcggttt 180
55      gactccgtta aggactgaag accaaccccc aacggatgct ctagcaatgt tctctggttg 240
      gcttgctagc taagatttaa tcagagcatc ctacgttcgg gataatgaac gattcccgcc 300
      ttgagggtca gaaaggctaa acctgtgaat gagcgggggg tcaatacca atttggacag 360
60      cagttcgact ctgctcgatc cacca                                     385
  
```

60

<210> 90

<211> 385

65 <212> ARN

<213> *Nostoc muscorum* PCC7120

## ES 2 345 243 T3

<400> 90

```

5      ggguccgucg guuucgacag guuggcgaac gcuacucugu gauucagguc gagagugagu 60
      cuccucugca aaucaaggcu caaaaacaaaa guaaaugcga auaacaucgu uaaaauugcu 120
      cguaaggacg cucuaguagc ugccuaaaaua gccucuuuca gguucgagcg ucuucgguuu 180
      gacuccguua aggacugaag accaaccccc aacggaugcu cuagcaaugu ucucugguug 240
10     gcuugcuagc uaagauuuua ucagagcauc cuacguucgg gauaaugaac gauucccgcc 300
      uugaggguca gaaaggcuaa accugugaau gagcgggggg ucaauaccca auuuggacag 360
      caguucgacu cugcucgauc cacca                                     385

```

15 <210> 91

<211> 371

<212> ADN

<213> *Odontella sinensis* (diatomea) cloroplasto

20

<400> 91

```

25     ggggctgact tggtttcgac atttaaaaat tgttacagta tgatgcaggt cgaagtttct 60
      aatcttcgta aaaaaagaga aatttataat aaatgctaata aatttaattt cttctgtggt 120
      taaaagttta tcaactaagc aaaatagttt aaatttaagt tttgctgttt aagttttatg 180
      cacatttaat gatctagtaa ataactttgt tcgctataat ttatatttat aactagactt 240
30     ttgtcttttt tatagtttag aataacttta tcatttcaaa cctcgttcca tctagttgaa 300
      ctaaacctgt gaacgaatac tataataaaa ttttagatg gacgtgggtt cgactcccat 360
      cagctccacc a                                             371

```

35 <210> 92

<211> 371

<212> ARN

<213> *Odontella sinensis* (diatomea) cloroplasto

40

<400> 92

```

45     ggggcugacu ugguuucgac auuuuuuuuu uguuacagua ugaugcaggu cgaaguuuuc 60
      aaucuuucgua aaaaaagaga aaauuuuuuu aaauugcuaau aaauuuuuuu cuucuguguu 120
      uaaaaguuua ucaacuaagc aaaauuuuuu aaauuuuuuu uuugcuguuu aaguuuuuug 180
      cacauuuuuu gaucuaagua auaacuuuuu ugcuaauuuu uuauuuuuuu aacuagacuu 240
50     uugucuuuuu uauaguuuag aaauuuuuuu ucauuuucuu ccucguucca ucuaguugaa 300
      cuaaaccugu gaacgaauac uauuuuuuuu uuuuuuagaug gacgugguuu cgacucccau 360

```

55

cagcuccacc a

371

<210> 93

60 <211> 323

<212> ADN

<213> *Porphyra purpureum* (alga roja) cloroplasto

65

## ES 2 345 243 T3

<400> 93

```

    ggggctgcaa ggtttctaca ttgtgaaaaa acaaatatat gaaagtaaaa cgagctcatt 60
    attagagctt ttagttaaataaat aaatgcagaa aataatatta ttgctttttc tCGAAAatta 120
5   gctggtgcat aaatagtctc aattttttgta attcgaagtg atagactctt atacactacg 180
    aatattctgt tagagttgct ctttaataaaa gaaaagtaaa aaaatacaaa ttcttatggt 240
    ttttacctga attgattcaa ttttaaggta gtattttttg attttttaca tggacgtggg 300
10  ttcaagtccc accagctcca cca 323

```

<210> 94

<211> 323

15 <212> ARN

<213> *Porphyra purpureum* (alga roja) cloroplasto

<400> 94

```

20  ggggugcuaa gguuucuaca uugugaaaaa acaaaauuuu gaaaguuaaa cgagcucuu 60
    auuagagcuu uuaguuaaaau aaauugcagaa auuauuuuuu uugcuuuuuu uCGAAAuuu 120
    gcuguuugcau aaauagucuc aauuuuuugua auucgaagug auagacucuu auacacuacg 180
25  aaauuucugu uagaguugcu cuuaauaaaa gaaaaguuaa aaaaaucaaa uucuuuuguu 240
    uuuuaccuga auugauucaa uuuuagguaa guuuuuuuug auuuuuuaca uggacguggg 300
    uucaaguccc accagcucca cca 323

```

30 <210> 95

<211> 407

<212> ADN

35 <213> *Porphyromonas gingivalis*

<400> 95

```

40  ggggctgacc ggctttgaca gcgtgatgaa gcggtatgta agcatgtagt gcgtgggtgg 60
    cttgcaactat aatctcagac atcaaaagtt taattggcga aaataactac gctctcgtctg 120
    cgtaatcgaa gaatagtaga ttagacgctt catcgccgcc aaagtggcag cgacgagaca 180
    tcgcccagc agctttttcc cgaagtagct cgatggtgcg gtgctgacaa atcgggaacc 240
    gctacaggat gcttctctgcc tgtggtcaga tcgaacggaa gataaggatc gtgcattggg 300
45  tcgtttcagc ctccgctcgc tcacgaaaat tccaactgaa actaaacatg tagaaagcat 360
    attgattcca tgtttggacg aggttcaat tccctccagc tccacca 407

```

50 <210> 96

<211> 407

<212> ARN

<213> *Porphyromonas gingivalis*

55 <400> 96

```

60  ggggucgacc ggcuuugaca gcgugaugaa gcgguaugua agcauguagu gcgugggugg 60
    cuugcacuau aaucucagac aucaaaaguu uaauuggcga aaauaacuac gcucucgcug 120
    cguaaucgaa gaauaguaga uuagacgcuu caucgccgcc aaaguggcag cgacgagaca 180
    ucgcccagc agcuuuuucc cgaaguagcu cgauggugcg gugcugacaa aucgggaacc 240
    gcuacaggau gcuuccugcc uguggucaga ucgaacggaa gauaaggauc gugcauuggg 300
65  ucguuucagc cuccgcucgc ucacgaaaau uccaacugaa acuaaacaug uagaaagcau 360
    auugauucca uguuuggacg aggguucaau ucccuccagc uccacca 407

```

<210> 97

## ES 2 345 243 T3

<211> 310

<212> ADN

<213> *Proteus rettgeri* (NCTC 10975)

5

<400> 97

```

    gggatttgcg aaacccaagg tgcattgccga ggggcgggtg gcctcgtaaa aagccgcaaa 60
    aaaatagtcg caaacgacga aaactacgct ttagcagctt aataacctgc ttagagccct 120
10  ctctccctag cctccgctct tggacgggga tcaagagagg tcaaacccaa aagagatcgc 180
    gtggatgcct tgcctggggg tgaagcgta aacttaatca ggatagtttg ttggtggcgt 240
    gtctgtccgc agctggcaaa tgaattcaaa gactagacta agcatgtagt accgaggatg 300
15  tagaaatttc                                     310
  
```

<210> 98

<211> 310

20 <212> ARN

<213> *Proteus rettgeri* (NCTC 10975)

<400> 98

```

25  gggauuugcg aaacccaagg ugcaugccga ggggcggguug gccucguaaa aagccgcaaa 60
    aaaauagucg caaacgacga aaacuacgcu uuagcagcuu aauaaccugc uuagagcccu 120
    cucucccuag ccuccgcucu uggacgggga ucaagagagg ucaaacccaa aagagaucgc 180
    guggaugccu ugccuggggu ugaagcguua aacuuaauca ggauaguuuu uugguggcgu 240
30  gucuguccgc agcuggcaaa ugaauucaaa gacuagacua agcauguagu accgaggauu 300
    uagaaauuuc                                     310
  
```

<210> 99

35 <211> 241

<212> ADN

<213> *Pseudoalteromonas haloplanktis*

40

<400> 99

```

    gggagcgaaa cccaagggca gccgaggggc ggggccgaa aaagccgcaa aaaaaagcgc 60
    aaacgacgaa aacacgcagc agcaaaaccg cagagcccc cccagcccc cggacgggg 120
45  acaagagagg caaacccaaa agagacgcgg gagccgccg ggaagcgaa acaacaggaa 180
    ggggggcggc gccgcagcgg caaagaacaa agacagacaa gcagagaccg aggagagaaa 240
    c                                               241
  
```

50 <210> 100

<211> 313

<212> ARN

<213> *Pseudoalteromonas haloplanktis*

55

<400> 100

```

    ggaauucaag aagcccgagg ugcaugucga ggugcgguuu gccucguaaa aaagccgcaa 60
    uuuuaaguaa ucgcaaacga cgauaacuac ucucuagcag cuuaggcugg cuagcgcucc 120
60  uuccauguau ucuuguggac uggauuuugg agugucaccc uaacaccuga ucgcgacgga 180
    aaccucggcc gggguugaag cguuaaaacu aagcggccuc gccuuuaucu accguguuug 240
    uccgggauuu aaagguuaau uaaaugacaa uacuaaacau guaguaccga cggucgaggc 300
65  uuuucggacg ggg                                     313
  
```

<210> 101

## ES 2 345 243 T3

<211> 353

<212> ADN

<213> *Pseudomonas aeruginosa*

5

<400> 101

```

10      ggggccgatt aggattcgac gccggtaaca aaagttgagg ggcattgccga gttggtagca 60
      gaactcgtaa attcgctgct gcaaacttat agttgccaac gacgacaact acgctctagc 120
      tgcttaatgc ggctagcagt cgctagggga tgcctgtaaa cccgaaacga ctgtcagata 180
      gaacaggatc gccgccaagt tcgctgtaga cgtaacggct aaaactcata cagctcgctc 240
15      caagcacctt gccactcggg cggcgcgagg ttaactcagt agagctggct aagcatgtaa 300
      aaccgatagc ggaaagctgg cggacggggg ttcaaatccc cccggttcca cca          353
  
```

<210> 102

20

<211> 353

<212> ARN

<213> *Pseudomonas aeruginosa*

25

<400> 102

```

30      ggggccgauu aggauucgac gccgguaaca aaaguugagg ggcaugccga guugguagca 60
      gaacucguaa auucgcugcu gcaaacuauu aguugccaac gacgacaacu acgcucuagc 120
      ugcuaaauhc ggcuagcagu cgcuagggga ugccuguaaa cccgaaacga cugucagaua 180
      gaacaggauc gccgccaagu ucgcuguaga cguaacggcu aaaacucaua cagcucgcuc 240
      caagcacccu gccacucggg cggcgcgagg uuaacucagu agagcuggcu aagcauguaa 300
35      aaccgauagc ggaaagcugg cggacggggg uucaaauccc cccgguucca cca          353
  
```

<210> 103

40

<211> 363

<212> ADN

<213> *Salmonella typhimurium*

45

<400> 103

```

50      ggggctgatt ctggattcga cgggatttgc gaaacccaag gtgcatgccg aggggcggtt 60
      ggcctcgtaa aaagccgcaa aaaaatagtc gcaaacgacg aaacctacgc ttagcagct 120
      taataacctg cttagagccc tctctcccta gcctccgctc ttaggacggg gatcaagaga 180
      ggtcaaacc caaaagagatc gcgcggatgc cctgcctggg gttgaagcgt taaaacgaat 240
      caggctagtc tggtagtggc gtgtccgtcc gcaggtgcc aagcgaatgta aagactgact 300
  
```

55

```

60      aagcatgtag taccgaggat gtaggaattt cggacgcggg ttcaactccc gccagctcca 360
      cca          363
  
```

<210> 104

65

<211> 363

<212> ARN

<213> *Salmonella typhimurium*

## ES 2 345 243 T3

<400> 104

```

    ggggcugauu  cuggauucga  cgggauuugc  gaaacccaag  gugcaugccg  aggggcgguu  60
    ggccucguaa  aaagccgcaa  aaaaauaguc  gcaaacgacg  aaaccuacgc  uuuagcagcu  120
5   uaauaaccug  cuuagagccc  ucucucccua  gccuccgcuc  uuaggacggg  gaucaagaga  180
    ggucaaacc  aaaagagauc  gcgcggaugc  ccugccuggg  guugaagcgu  uaaaacgaau  240
    caggcuaguc  ugguaguggc  guguccgucc  gcaggugcca  ggcgaaugua  aagacugacu  300
10  aagcauguag  uaccgaggau  guaggaauuu  cggacgcggg  uucaacuccc  gccagcucca  360
    cca                                               363

```

<210> 105

<211> 355

15 <212> ADN

<213> *Shewanella putrefaciens*

20 <400> 105

```

    gggggcgatt  ctggattcga  caggattcac  gaaaccctgg  gagcatgccg  aggggcggtt  60
    ggccctcgtaa  aaagccgcaa  agttatagtt  gcaaacgacg  ataactacgc  tctagccgct  120
    taatgccgct  agccatctac  cacacgcttt  gcacatgggc  agtggatttg  atggatcatct  180
25  cacatcgtgc  tagcgaggga  accctgtctg  ggggtgaacc  gcgaaacagt  accggactca  240
    ccgtgtggga  tcctgtcttt  cggagttcaa  acggttaaac  aatagaaaga  ctaagcatgt  300
    agcgccttgg  atgtaggttt  tctggacgcg  ggttcaagtc  ccgccgcctc  cacca       355

```

30 <210> 106

<211> 355

<212> ARN

35 <213> *Shewanella putrefaciens*

<400> 106

```

    gggggcgauu  cuggauucga  caggauucac  gaaaccucgg  gagcaugccg  aggggcgguu  60
    ggccucguaa  aaagccgcaa  aguuauaguu  gcaaacgacg  auaacuacgc  ucuagccgcu  120
    uauagccgcu  agccaucua  cacacgcuuu  gcacaugggc  aguggauuug  auggucaucu  180
    cacaucgugc  uagcgaggga  acccugucug  ggggugaacc  gcgaaacagu  accggacuca  240
45  ccguguggga  uccugucuuu  cggaguucac  acgguuaaac  aaugaaaga  cuaagcaugu  300
    agcgcuuugg  auguagguuu  ucuggacgcg  gguucaaguc  ccgccgcuc  cacca       355

```

<210> 107

<211> 362

50 <212> ADN

<213> *Staphylococcus aureus*

55 <400> 107

```

    ggggacgttc  atggattcga  caggggtccc  ccgagctcat  taagcgtgtc  ggagggttgt  60
    cttcgtcatc  aacacacaca  gtttataata  actggcaaat  caacaataa  tttcgagta  120
    gctgcctaat  cgcactctgc  atcgctaac  agcatttctt  atgtgctgtt  aacgcgattc  180
60  aaccttaata  ggatatgcta  aacactgccg  tttgaagtct  gtttagaaga  aacttaatca  240
    aactagcatc  atggttggtg  tttatcactt  ttcgatgatc  gaaacctatc  gataaactac  300
    acacgtagaa  agatgtgtat  caggaccttt  ggacgcgggt  tcaaatcccg  ccgtctccac  360
65  ca                                               362

```

<210> 108

<211> 362

## ES 2 345 243 T3

<212> ARN  
 <213> *Staphylococcus aureus*

5 <400> 108  
 ggggacguuc auggauucga cagggguccc ccgagcucau uaagcguguc ggagggguugu 60  
 cuucgucauc aacacacaca guuuauaaua acuggcaaaau caaacaauaa uuucgcagua 120  
 10 gcugccuaau cgcacucugc aucgccuaac agcauuuccu augugcuguu aacgcgauuc 180  
 aaccuuaaua ggauaugcua aacacugccg uuugaagucu guuuagaaga aacuuauca 240  
 aacnagcauc auguugguug uuuaucacuu uucaugaugc gaaaccuauc gauaaacuac 300  
 acacguagaa agauguguau caggaccuuu ggacgcgggu ucaaaucccg ccgucuccac 360  
 15 ca 362

<210> 109  
 <211> 349

20 <212> ADN  
 <213> *Streptococcus gordonii*

<400> 109

25 ggggtcgtta cggattcgac aggcattatg aggcataatt tgcgactcat cttagcggatg 60  
 taaaacgccca gttaaataata actgcaaaaa ataatacttc ttacgcttta gctgcctaaa 120  
 aaccagcggg cgtgaccgga ttcggattgc ttgtgtctga tgacaggtct tattattagc 180  
 30 aagctacggt agaactctgt ctagtgattt tacaagagat tgatagaactc gcttgatttg 240  
 ggcttgagtt atgtgtcaaa atcaagttaa aacaatacat agcctatggt ttagacaaa 300  
 tgtgttgga gatgtttgga cgtgggttcg actcccaccg gctccacca 349

<210> 110  
 <211> 349

35 <212> ARN  
 <213> *Streptococcus gordonii*

40 <400> 110  
 ggggucguua cggauucgac aggcuuuau aggcuuuuu ugcgacucau cuagcggau 60  
 uaaaacgccca guuaauaaua acugcaaaaa auauacuuc uuacgcuuua gcugccuaaa 120  
 45 aaccagcggg cgugaccgga uucggauugc uugugucuga ugacaggucu uauuuuagc 180  
 aagcuacggu agaauucugu cuaguguuu uacaagagau ugauagacuc gcuuuuuug 240  
 ggcuugaguu augugucaaa aucaaguuaa aacaauacau agccuauugu uguagacaaa 300  
 50 uguguuggca gauguuuga cguggguucg acuccaccg gcuccacca 349

<210> 111  
 <211> 349

55 <212> ADN  
 <213> *Streptococcus mutans*

<400> 111

60 ggggtcgtta cggattcgac aggcattatg agacctattt tgcgactcat cttagcggatg 60  
 taaaacgccca gttaaataata actgcaaaaa atacaattc ttacgcagta gctgcctaaa 120  
 aaccagcctg tgtgatcaat aacaattgct ttgtgtttgt tgattggtct tattgttaac 180  
 aagctacggt agaactgagt caggctgttc taaaagagtt ctactgactc gcatcgttag 240  
 65 agtttgagtt atgtattgta acggtgttaa ataaacacat aacctatagt ttagacaaa 300  
 tgggttagca gatgtttgga cgtgggttcg actcccaccg gctccacca 349

## ES 2 345 243 T3

<210> 112

<211> 349

<212> ARN

5 <213> *Streptococcus mutans*

<400> 112

```

10      ggggucguua cggauucgac aggcuuuau agaccuuuu ugcgacucau cuagcggau 60
      uaaaacgccca guuaaaauua acugcaaaaa auacaaauuc uuacgcagua gcugccuaaa 120
      aaccagccug ugugaucaau acaaaauugc uuguguuugu ugauuggucu uauuguaaac 180
15      aagcuacguu agaacugagu caggcuguuc uaaaagaguu cuacugacuc gcaucguuag 240
      aguuugaguu auguauugua acgguguuua auaaacacau aaccuauagu uguagacaaa 300
      uggguuagca gauuuuugga cgugguuucg acuccaccg gcuccacca 349
  
```

20 <210> 113

<211> 348

<212> ADN

25 <213> *Streptococcus pneumoniae*

<400> 113

```

30      ggggtcgtta cggattcgac aggcattatg aggcataatt tgcgactcgt gtggcgacgt 60
      aaacgctcag ttaaataata ctgcaaaaaa taacacttct tacgctctag ctgcctaaaa 120
      accagcagge gtgacccgat ttggattgct cgtgttcaat gacaggctct attattagcg 180
      agatacgatt aagccttgtc tagcggtttg ataagagatt gatagactcg cagtttctag 240
35      acttgagtta tgtgtcgagg ggctgttaaa ataatacata acctatgggt gtagacaaat 300
      atgttggcag gtgtttggac gtgggttcga ctcccaccg ctccacca 348
  
```

40 <210> 114

<211> 348

<212> ARN

45 <213> *Streptococcus pneumoniae*

<400> 114

```

50      ggggucguua cggauucgac aggcuuuau aggcuuuuu ugcgacucgu guggcgacgu 60
      aaacgcucag uuaaaauuaa cugcaaaaaa uaacacuucu uacgcucuag cugccuaaaa 120
55      accagcagge gugacccgau uuggauugcu cguguucaau gacaggucuu auuauuagcg 180
      agauacgauu aagccuuguc uagcgguuug auaaagagauu gauagacucg caguuuucag 240
      acuugaguua ugugucgagg ggcuguuuaa auaaauacaua accuauuguu guagacaaa 300
      auguuggcag guguuuggac guggguucga cucccaccg succacca 348
  
```

60

<210> 115

<211> 348

65 <212> ADN

<213> *Streptococcus pyogenes*

## ES 2 345 243 T3

<400> 115

```

    ggggttggtta cggattcgac aggcattatg aggcattgtt tgcgtcccat cggcagatgt 60
    aaattgccag ttaaataataa ctgcaaaaaa tacaactct tacgctttag ctgcctaaaa 120
5   accagctagc gtgacttcta caagattgct tgtgtcctgt tagaagtctc aaaatagcaa 180
    gctacgggta cgaattgtc tagtttcgtg acaagagatt gatagactcg caaactaatg 240
    gcttgagtta tgtgtcttta gtttgtaaa tgaagacata acctatggac gtagacaaat 300
10  atggtggcag gtggttgac gtgggttcga ctcccaccag ctccacca 348

```

<210> 116

<211> 348

15 <212> ARN

<213> *Streptococcus pyogenes*

<400> 116

```

20  gggguuguaa cggauucgac aggcuuuauug aggcuuuuu ugcgucccau cggcagaugu 60
    aaaaugccag uaaaauuaa cugcaaaaaa uacaaacucu uacgcuuuag cugccuaaaa 120
    accagcuagc gugacuucua caagauugcu uguguccugu uagaagucuc aaaaauagcaa 180
25  gcuacgguaa cgaauuguc uaguuucgug acaagagauu gauagacucg caaacuaaug 240
    gcuugaguaa ugugucuuua guuuguuaaa ugaagacuaa accuauggac guagacaaau 300
    auguuggcag guguuuggac guggguucga cucccaccag cuccacca 348

```

30 <210> 117

<211> 394

<212> ADN

35 <213> *Synechococcus* sp. PCC6301

<400> 117

```

40  ggggctgtaa tggtttcgac gtggttggtga atccttcacc gtgattcagg cggagaggga 60
    gtccactctc gtaaatccag gctcaaccaa aagtaactgc gaacaacatc gttcctttcg 120
    ctcgtaaggc tgctcctgta gctgcttaa cgcacaaac tttctggctc gagcgtctag 180
    tcgtagactc cgtaatacgc cctagactta aacccccaac ggatgctcga gtggcggcct 240
    caggtccgtc ctctcgctaa gcaaaaacct gagcatcccg ccaacgggga taatcgttgg 300
45  ctccgcaca gtgggtcaac cgtgctaagc ctgtgaacga gcggaaagtt actagtcaat 360
    gcggacagcg gttcgattcc gctcagctcc acca 394

```

50 <210> 118

<211> 394

<212> ARN

<213> *Synechococcus* sp. PCC6301

55 <400> 118

```

60  ggggcuguaa ugguuucgac guguugguga auccuucacc gugauucagg cggagaggga 60
    guccacucuc guaaauccag gcucaaccaa aaguaacugc gaacaacauc guuccuuucg 120
    cucguaaggc ugcuccugua gcugcuuaaa cgcacaaaac uuucuggcuc gagcgucuag 180
    ucguagacuc cguuaauacg ccuagacuua aacccccaac ggaugcucga guggcggccu 240
    cagguccguc cucucgcuua gcaaaaaccu gagcaucccg ccaacgggga uaucguugg 300
65  cuccgcaca gugggucaac cgugcuuagc cugugaacga gcggaaaguu acuagucaau 360
    gcggacagcg guucgauucc gcucagcucc acca 394

```

## ES 2 345 243 T3

<210> 119

<211> 399

<212> ADN

5 <213> *Synechocystis* PCC6803

<400> 119

```

10      ggggccgcaa tggtttcgac aggttggcga aagcttgccc gtgatacagg tcgagagtga 60
      gtctcctctc gcaaatcaaa ggctcaaaaa aaagtaactg cgaataacat cgtcagcttc 120
      aaacgggtag ccatagcagc ctagtctgta aaagctacat tttcttgta aagaccgttt 180
      acttcttttc tgactccggt aaggattaga ggtaaacccc aacggatgct ttgtttggct 240
15      cttctctagt tagctaaaca atcaagactc agactagagc atcccaccat cagggataat 300
      cgatgggtccc cgtcctaggg ctagaaggac taaacctgtg aatgagcggg aagttaatac 360
      ccagtttggg cagcagttca attctgctcg gctccacca                               399
  
```

20 <210> 120

<211> 399

<212> ARN

25 <213> *Synechocystis* PCC6803

<400> 120

```

30      ggggccgcaa ugguuucgac agguuggcga aagcuugccc gugauacagg ucgagaguga 60
      gucuccucuc gcaaaucaaa ggcucaaaaa aaaguaacug cgaauaacau cgucagcuuc 120
      aaacggguag ccuagcagc cuagucugua aaagcuacau uuucuuguca aagaccguuu 180
      acuucuuuuc ugacuccguu aaggauuaga gguaaacccc aacggaugcu uuguuuggcu 240
35      cuucucuagu uagcuaaaca aucaagacuc agacuagagc aucccaccat cagggauauu 300
      cgaugguccc cguccuaggg cuagaaggac uaaaccugug aaugagcggg aaguuaauac 360
      ccaguuugga cagcaguuca auucugcucg gcuccacca                               399
  
```

40 <210> 121

<211> 356

<212> ADN

45 <213> *Thermotoga maritima*

<400> 121

```

50      gggggcgaac gggttcgacg gggatggagt cccctgggaa gcgagccgag gtccccacct 60
      cctcgtaaaa aaggtgggac aaagaataag tycacaacgaa cctgttgetg ttgccgetta 120
      atagataagc ggccgtcctc tccgaagtgt gctgggcttc ggaagagggc gtgagagatc 180
  
```

55

```

      cagcctaccg attcagcttc gccttcggc ctgaatcggg aaaactcagg aaggctgtgg 240
      gagaggacac cctgcccgtg ggaggtccct cccgagagcg aaaacacggg ctgcgctcgg 300
60      agaagcccag gggcctccat cttcggacgg gggttcgaat cccccgcct ccacca       356
  
```

<210> 122

<211> 356

65 <212> ARN

<213> *Thermotoga maritima*

## ES 2 345 243 T3

<400> 122  
 5 gggggcgaac ggguucgacg gggauaggagu cccucgggaa gcgagccgag guccccaccu 60  
 ccucguaaaa aaggugggac aaagaauaag ugccaacgaa ccuguugcug uugccgcuaa 120  
 auagauaagc ggccguccuc uccgaaguug gcugggcuuc ggaagagggc gugagagauc 180  
 cagccuaccg auucagcuuc gccuuccggc cugaaucggg aaaacucagg aaggcugugg 240  
 gagagacac ccugcccugug ggaggucccu cccgagagcg aaaacacggg cugcgcucgg 300  
 10 agaagcccag gggccuccau cuucggacgg ggguucgaau cccccgccu ccacca 356

<210> 123

<211> 349

15 <212> ADN

<213> *Thermus thermophilus*

<400> 123

20 ggggggtgaaa cggctctcgac gggggctgcc gagggcgtgg ctgcgcgccg aggtgcgggt 60  
 ggcctcgtaa aaaccgcaa cggcataact gccaacacca actacgctct cgcggcttaa 120  
 tgaccgcgac ctgcgccggg agccctgccg ggggctcacc ggaagcgggg acacaaacct 180  
 25 ggctagcccg gggccacgcc ctctaacccc gggcgaagct tgaagggggc tcgctcctgg 240  
 ccgcccgtcc gcgggccaag ccaggaggac acgcgaaacg cggactacgc gcgtagaggc 300  
 ccgccgtaga gaccttcgga cgggggttcg actccccca cctccacca 349

<210> 124

30 <211> 349

<212> ARN

<213> *Thermus thermophilus*

35 <400> 124

gggggugaaa cggucucgac gggggucgcc gagggcgugg cugcgcgccg aggugcgggu 60  
 ggccucguaa aaaccgcaa cggcauaacu gccaacacca acuacgcucu cgcggcuuaa 120  
 40 ugaccgcgac cucgcccggg agcccugccg ggggcucacc ggaagcgggg acacaaacct 180  
 ggcuagcccg gggccacgcc cucuaacccc gggcgaagcu ugaagggggc ugcuccugg 240  
 ccgcccgucc gcgggccaag ccaggaggac acgcgaaacg cggacuacgc gcguagaggc 300  
 45 ccgcccguaga gaccuucgga cggggguucg acuccccca ccuccacca 349

<210> 125

<211> 354

<212> ADN

50 <213> *Treponema pallidum*

<400> 125

55 ggggatgact aggtttcgac tagggatgtg ggggtgttgcg ctgcaggtgg agtgctgatc 60  
 tcctgattcg ggcctttat aactgccaat tctgacagtt tcgactacgc gctcgcgcgg 120  
 taatcgcggg cctgtgtttg cgctgctctg agcgaacata tcggcccgcg gccaaacgga 180  
 gcttgctctt acgttgtgca cggcggacgt agggggactt ttgtctgtgc taagactctg 240  
 60 gcgcgtgcgg tgcaggccta gcagagtccg acaaacgcag tacgcaccgc taaacctgta 300  
 ggcgcgcagc actcgtcttt taggacgggg gttcgattcc ccccatctcc acca 354

<210> 126

65 <211> 354

<212> ARN

<213> *Treponema pallidum*

## ES 2 345 243 T3

<400> 126

```

    ggggaugacu agguuucgac uagggaugug ggguguugcg cugcaggugg agugucgauc 60
    uccugauucg gcgccuuuau aacugccaau ucugacaguu ucgacuacgc gcucgcccgcg 120
5   uaaucgcggg ccuguguuug cgcugcucug agcgaacaua ucggccccgac gccaaacgga 180
    gcuugcucuu acguugugca cggcggacgu agggggacu uugucugugc uaagacucug 240
    gcgcgugcgg ugcaggccua gcagaguccg acaaacgcag uacgcaccgc uaaaccugua 300
10  ggcgcgcagc acucgcucuu uaggacgggg guucgauucc ccccaucc acca          354

```

<210> 127

<211> 367

15 <212> ADN

<213> *Vibrio cholerae*

<400> 127

```

20  ggggctgatt caggattcga cgggaatttt gcagtctgag gtgcatgccg aggtgcbgta 60
    ggcctcgtta acaaaccgca aaaaaatagt cgcaaacgac gaaaactacg cactagcagc 120
    ttaataacct gtcagagcc ctctctccct agcttccgct tgtaagacgg ggaaatcagg 180
25  aaggtcaaac caaatcaagc tggcgtgat tccccacct gagggatgaa gcgcgagatc 240
    taattcaggt tagccattcg ttagcgtgtc ggttcgcagg cggtggtgaa attaaagatc 300
    gactaagcat gtagtaccia agatgaatgg ttttcggacg ggggttcaac tccccccagc 360
    tccacca                                     367

```

30 <210> 128

<211> 367

<212> ARN

35 <213> *Vibrio cholerae*

<400> 128

```

40  ggggcugauu caggauucga cgggaauuuu gcagucugag gugcaugccg agguvcgguu 60
    ggcucuguaa acaaaccgca aaaaaauagu cgcaaacgac gaaaacuacg cacuagcagc 120
    uaaauacccu gcucagagcc cuuccuccu agcuuccgcu uguaagacgg ggaaaucagg 180
    aaggucaaac caaaucaagc uggcguggau uccccaccu gagggaugaa gcgcgagauc 240
45  uaaucaggu uagccaucg uuagcugugc gguucgcagg cgguguguaa auaaaagauc 300
    gacuaagcau guaguaccaa agaugaaugg uuuucggacg gggguucaac uccccccagc 360
    uccacca                                     367

```

<210> 129

50 <211> 364

<212> ADN

<213> *Yersinia pestis*

55 <400> 129

```

    ggggctgatt ctggattcga cgggattcgc gaaaccgaag gtgcatgccg aggtgcbggtg 60
    gcctcgtaaa aaaccgcaaa aaaaatagtt gcaaacgacg aaaactacgc actagcagct 120
60  taataacctg cttagagccc tctctgccta gcctccgctc ttaggacggg gatcaagaga 180
    ggtcaaacct aaaagagctc gtgtggaaac ctctgcctggg gtggaagcat taaaactaat 240
    caggatagtt tgtcagtagc gtgtccatcc gcagctggcc ggcgaatgta atgattggac 300
65  taagcatgta gtgccgacgg ttagtagtaatt tcggacgggg gttcaaatcc cccagctcc 360
    acca                                     364

```

<210> 130

## ES 2 345 243 T3

<211> 364  
 <212> ARN  
 <213> *Yersinia pestis*

5  
 <400> 130

```

    ggggcugauu  cuggauucga  cgggauucgc  gaaacccaag  gugcaugccg  aggugcggug  60
    gccucguaaa  aaaccgcaaa  aaaaauaguu  gcaaaccgacg  aaaacuacgc  acuagcagcu  120
10  uaauaaccug  cuuagagccc  ucucugccua  gccuccgcuc  uuaggacggg  gaucaagaga  180
    ggucaaaccu  aaaagagcuc  guguggaaac  cuugccuggg  guggaagcau  uaaaacuaau  240
    caggauaguu  ugucaguagc  guguccaucc  gcagcuggcc  ggcgaaugua  augauuggac  300
15  uaagcaugua  gugccgacgg  uguaguaauu  ucggacgggg  guucaaaucc  ccccagcucc  360
    acca                                             364
  
```

<210> 131  
 <211> 309  
 <212> ADN  
 <213> *Campylobacter fetus*

20  
 <400> 131

```

    aggagtaagt  ctgcttagat  ggcattgctgc  tttgggcaaa  gcgtaaaaag  cccaataaaa  60
    attaaacgca  aacaacgtta  aattcgctcc  tgcttacgct  aaagctgcgt  aagttcagtt  120
    gagcctgaaa  ttaagtcat  actatctagc  ttaattttcg  gtcattcttg  atagtgtagc  180
30  cttgcgtttg  acaagcgttg  aggtgaaata  aagtcttagc  cttgcttttg  agttttggaa  240
    gatgagcgaa  gtagggtgaa  gtagtcatct  ttgctaagca  tgtagaggtc  tttgtgggat  300
    tatttttgg                                             309
  
```

35 <210> 132  
 <211> 309  
 <212> ARN  
 <213> *Campylobacter fetus*

40  
 <400> 132

```

    aggaguaagu  cugcuuagau  ggcaugucgc  uuugggcaaa  gcguaaaaag  cccaaauaaa  60
    auuaaacgca  aacaacguua  auuucgcucc  ugcuuacgcu  aaagcugcgu  aaguucaguu  120
45  gagccugaaa  uuuuagucau  acuaucuagc  uuaauuuucg  gucaucuug  auaguguagc  180
    cuugcguuug  acaagcguug  aggugaaaua  aagucuuagc  cuugcuuuug  aguuuuggaa  240
    gaugagcgaa  guagggugaa  guagucaucu  uugcuaagca  uguagagguc  uuugugggau  300
50  uauuuuugg                                             309
  
```

<210> 133  
 <211> 309  
 <212> ADN  
 <213> *Campylobacter coli* (BM2509)

55  
 <400> 133

```

    aggagtaagt  ctgcttagat  ggcattgctgc  tttggacaaa  gcgtaaaaag  tccaaattaa  60
    aattaaacgc  aaataacgtt  aaatttgctc  ctgcttacgc  taaagctgcg  taagttcagt  120
    tgagcccgaa  actcaagtga  tgctatctag  cttgaatttt  ggtcatcttt  gatagtgtag  180
65  attgaaaatt  gacaactttt  aatcgaagtt  aaagtcttag  tctagcttga  aattttggaa  240
    ggtgagttta  gccagatgaa  gttttcacct  ttgctaaca  tgtagaagtc  tttgtggggt  300
    tatttttgg                                             309
  
```

## ES 2 345 243 T3

<210> 134

<211> 309

<212> ARN

5 <213> *Campylobacter coli* (BM2509)

<400> 134

```

10      aggaguaagu  cugcuuagau  ggcaugucgc  uuuggacaaa  gcguaaaaag  uccaaaauaa  60
      aaaaaaacgc  aaauaacguu  aaauuugcuc  cugcuuacgc  uaaagcugcg  uaaguucagu  120
      ugagccccgaa  acucaaguga  ugcuaucua  cuugaauuuu  ggucaucuuu  gauaguguag  180
      auugaaaauu  gacaacuuuu  aaucgaagu  aaagucuuag  ucuagcuuga  aauuuuggaa  240
15      ggugaguuuu  gccagaugaa  guuuucaccu  uugcuaaaca  uguagaaguc  uuuguggggg  300
      uauuuuugg                                     309
  
```

<210> 135

20 <211> 311

<212> ADN

<213> Desconocido

25 <220>

<223> Descripción de organismo desconocido: *Campylobacter* aislado de pollo

<400> 135

```

30      acaggagtaa  gtctgcttag  atggcatgtc  gctttgggca  aagcgtaaaa  agcccaaata  60
      aaattaaacg  caaacaacgt  taaattcgct  cctgcttacg  ctaaagctgc  gtaagttag  120
      ttgagcctga  aatttaagtc  atactatcta  gcttaatttt  cggtcatttt  tgatagtgta  180
35      gccttgcggt  tgacaagcgt  tgaggtgaaa  taaggcttta  gccttgcttt  tgagttttgg  240
      aagatgagcg  aagtagggg  aagtagtcat  ctttgctaag  catgtagagg  tctttgtggg  300
  
```

40

```

      attatttttg g                                     311
  
```

<210> 136

45 <211> 311

<212> ARN

<213> Desconocido

50 <220>

<223> Descripción de organismo desconocido: *Campylobacter* aislado de pollo

<400> 136

```

55      acaggaguaa  gucugcuuag  auggcauguc  gcuuugggca  aagcguaaaa  agcccaaaua  60
      aauuuuaacg  caaacaacgu  uaaauucgcu  ccugcuuacg  cuaaagcugc  guaaguucag  120
      uugagccuga  aauuuuaguc  auacuaucua  gcuuuuuuuu  cggucauuuu  ugauagugua  180
60      gccuugcguu  ugacaagcgu  ugaggugaaa  uaaggucuua  gccuugcuuu  ugauuuuugg  240
      aagaugagcg  aaguagggug  aaguagucuu  cuuugcuaag  cauguagagg  ucuuuguggg  300
      auuuuuuug  g                                     311
  
```

<210> 137

65 <211> 313

<212> ADN

## ES 2 345 243 T3

<213> *Clostridium perfringens*

<400> 137

```

5      acgggggtag gatggggttg ataagcgagt cgaggggaagc atggtgcctc gataataaag 60
      tatgcattaa agataaacgc acgagataat tttgcattag cagcttaagt tagcgctgct 120
      catccttctt caattgcca cggttgagag taaggggtgct atttaaaagt ggggaaccga 180
10     gcctagcaaa gctttgagct aggaacggaa tttatgaagc ttaccaaaga ggaagtttgt 240
      ctgtggacgt tctctgaggg aattttaaaa cacaagacta cactcgtaga aagtcttact 300
      ggtctgcttt cgg                                     313
  
```

<210> 138

15 <211> 313

<212> ARN

<213> *Clostridium perfringens*

20 <400> 138

```

      acggggguag gauggguuug auaagcgagu cgaggggaagc auggugccuc gauaauaaag 60
      uaugcauuua agauaaacgc acgagauaa uugcauuag cagcuuaagu uagcgugcu 120
25     cauccuuccu caauugcca cggugagag uaaggguguc auuuuuuuuu ggggaaccga 180
      gccuagcaaa gcuuugagcu aggaacggaa uuuuugaagc uuaccaaaga ggaaguuuugu 240
      cuguggacgu ucucugaggg aauuuuuuuu cacaagacua cacucguaga aagucuuacu 300
30     ggucugcuuu cgg                                     313
  
```

<210> 139

<211> 331

<212> ADN

35 <213> *Haemophilus ducreyi* (NCTC 10945)

<400> 139

```

40     acgggattag cgaagtccaa ggtgcacgct gaggtgctgt aggcctcgta acaaaccgca 60
      aaaaaatagt cgcaaacgac gaacaatacg ctttagcagc ttaataacct gcatttagcc 120
      ttcgcgccct agctttcgct cgtaagacgg ggagcacgcg gagtcaaacc aaaacgagat 180
      cgtgtggacg cttccgcttg tagatgaaac actaaattga atcaagctag tttatttctt 240
45     gcgtgtctgt ccgctggaga taagcgaaat taaagaccag actaaacgtg tagtactgaa 300
      gatagagtaa tttcggaccc gggttcgact c                                     331
  
```

<210> 140

50 <211> 331

<212> ARN

<213> *Haemophilus ducreyi* (NCTC 10945)

55 <400> 140

```

      acgggauuag cgaaguccaa ggugcacguc gaggugcggu aggccucgua acaaaccgca 60
      aaaaaauagu cgcaaacgac gaacaauacg cuuuagcagc uuaauaaccu gcuuuuagcc 120
60     uucgcgccc uagcuuucgcu cguuagacgg ggagcacgcg gagucaaacc aaaacgagau 180
      cguguggacg cuuccgcuug uagaugaaac acuaaaauuga aucaagcuag uuuuuuuuu 240
      gcgugucugu ccgucggaga uaagcgaaau uaaagaccag acuaaacgug uaguacugaa 300
      gauagaguua uuucggaccc gguuucgacu c                                     331
  
```

65 <210> 141

<211> 232

## ES 2 345 243 T3

<212> ADN

<213> *Listeria innocua* (aislado de alimento N°:1)

5 <400> 141

```

ggcaaagaaa aacaaaacct agctttcgct gcctaataac cagtagcata gctgatacctc 60
cgtgcatcgc ccatgtgcta cggtaagggt ctactctaa gtgggtaca ctagttaatc 120
10 tccgtctgag gttaaataga agagcttaat cagactagct gaatggaagc ctgttaccgg 180
gctgatgttt atgcgaaatg ctaatacggg gactacgctc gtagatattc aa 232

```

15 <210> 142

<211> 232

<212> ARN

<213> *Listeria innocua* (aislado de alimento N°:1)

20

<400> 142

```

ggcaaagaaa aacaaaaccu agcuuucgcu gccuaauaac caguagcaua gcugauccuc 60
25 cgugcaucgc ccaugugcua cgguaagggu cucacucuaa gugggcuaca cuaguuaauc 120
uccgucugag guuaauaga agagcuuaau cagacuagcu gaauggaagc cuguuaccgg 180
gcugauguuu augcgaaaug cuaauacggu gacuacgcuc guagauuuuc aa 232

```

30

<210> 143

<211> 232

<212> ADN

35

<213> *Listeria innocua* (aislado de alimento N°:2)

<400> 143

```

ggcaaagaaa aacaaaacct agctttcgct gcctaataag cagtagcata gctgatacctc 60
40 cgtgcatcgc ccatgtgcta cggtaagggt ctactctaa gtgggtaca ctagttaatc 120
tccgtctgag gttaaataga agagcttaat cagactagct gaatggaagc ctgttaccgg 180
45 gccgatgttt atgcgaaatg ctaatacggg gactacgctc gtagatattt aa 232

```

<210> 144

<211> 232

50

<212> ARN

<213> *Listeria innocua* (aislado de alimento N°:2)

<400> 144

55

```

ggcaaagaaa aacaaaaccu agcuuucgcu gccuaauaag caguagcaua gcugauccuc 60
cgugcaucgc ccaugugcua cgguaagggu cucacucuaa gugggcuaca cuaguuaauc 120
60 uccgucugag guuaauaga agagcuuaau cagacuagcu gaauggaagc cuguuaccgg 180
gccgauguuu augcgaaaug cuaauacggu gacuacgcuc guagauuuu aa 232

```

<210> 145

65

<211> 232

<212> ADN

## ES 2 345 243 T3

<213> *Listeria innocua* (aislado de alimento N°:3)

<400> 145

```

5      ggcaaagaaa aacaaaacct agctttcgct gcctaataag cagtagaata gctgacctc 60
      cgtgcatcgc ccatgtgcta cggtaagggt ctactctaa gtgggctaca ctagttaatc 120
      tccgtctgag gttaaataga agagcttaat cggactagct gaatggaagc ctgttaccgg 180
10     gccgatgttt atgcgaaatg ctaatacggg gactacgctc gtagatattt aa          232

```

<210> 146

<211> 232

15 <212> ARN

<213> *Listeria innocua* (aislado de alimento N°:3)

<400> 146

```

20     ggcaaagaaa aacaaaaccu agcuuucgcu gccuaauaag caguagaaua gcugauccuc 60
      cgugcaucgc ccaugugcua cgguaagggu cucacucuaa gugggcuaca cuaguuaaauc 120
      uccgucugag guuaaaauaga agagcuuaau cggacuagcu gaauggaagc cuguuaccgg 180
25     gccgauguuu augcgaaaug cuaauacggg gacuacgcuc guagauuuuu aa          232

```

<210> 147

<211> 232

30 <212> ADN

<213> *Listeria innocua* (ATCC 12210)

<400> 147

```

35     ggcaaagaaa aacaaaacct agctttcgct gcctaataag cagtagcata gctgacctc 60
      .
40     cgtgcatcgc ccatgtgcta cggtaagggt ctactctaa gtgggctaca ctagttaatc 120
      tccgtctggg gttaaataga agagcttaat cagactagct gaatggaagc ctgttactgg 180
      gccgatgttt atgcgaaatg ctaatacggg gactacgctc gtagatattt aa          232
45

```

<210> 148

<211> 232

50 <212> ARN

<213> *Listeria innocua* (ATCC 12210)

<400> 148

```

55     ggcaaagaaa aacaaaaccu agcuuucgcu gccuaauaag caguagcaua gcugauccuc 60
      cgugcaucgc ccaugugcua cgguaagggu cucacucuaa gugggcuaca cuaguuaaauc 120
      uccgucuggg guuaaaauaga agagcuuaau cagacuagcu gaauggaagc cuguuacugg 180
60     gccgauguuu augcgaaaug cuaauacggg gacuacgcuc guagauuuuu aa          232

```

<210> 149

<211> 322

65 <212> ADN

<213> *Listeria ivanovii* (NCTC 11846)

## ES 2 345 243 T3

<400> 149

```

    acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgтта ttaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
5   catagctgat cctccgtgca tcgcccatgt gctacggtaa gggctctact ttaagtgggc 180
    tacactaaat aatctccgtc tggggttagt tagaagagct taatcagact agctgaatgg 240
    aagcctgtta ccgggctgat gtttatgсga aatgctaata cggtgactac gctcgtagat 300
10  atttaagtgc cgatatttct gg                                     322

```

<210> 150

<211> 321

15 <212> ARN

<213> *Listeria ivanovii* (NCTC 11846)

<400> 150

```

20  acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cgggggggauc guccucguua uuaacgucaa 60
    agccaauaaу aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
    cauagcugau ccuccgugca ucgcccаугu gcuacgguaa gggucucacu uuaagugggc 180
25  uacacuaаau aaucuccguc ugggguuagu uаgaagagcu uаaucagacu agcugaаugg 240
    aagccuguaa ccgggcugau guuuаugcga aaugcuaаua cggugacucg cucguаgаua 300
    uuaаgugcc gauuuucug g                                     321

```

30

<210> 151

<211> 322

<212> ADN

35 <213> *Listeria seeligeri* (NCTC 11856)

<400> 151

```

40  acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgтта tcaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
    catagctgat cctccgtgca tcgcccatgt gctacggaaa gggctctact ttaagtgggc 180
    tacactaaat aatctccgtc tggggttagt tagaagagct taatcagact agctgaatgg 240
45  aagcctgtta ccgggctgat gtttatgсga aatactaata cggtgactac gctcgtagat 300
    atttaagtgc ccatatttct gg                                     322

```

50 <210> 152

<211> 322

<212> ARN

<213> *Listeria seeligeri* (NCTC 11856)

55

<400> 152

```

    acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cgggggggauc guccucguua ucaacgucaa 60
    agccaauaaу aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
60  cauagcugau ccuccgugca ucgcccаугu gcuacggaaa gggucucacu uuaаgugggc 180
    uacacuaаau aaucuccguc ugggguuagu uаgaagagcu uаaucagacu agcugaаugg 240
    aagccuguaa ccgggcugau guuuаugcga aauacuaаua cggugacuaс gcucguаgаu 300
65  auuaаgugc ccаuuuuсu gg                                     322

```

<210> 153

## ES 2 345 243 T3

<211> 314  
 <212> ADN  
 <213> *Salmonella enteritidis*  
 5  
 <400> 153  
 acgggatttg cgaaacccaa ggtgcatgcc gaggggcggt tggcctcgta aaaagccgca 60  
 aaaaaatagt cgaaacgac gaaacctacg ctttagcagc ttaataacct gcttagagcc 120  
 10 ctctctccct agcctccgct cttaggacgg ggatcaagag aggtcaaacc caaaagagat 180  
 cgcgtggatg ccctgcctgg ggttgaagcg ttaaaacgaa tcaggctagt ctggtagtgg 240  
 cgtgtccgtc cgcaggtgcc aggcgaatgt aaagactgac taagcatgta gtaccgagga 300  
 15 tgtaggaatt tcgg 314

<210> 154  
 <211> 314  
 20 <212> ARN  
 <213> *Salmonella enteritidis*  
 <400> 154  
 25 acgggauuug cgaaacccaa ggugcaugcc gaggggcggu uggccucgua aaaagccgca 60  
 aaaaaauagu cgaaacgac gaaaccuacg cuuuagcagc uuaauaacu gcuuagagcc 120  
 cucucuccu agccuccgcu cuuaggacgg ggaucaagag aggucaaacc caaaagagau 180  
 30 cgcguggaug ccugccugg gguugaagcg uaaaaacgaa ucaggcuagu cugguagugg 240  
 cguguccguc cgcaggugcc aggcgaauug aaagacugac uaagcaugua guaccgagga 300  
 uguaggaau ucgg 314

35 <210> 155  
 <211> 313  
 <212> ADN  
 <213> *Staphylococcus epidermidis* (NCTC 11047)  
 40  
 <400> 155  
 acaggggtcc cccgagctta ttaagcgtgt cggagggttg gctccgcat caacacattt 60  
 45 cggttaaata taactgacaa atcaaacaat aatttcgcag tagctgcgta atagccactg 120  
 catcgcctaa cagcatctcc tacgtgctgt taacgcgatt caaccctagt aggatatgct 180  
 aaacactgcc gcttgaagtc tgtttagatg aatatataatc aagctagtat catgttgggt 240  
 gtttattgct tagcatgatg cgaaaattat caataaacta cacacgtaga aagatttgta 300  
 50 tcaggacctc tgg 313

<210> 156  
 <211> 313  
 55 <212> ARN  
 <213> *Staphylococcus epidermidis* (NCTC 11047)  
 <400> 156  
 60 acaggggucc cccgagcuua uuaagcgugu cggagggguug gcuccgucan caacacauuu 60  
 cgguuaaaua uaacugacaa aucaaaacaau aauuucgag uagcugcgua auagccacug 120  
 caucgccuaa cagcaucucc uacgugcugu uaacgcgauu caaccuagu aggauaugcu 180  
 65 aaacacugcc gcuugaaguc uguuuagaug aaauuaaauc aagcuaguau cauguugguu 240  
 guuuauugcu uagcaugaug cgaaaauuau caauaaacua cacacguaga aagauuugua 300  
 ucaggaccuc ugg 313

## ES 2 345 243 T3

<210> 157

<211> 302

<212> ADN

5 <213> *Streptococcus agalactiae* (NCTC 8181)

<400> 157

```

10      acaggcatta tgaggtatat tttgcgactc atcggcagat gtaaaatgcc agttaaatat 60
      aactgcaaaa aatacaaat cttacgcatt agctgcctaa aaaacagcct gcgtgatcct 120
      cacaagattg tttgcgtttt gctagaaggt cttatattatc agcaaactac gtttggctac 180
15      tgtctagtta gttaaaaaga gatttataga ctcgctatgt gagggcttga gttatgtgtc 240
      atcacctagt taaatcaata cataacctat agttgtagac aaatatatta gcagatgttt 300
      gg                                                    302
  
```

20 <210> 158

<211> 302

<212> ARN

25 <213> *Streptococcus agalactiae* (NCTC 8181)

<400> 158

```

30      acaggcauua ugagguauau uuugcgacuc aucggcagau guaaaaugcc aguuaauau 60
      aacugcaaaa aauacaaauu cuuacgcuuu agcugccuaa aaaacagccu gcgugaucuu 120
      cacaagauug uuugcguuuu gcuagaaggu cuuauuuauc agcaaacuac guuuggcuac 180
      ugucuaguua guaaaaaaga gauuuauaga cucgcuaugu gagggcuuga guuauguguc 240
35      aucaccuagu uaaaucaaua cauaaccuau aguuguagac aaauauauua gcagauguuu 300
      gg                                                    302
  
```

40 <210> 159

<211> 168

<212> ADN

<213> *Bordetella bronchiseptica*

45 <400> 159

```

      ggggccgatc cggattcgac gtgggtcatg aaacagctca aggcattgcc agcaccagta 60
50      agctcgtaa tccactggaa cactacaaac gccaacgacg agcgtttcgc tctcgccgct 120
      taagcggatg gccgctgcac tgatctgtcc ttgggtcacg cgggggaa 168
  
```

55 <210> 160

<211> 168

<212> ARN

<213> *Bordetella bronchiseptica*

60 <400> 160

```

      ggggccgauc cggauucgac gugggucaug aaacagcuca aggcaugccg agcaccagua 60
65      agcucguuaa uccacuggaa cacuacaaac gccaacgacg agcguuucgc ucucgccgcu 120
      uaagcgguga gccgcugcac ugaucugucc uugggucacg cgggggaa 168
  
```

## ES 2 345 243 T3

<210> 161

<211> 426

<212> ADN

5 <213> *Chlamydia pneumoniae* (CWL029)

<400> 161

```

10      gggggtgtat aggtttcgac ttgaaaatga agtgtaatt gcatgaggag ggcgttggt 60
      ggcctcctaa aaagccaaca aaacaataaa tgccgaacct aaggctgaat gcgaaattat 120
      tagcttgttt gactcagtag aggaaagact agctgcttaa ttagcaaaag ttgttagcta 180
15      gataatctct aggtaaccg gtatctgcga gctccaccag aggcttgcaa aataccgtca 240
      tttatctggt tggaacttac tttctctaata tctcaaggaa gttcgttcga gatttttgag 300
      agtcattggc tgctatagag gcttctagct aaggagtc aatgtaaaca attctagaag 360
      ataagcatgt agaggtagc agggagttg tcaaggacga gagttcgagt ctctccacct 420
20      ccacca
                                           426
  
```

<210> 162

<211> 426

<212> ARN

<213> *Chlamydia pneumoniae* (CWL029)

30 <400> 162

```

      ggggguguuu agguuucgac uugaaaauga aguguaauu gcaugcggag ggcguuggcu 60
      ggccuccuaa aaagccaaca aaacaauaaa ugccgaaccu aaggcugaau gcgaaauuuu 120
35      uagcuuguuu gacucaguag aggaaagacu agcugcuuaa uuagcaaaag uuguuagcua 180
      gaaaaucucu agguaaccg guaucugcga gcuccaccag aggcuugcaa aauaccguca 240
      uuuauucuggu uggaaacuac uuucucuaau ucucaaggaa guucguucga gauuuuugag 300
40      agucauuggc ugcuaauagag gcuucuaagcu aaggagucc aauguaaaca auucuagaag 360

      auaagcaugu agagguuagc agggaguuuu ucaaggacga gaguucgagu cucuccaccu 420
45      ccacca
                                           426
  
```

<210> 163

50 <211> 421

<212> ADN

<213> *Francisella tularensis*

55 <400> 163

```

      gggggcgaat atggtttcga catgaatgtc aaaatctaag gtgcatgccg aggaagtacc 60
      gtaacctcgt taataacagt acaaatgccataaataactg gcaacaaaaa agcaaacccg 120
60      gtagcggcta acgacagcaa ctttgctgct gttgctaaag ctgcctagtc tagcttaata 180
      atctagatgc gcacggatat gatagtcttt cttatgacac tatctataca tccgttcata 240
      ttccgcataa gacggtcttt gctttttgtc tgggagtaa ggctgtattt aacagactcg 300
65      ctaactatta ccctggctaa ttggggaata gtcaagctaa actcaaatag attagcctaa 360
      gcatgtagat ccaaagatct agagtttgtg gacgcggggt caaatcccgc cgcctccacc 420
      a
                                           421
  
```

## ES 2 345 243 T3

<210> 164

<211> 421

<212> ARN

5 <213> *Francisella tularensis*

<400> 164

```

10      gggggcgaau  augguuucga  caugaauguc  aaaaucuaag  gugcaugccg  aggaaguacc  60
      guaaccucgu  uaauaacagu  acaaaugcca  auaauaacug  gcaacaaaaa  agcaaaccgc  120
      guagcggcua  acgacagcaa  cuuugcugcu  guugcuaaaag  cugccuaguc  uagcuuaaua  180
      aucuagaugc  gcacggauau  gauagucuuu  cuuauagacac  uaucuauaca  uccguucaua  240
15      uuccgcuaaa  gacggucuuu  gcuuuuuguc  ugggaguuua  ggcuquauuu  aacagacucg  300
      cuaacuauua  cccuggcuaa  uuggggaaua  gucaagcuaa  acucaaaauag  auuagccuaa  360
      gcauguagau  ccaaagaucu  agaguuuugug  gacgcggguu  caaaucccgc  cgccuccacc  420
20      a

```

<210> 165

<211> 330

25 <212> ADN

<213> *Guillardia theta* (plastidial)

<400> 165

```

30      ggggctgatt  tggattcgac  atataaatTT  gcgTgtttca  ttatgaagca  agtcaagttt  60
      aatgatcttg  taaaaaacat  taaagtacaa  ataaatgcaa  gcaatatagt  ttcatttagt  120
35      tcaaaacggt  tagtctcttt  tgcataagca  aaatgtgtta  ataactttct  tagtagaaat  180
      tggagaagtt  tactaagatt  tatatttact  ccataattat  tttaaagatg  gtaaaaaggt  240
      gattcatcat  ttgtatgttt  ctaaactttg  tgaaagaata  gtgggctcca  tttataatga  300
40      acgtgggttc  aaatcccacc  agctccacca

```

<210> 166

<211> 330

45 <212> ARN

<213> *Guillardia theta* (plastidial)

<400> 166

```

50      ggggcugauu  uggauucgac  auauaaaauu  gcguguuuca  uuauagaagca  agucaaguuu  60
      aaugaucuug  uaaaaaacau  uaaaguacaa  auaaaugcaa  gcaauuauagu  uucauuuagu  120
      ucaaaaacguu  uagucucuuu  ugcauaagca  aauguguuu  auaacuuucu  uaguagaaau  180
55      uggagaaguu  uacuaagauu  uauauuuacu  ccuaauuuau  uuuaaagaug  guaaaaaggu  240
      gauucaucau  uuguauuuu  cuaaacuuug  ugaaagaaua  gugggcucca  uuuuauauga  300
      acguggguuc  aaaucccacc  agcuccacca  330

```

60

<210> 167

<211> 348

<212> ADN

65 <213> *Thalassiosira Weissflogii* (plastidial)

## ES 2 345 243 T3

<400> 167

```
5      ggggctgatt tggtttcgac atttaaaact tctttctatg tgtcaggta aagtttgtat 60
      tctttgtaaa aaaatactaa aatactaata aatgctaata atataatacc gtttattttt 120
      aaagcagtaa aaacaaaaaa agaagcaatg gctttaaatt ttgctgtata gttcattaac 180
      ttaggttatt aaatattttt tcattataac tggacttttc tctagtttat agtttagaat 240
10     aaattttaat ttgcaaaac tcgttcgaaa attttcgggc taaacctgta aacgcaaata 300
      ctaagaaatt ttagatggac atgggttcaa ttcccatcag ttccacca 348
```

<210> 168

15 <211> 348

<212> ARN

<213> *Thalassiosira Weissflogii* (plastidial)

20 <400> 168

```
25     ggggcugauu ugguuucgac auuuaaaacu ucuuuuauug ugucagguca aaguuuguau 60
      ucuuuuguaaa aaaauacuaa aauacuaaau aaugcuaaau auauaaauacc guuuuuuuuu 120
      aaagcaguaa aaacaaaaaa agaagcaauug gcuuuuuuuu uugcuguaua guucauuuac 180
      uuagguuuuu aaauuuuuuu ucauuuuuac uggacuuuuu ucuaguuuuu aguuuagaau 240
      aaauuuuuuu uuugcaaaac ucguucgaaa auuuucgggc uaaaccugua aacgcaaua 300
30     cuaagaaaau uuagauggac auggguucaa uucccaucag uuccacca 348
```

<210> 169

35 <211> 19

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

40 <220>

<223> Descripción de Secuencia Artificial: sonda específica de ARNtm de *V. cholerae*

<400> 169

45 aacgaatgac taacctgaa 19

<210> 170

50 <211> 17

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

55 <220>

<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador 5' universal de amplificación *in vitro* ssrA/ARNtm

<400> 170

60 gggmytacgg wttcgac 17

<210> 171

65 <211> 18

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

## ES 2 345 243 T3

	<220>		
	<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador 3' universal de amplificación <i>in vitro</i> ssrA/ARNtm		
5	<400> 171		
	gggartcgaa ccrsgtcc		18
10	<210> 172		
	<211> 18		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia Artificial		
15	<220>		
	<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador 5' de amplificación PCR específico del género <i>Listeria</i>		
20	<400> 172		
	aaagccaata ataactgg		18
25	<210> 173		
	<211> 18		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia Artificial		
30	<220>		
	<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador 3' de amplificación específico del género <i>Listeria</i>		
35	<400> 173		
	ccagaaatat cggcactt		18
40	<210> 174		
	<211> 18		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia Artificial		
45	<220>		
	<223> Descripción de Secuencia Artificial: sonda de hibridación específica del género <i>Listeria</i>		
50	<400> 174		
	gtgagaccct taccgtag		18
55	<210> 175		
	<211> 18		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia Artificial		
60	<220>		
	<223> Descripción de Secuencia Artificial: sonda de hibridación específica para la especie <i>Listeria monocytogenes</i>		
65	<400> 175		
	tctatttaac cccagacg		18

## ES 2 345 243 T3

<210> 176  
 <211> 348  
 <212> ADN  
 5 <213> *Helicobacter pylori*  
 <400> 176

```

10      tggggatggt acggtttcga caggggtagt tcgagcttag gtggcgagtc gaggggatcg 60
        gcctcgtaa aacgtcaaag cctataactg gcaaacaaca aaacaacttc gctttagcag 120
        cttaataagc tcttagcggg tcttccctcc atcgcccatg tggtagggta agggactcaa 180
15      attaagtggg ctacgctgga ttccaccgtc tgaggatgaa agaagagaac aaccagacta 240
        gctaccggga cgcccgtcga taggcagatg gagtagcgaa tcgcgaatat atcgactaca 300
        ctcgtagaag cttaagtgcc gatattcttg gacgtggggt cgactccc          348
  
```

20 <210> 177  
 <211> 348  
 <212> ARN  
 25 <213> *Helicobacter pylori*  
 <400> 177

```

30      uggggauguu acgguuucga cagggguagu ucgagcuuag guggcgaguc gaggggaucg 60
        gccucguuaa aacgucaaag ccuaauaacug gcaaacaaca aaacaacuuc gcuuuagcag 120
        cuuaauaagc ucuuagcggg uccucccucc aucgcccAug ugguaagggua agggacucua 180
        auuaaguggg cuacgcugga uuccaccguc ugaggaugaa agaagagaac aaccagacua 240
35      gcuaccggga cgcccgtcga uaggcagaug gaguagcgaa ucgcgauaua aucgacuaca 300
        cucguagaag cuuaagugcc gauuuucuug gacguggguu cgacucucc          348
  
```

40 <210> 178  
 <211> 344  
 <212> ADN  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 45 <400> 178

```

50      tggggacggt acggtttcga cagggatagt tcgagcttag gttgagagtc gaggggatcg 60
        gcctcgtaa aacgtcaaag cctataattg gcaaacaaca caatctttct ttagctgctt 120
        aattgacta aaggttcctc cctccatcgt ccatgtggta gggtaagggg ctcaaactaa 180
        gtggactacg ccggagttcg ccgtctgagg acaaaggaag agaacaacca gactagcaac 240
55      ttggaagcct gtcgataggc cgaagagttc gcgaaatgct aatatacga ctacactcgt 300
        agaagcttaa gtgccgatat ttttgacgtt gggttcgatt ccct          344
  
```

60 <210> 179  
 <211> 344  
 <212> ARN  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 65

## ES 2 345 243 T3

<400> 179

```

    uggggacguu acgguuucga cagggauagu ucgagcuuag guugcgaguc gaggggaucg 60
    gccucguuaa aacgucaaag ccuauaaauug gcaaacaaaa caaucuuucu uuagcugcuu 120
5   aauugcacua aagguuccuc ccuccaucgu ccauguggua ggguaagggg cucaaacuaa 180
    guggacuacg ccggaguucg ccgucugagg acaaaggaag agaacaacca gacuagcaac 240
    uuggaagccu gucgauaggc cgaagaguuc gcgaaaugcu aaauaucga cuacacucgu 300
10  agaagcuuaa gugccgauau uuuuggacgu gguuucgauu cccu                               344

```

<210> 180

<211> 322

15 <212> ADN

<213> *Listeria seeligeri* (NCTC 11856)

<400> 180

```

20  acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgta tcaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
    catagctgat cctccgtgca tcgcccattg gctacggaaa gggctcact ttaagtggc 180
25  taaactaaat aatctccgtc tggggttagt tagaagagct taatcagact agctgaatgg 240
    aagcctgtta ccgggctgat gtttatgcga aataactaata cggtgactac gctcgtagat 300
    atttaagtgc ccatatttct gg                               322

```

<210> 181

30 <211> 322

<212> ARN

<213> *Listeria seeligeri* (NCTC 11856)

35 <400> 181

```

    acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cggggggauc guccucguua ucaacgucaa 60
    agccaauaa uacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120
40  cauagcugau ccuccgugca ucgcccangu gcuacggaaa gggucucacu uuaagugggc 180
    uacacuaaa uaucuccguc ugggguuagu uagaagagcu uaucagacu agcugaaugg 240
    aagccuguua ccgggcugau guuuauugcga aaauacuaaa cggugacuac gcucguagau 300
45  auuaagugc ccuuuuucu gg                               322

```

<210> 182

<211> 322

<212> ADN

50 <213> *Listeria ivanovii* (NCTC 11846)

<400> 182

```

55  acagggatag ttcgagcttg agttgcgagt cggggggatc gtcctcgta ttaacgtcaa 60
    agccaataat aactggcaaa gaaaaacaaa acctagcttt cgctgcctaa taagcagtag 120
    catagctgat cctccgtgca tcgcccattg gctacggtaa gggctcact ttaagtggc 180
    taaactaaat aatctccgtc tggggttagt tagaagagct taatcagact agctgaatgg 240
60  aagcctgtta ccgggctgat gtttatgcga aatgctaata cggtgactac gctcgtagat 300
    atttaagtgc cgatatttct gg                               322

```

<210> 183

65 <211> 321

<212> ARN

<213> *Listeria ivanovii* (NCTC 11846)

## ES 2 345 243 T3

<400> 183

acagggauag uucgagcuug aguugcgagu cggggggauc guccucguua uaaacgucaa 60  
 5 agccaauaa aacuggcaaa gaaaaacaaa accuagcuuu cgcugccuaa uaagcaguag 120  
 cauagcugau ccuccgugca ucgcccaugu gcuacgguaa gggucucacu uaaagugggc 180  
 uacacuaaa aaucuccguc ugggguuagu uagaagagcu uaucagacu agcugaaugg 240  
 aagccuguua cggggcugau guuuauugcga aaugcuaaau cggugacucg cucguagaua 300  
 10 uuaagugcc gauauuucug g 321

<210> 184  
 <211> 319  
 <212> ADN  
 15 <213> *Mycobacterium africanum*

<400> 184

20 acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cgggtcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60  
 gttgcgacca aataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120  
 cggctagtct gtcagaccgg gaacgccctc ggcccggacc ctggcatcag ctagagggat 180  
 25 ccaccgatga gtcgggtcgc gggactcctc gggacaacca cagcgactgg gatcgtcatc 240  
 tcggctagtt cgcgtgaccg ggagatccga gcagaggcat agcgaactgc gcacggagaa 300  
 gccttgaggg aatgccgta 319

<210> 185  
 30 <211> 319  
 <212> ARN  
 <213> *Mycobacterium africanum*

35 <400> 185

acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcgcuc 60  
 guugcgacca aaauagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120  
 40 cggcuagucu gucagaccgg gaacgccuc ggcccggacc cuggcaucag cuagagggau 180  
 ccaccgauga guccggucgc gggacuccuc gggacaacca cagcgacugg gaucgucauc 240  
 ucggcuaguu cgcgugaccg ggagauccga gcagaggcau agcgaacugc gcacggagaa 300  
 45 gccuugaggg aaugccgua 319

<210> 186  
 <211> 319  
 <212> ADN  
 50 <213> *Mycobacterium gordonae*

<400> 186

55 acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cgggtcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60  
 gttgcaacca tataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120  
 cggctagtct gtcggaccgg gaacgccctc gcccggacc ccggcatcag ctagagggat 180  
 caaccgatga gttcgggtcgc gggactcatc gggacaccaa cagcgactgg gatcgtcatc 240  
 60 ctggctagtc cgtgtgacca ggagatccga gcagagacat agcggactgc gcacggagaa 300  
 gccttgaggg aatgccgta 319

<210> 187  
 65 <211> 319  
 <212> ARN  
 <213> *Mycobacterium gordonae*

## ES 2 345 243 T3

<400> 187

```

acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcguc 60
guugcaacca uauaagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120
5  cggcuagucu gucggaccgg gaacgcccuc gccccggacc ccggcaucag cuagagggau 180
caaccgauga guucggucgc gggacucauc gggacaccaa cagcgacugg gaucgucauc 240
cuggcuaguc cgugugacca ggagaucgca gcagagacau agcggacugc gcacggagaa 300
10 gccuugaggg aaugccgua 319

```

<210> 188

<211> 319

15 <212> ADN

<213> *Mycobacterium kansasii*

<400> 188

```

20 acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
gttgcaacca aataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgtc gcctaagcga 120
cggctagtct gtcagaccgg gaccgcccctc gaccgggact ctggcatcag ctagagggat 180
25 caaccgatga gttcggtcgc gggactcgtc gggacaccaa cagcgactgg gatcgtcatc 240
ctggctagtt cgcgtgacca ggagatccga gcagaggcat agcgaactgc gcacggagaa 300
30
gccttgaggg aatgccgta 319

```

35 <210> 189

<211> 319

<212> ARN

<213> *Mycobacterium kansasii*

40

<400> 189

```

acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcguc 60
45 guugcaacca aauaagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120
cggcuagucu gucagaccgg gaccgcccuc gaccgggacu cuggcaucag cuagagggau 180
caaccgauga guucggucgc gggacucguc gggacaccaa cagcgacugg gaucgucauc 240
cuggcuaguu cgcgugacca ggagaucgca gcagaggcau agcgaacugc gcacggagaa 300
50 gccuugaggg aaugccgua 319

```

<210> 190

<211> 320

55 <212> ADN

<213> *Mycobacterium chelonae*

<400> 190

```

60 acagcgagtc tcgacttaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
attgcaacca attaagcgcc gattctcatc agcgcgacta cgcactcgtc gcctaagcga 120
ctgctgtct gtcagaccgg gagcgcctc agcccggacc ctggcatcag ctagagggac 180
65 aaactacggg ttcggtcgcg ggaccgtag ggacatcaaa cagcgactgg gatcgtcatc 240
tcggcttggt cgcgggaccg agagatccaa gtagaggcat agcgaactgc gcacggagaa 300
gccttaatga acggccgttg 320

```



## ES 2 345 243 T3

<400> 194

```

    acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
    gttgcaacca tataagcgcc gtttcaacac agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120
5   cagctagtcc gtcagaccgg gaacgccctc gaccgggagc ctggcgctcag ctggagggat 180
    ccaccggtga gtccggtcgc gggactcatc gggacataca cagcgactgg gatcgtcatc 240
    ctggctgggt cgcgtgaccg ggagatccga gcagaggcat agcgaactgc gcacggagaa 300
10  gccttgaggg aatgccgtag                                     320

```

<210> 195

<211> 320

<212> ARN

15 <213> *Mycobacterium malmoense*

<400> 195

```

20  acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcguc 60
    guugcaacca uauaagcgcc guuuaaacac agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120
    cagcuagucc gucagaccgg gaacgccccuc gaccgggagc cuggcgucag cuggagggau 180
25  ccaccgguga guccggucgc gggacucauc gggacauaca cagcgacugg gaucgucauc 240
    cuggcugguu cgcgugaccg ggagauccga gcagaggcau agcgaacugc gcacggagaa 300
    gccuugaggg aaugccguag                                     320

```

<210> 196

30 <211> 321

<212> ADN

<213> *Mycobacterium flavescens*

35 <400> 196

```

    acttcgagcg tcgaatcaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
    gttgcaacca attaagcgcc gattccaatc agcgcgacta cgcaactcgct gcctaagcga 120
40  ctgcgtgtct gtcagcccgg gagagccctc gaccgggtgt ctggcatcag ctagagggat 180
    aaaccggtgg gtccggtcgc gggactcatc gggacatcaa acagcgactg ggatcgtcat 240
    cctgacttgt tcgctgatc aggagatccg agtagagaca tagcgaactg cgcacggaga 300
45  agccttgagg gaacgccgta g                                     321

```

<210> 197

<211> 321

<212> ARN

50 <213> *Mycobacterium flavescens*

<400> 197

```

55  acuucgagcg ucgaaucaag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcguc 60
    guugcaacca auuaagcgcc gauuccaauc agcgcgacua cgcacucgcu gccuaagcga 120
    cugcgugucu gucagcccgg gagagcccuc gaccgggugu cuggcaucag cuagagggau 180
    aaaccggugg guccggucgc gggacucauc gggacaucaa acagcgacug ggaucgucau 240
60  ccugacuugu ucgcgugauc aggagauccg aguagagaca uagcgaacug cgcacggaga 300
    agccuugagg gaacgccgua g                                     321

```

<210> 198

65 <211> 320

<212> ADN

<213> *Mycobacterium marinum*

## ES 2 345 243 T3

<400> 198

```

acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
gatgcaacta gataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120
5 cggctagtct gtcggaccgg gaacgccctc gccccggacc ccggcatcag ctagagggat 180
caaccgatga gttcggtcgc ggggctcctc gggacatcaa cagcgactgg gatcgtcatc 240
ctggctagtt cgcgtgacca ggagatccga gcagagacct agcggactgc gcacggagaa 300
10 gccttgaggg aatgccgtag                                     320

```

<210> 199

<211> 320

<212> ARN

15 <213> *Mycobacterium marinum*

<400> 199

```

acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cguaagcgtc 60
gaugcaacua gauaagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120
cggcuagucu gucggaccgg gaacgcccuc gccccggacc ccggcaucag cuagagggau 180
caaccgauga guucggucgc ggggcucauc gggacaucaa cagcgacugg gaucgucauc 240
25 cuggcuaguu cgcgugacca ggagauccga gcagagaccu agcggacugc gcacggagaa 300
gccuugaggg aaugccguag                                     320

```

<210> 200

30 <211> 319

<212> ADN

<213> *Mycobacterium microti*

35 <400> 200

```

acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
gttgcgacca aataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120
40 cggctagtct gtcagaccgg gaacgccctc gccccggacc ctggcatcag ctagagggat 180
ccaccgatga gtccggtcgc gggactcctc gggacagcca cagcgactgg gatcgtcatc 240
tcggctagtt cgcgtgaccg ggagatccga gcagaggcat agcgaactgc gcacggagaa 300
45 gccttgaggg aatgccgta                                     319

```

<210> 201

<211> 319

<212> ARN

50 <213> *Mycobacterium microti*

<400> 201

```

acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cguaagcgtc 60
guugcgacca aaauagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120
cggcuagucu gucagaccgg gaacgcccuc gccccggacc cuggcaucag cuagagggau 180
ccaccgauga guccggucgc gggacuccuc gggacagcca cagcgacugg gaucgucauc 240
60 ucggcuaguu cgcgugaccg ggagauccga gcagaggcau agcgaacugc gcacggagaa 300
gccuugaggg aaugccgua                                     319

```

<210> 202

65 <211> 321

<212> ADN

<213> *Mycobacterium smegmatis*

## ES 2 345 243 T3

<400> 202

```

acttcgagca tcgaatccag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
gttgcaacca attaagcgcc gattccaatc agcgcgacta cgccctcgtc gcctaagcga 120
5  cggctggtct gtcagaccgg gagtgccctc ggcccggatc ctggcatcag ctagagggac 180
ccaccacgg gttcggtcgc gggacctgtg gggacatcaa acagcgactg ggatcgatc 240
ctcggcttgt tcgtgtgacc gggagatccg agtagagaca tagcgaactg cgcacggaga 300
10  agcctcgagg acatgccgta g                                     321

```

<210> 203

<211> 321

15 <212> ARN

<213> *Mycobacterium smegmatis*

<400> 203

```

20  acuucgagca ucgaauccag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcgtc 60
guugcaacca auuaagcgcc gauuccaauc agcgcgacua cgcccucgcu gccuaagcga 120

25  cggcuggucu gucagaccgg gagugcccuc ggcccggauc cuggcaucag cuagagggac 180
ccaccacgg guucggucgc gggaccugug gggacaucaa acagcgacug ggauccguc 240
cucggcuugu ucgugugacc gggagauccg aguagagaca uagcgaacug cgcacggaga 300
30  agccucgagg acaugccgua g                                     321

```

<210> 204

<211> 320

35 <212> ADN

<213> *Mycobacterium xenopi*

<400> 204

```

40  acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cggcgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60
gttgcaacta aataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgtc gcctaagcga 120
cagctagtcc gtcaggccgg gagttccctc gaccggatc ctggcgtcag ctagagggat 180
45  ccaccgatgg gttcggtcgc gggaccatc gggacaccac acagcgactg ggatcgccgt 240
cccggctagt tcgcgagacc gggagatccg agtaagggca aagcgaactg cgcacggaga 300
agccttgagg gtatgccgta                                     320

```

50 <210> 205

<211> 320

<212> ARN

<213> *Mycobacterium xenopi*

55

<400> 205

```

60  acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgugc cggugcaggc aagagaccac cguaagcgtc 60
guugcaacua aauaagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120
cagcuagucc gucaggccgg gaguucccuc gaccggauc cuggcgucag cuagagggau 180
ccaccgaugg guucggucgc gggaccacuc gggacaccac acagcgacug ggauccgcu 240
cccggcuagu ucgcgagacc gggagauccg aguaagggca aagcgaacug cgcacggaga 300
65  agccuugagg guaugccgua                                     320

```

<210> 206

## ES 2 345 243 T3

<211> 320  
 <212> AND  
 <213> *Mycobacterium intracellulare*  
 5  
 <400> 206  
 acttcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cgggtgcaggc aaccgaccac cgtaagcgtc 60  
 gttgcaaaca gataagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120  
 10 cagctagtcc gtcagaccgg gaacgccctc gaccocggagc ctggcgctcag ctagagggat 180  
 ccaccgatga gtccggtcgc gggacttata gggacaccaa cagcgactgg gatcgtcadc 240  
 tcggcttggt cgcgtgaccg ggagatccga gtagaggcat agcgaactgc gcacggagaa 300  
 15 gtcttgaggg aatgccgtag 320  
 <210> 207  
 <211> 320  
 <212> ARN  
 20 <213> *Mycobacterium intracellulare*  
 <400> 207  
 25 acuucgcgca ucgaaucaag ggaagcgtgc cggugcaggc aaccgaccac cguaagcgtc 60  
 guugcaaaca gauaagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120  
 cagcuagucc gucagaccgg gaacgccctc gaccocggagc cuggcgucag cuagagggau 180  
 ccaccgauga guccggucgc gggacuuauc gggacaccaa cagcgacugg gaucgucauc 240  
 30 ucggcuuguu cgcgugaccg ggagauccga guagaggcau agcgaacugc gcacggagaa 300  
 gucuugaggg aaugccguag 320  
 <210> 208  
 35 <211> 320  
 <212> ADN  
 <213> *Mycobacterium scrofulaceum*  
 40 <400> 208  
 acatcgcgca tcgaatcaag ggaagcgtgc cgggtgcaggc aagagaccac cgtaagcgtc 60  
 gttgcaacca attaagcgcc gattcacatc agcgcgacta cgctctcgct gcctaagcga 120  
 45 cagctagtcc gtcagaccgg gaaagccctc gaccocggagc ctggcgctcag ctagagggat 180  
 caaccgatga gttcggtcgc gggactcadc gggacaccaa cagcgactgg gatcgtcadc 240  
 ctggctagt cgcgtgacca ggagatccga gcagaggcat agcggactgc gcacggagaa 300  
 50 gtcttgaggg aatgccggtg 320  
 <210> 209  
 <211> 320  
 <212> ARN  
 55 <213> *Mycobacterium scrofulaceum*  
 <400> 209  
 60 acaucgcgca ucgaaucaag ggaagcgtgc cggugcaggc aagagaccac cguaagcgtc 60  
 guugcaacca auuaagcgcc gauucacauc agcgcgacua cgcucucgcu gccuaagcga 120  
 cagcuagucc gucagaccgg gaaagccctc gaccocggagc cuggcgucag cuagagggau 180  
 caaccgauga guucggucgc gggacucauc gggacaccaa cagcgacugg gaucgucauc 240  
 65 cuggcuaguc cgcgugacca ggagauccga gcagaggcau agcggacugc gcacggagaa 300  
 gucuugaggg aaugccguug 320

## ES 2 345 243 T3

<210> 210

<211> 326

<212> ADN

5 <213> *Nocardia asteroides*

<400> 210

```

10      actgtgtgcg ccgaggtagg ggaagcgtgt cgggtgcaggc tggagaccac cgtaagcgt 60
      cgcggcaacc aattaagcgc cgattccaat cagcgcgact acgccctcgc tgctgatca 120
      gcgacggcta gctgtcggcc cgggttgtgt tcccgaacc ggatgcggc atcatctcag 180
      ggaactcacc gtgttcgcc gtcgcggac gacacgggac agcaaacagc gactgggatc 240
15      gtcctctcgg cttgttcgcg tgaccgggag atccaagtag agacatagcg gactgcacac 300
      ggagaagccc tactgactcg acacag                                     326
  
```

<210> 211

<211> 325

<212> ARN

<213> *Nocardia asteroides*

<400> 211

```

25      acugugugcg ccgagguagg ggaagcugug cggugcaggc uggagaccac cguaaagcgu 60
      cgcggcaacc aauuaagcgc cgauuccaau cagcgcgacu acgccucgc ugccugauca 120
      gcgacggcua gcugucggcc cggguugugu ucccgaacc ggaugccggc aucaucucag 180
30      ggaacucacc guguucgcc gucgcggac gacacgggac agcaaacagc gacugggauc 240
      gucaucucgg cuuguucgcg ugaccgggag auccaaguag agacauagcg gcugcacacg 300
      gagaagcccu acugacucga cacag                                     325
  
```

<210> 212

<211> 314

<212> ADN

<213> *Salmonella enteritidis*

<400> 212

```

45      acgggatttg cgaaacccaa ggtgcatgcc gaggggcggt tggcctcgt aaaaagccgca 60
      aaaaaatagt cgaaacgac gaaacctacg ctttagcagc ttaataacct gcttagagcc 120
      ctctctccct agcctccgct cttaggacgg ggatcaagag aggtcaaacc caaaagagat 180
      cgcgtggatg cctgcctgg ggttgaagcg ttaaaacgaa tcaggctagt ctggtagtgg 240
      cgtgtccgtc cgcaggtgcc aggcgaatgt aaagactgac taagcatgta gtaccgagga 300
50      tgtaggaatt tcgg                                     314
  
```

<210> 213

<211> 314

<212> ARN

<213> *Salmonella enteritidis*

<400> 213

```

60      acgggauuug cgaaacccaa ggugcaugcc gaggggcggu uggccucgua aaaagccgca 60
      aaaaauagu cgaaacgac gaaaccuacg cuuuagcagc uuaauaaccu gcuuagagcc 120
      cucucucccu agccuccgcu cuuaggacgg ggaucaagag aggucaaacc caaaagagau 180
      cgcguggaug ccucgucgug gguugaagcg uaaaaacgaa ucaggcuagu cugguagugg 240
65      cguguccguc cgcaggtgcc aggcgaaugu aaagacugac uaagcaugua guaccgagga 300
      uguaggaauu ucgg                                     314
  
```

## ES 2 345 243 T3

<210> 214  
 <211> 313  
 <212> ADN  
 5 <213> *Staphylococcus epidermidis* (NCTC 11047)  
 <400> 214  
 10       acaggggtcc cccgagctta ttaagcgtgt cggaggggtg gctccgcat caacacattt 60  
           cggttaaata taactgacaa atcaaacaaat aatttcgcag tagctgcgta atagccactg 120  
           catcgcctaa cagcatctcc tacgtgctgt taacgcgatt caaccctagt aggatatgct 180  
 15       aaacactgcc gtttgaagtc tgtttagatg aaatataatc aagctagtat catgttggtt 240  
           gtttattgct tagcatgatg cgaaaattat caataaacta cacacgtaga aagatttgta 300  
           tcaggacctc tgg 313  
 20  
 <210> 215  
 <211> 313  
 <212> ARN  
 25 <213> *Staphylococcus epidermidis* (NCTC 11047)  
 <400> 215  
 30       acaggggucc cccgagcuua uuaagcgugu cggagggguug gcuccgucan caacacauuu 60  
           cgguuaaaaua uaacugacaa aucaaacaaau aaauucgcag uagcugcgua auagccacug 120  
           caucgccuaa cagcaucucc uacgugcgugu uaacgcgauu caaccuagu aggauaugcu 180  
 35       aaacacugcc gcuugaaguc uguuuagaug aaauuaaauc aagcuaguau cauguugguu 240  
           guuuauugcu uagcaugaug cgaaaauuuau caauaaacua cacacguaga aagauuugua 300  
           ucaggaccuc ugg 313  
 40 <210> 216  
 <211> 302  
 <212> ADN  
 45 <213> *Streptococcus agalactiae* (NCTC 8181)  
 <400> 216  
 50       acaggcatta tgaggtatat tttgcgactc atcggcagat gtaaaatgcc agttaaatat 60  
           aactgcaaaa aatacaaat cttacgcatt agctgcctaa aaaacagcct gcgtgatctt 120  
           cacaagattg tttgcgtttt gctagaaggt cttatattatc agcaaactac gtttggctac 180  
           tgtctagtta gttaaaaaga gatttataga ctcgctatgt gagggcttga gttatgtgtc 240  
 55       atcacctagt taaatcaata cataacctat agttgtagac aaatatatta gcagatgttt 300  
           gg 302  
 60 <210> 217  
 <211> 302  
 <212> ARN  
 <213> *Streptococcus agalactiae* (NCTC 8181)  
 65

## ES 2 345 243 T3

<400> 217

```

5      acaggcauua ugagguauau uuugcgacuc aucggcagau guaaaaugcc aguuaaaauu 60
      aacugcaaaa aauacaaaau cuuacgcauu agcugccuaa aaaacagccu gcgugaucuu 120
      cacaagauug uuugcguuuu gcuagaaggu cuuauuuauc agcaaacuac guuuggcuaac 180
      ugucuaguua guuaaaaaga gauuuauaga cucgcuaugu gagggcuuga guuuguguc 240
10     aucaccuagu uaaaaucaua cauaaccuau aguuguagac aaauuuuuu gcagauguuu 300
      gg                                                    302
  
```

<210> 218

15 <211> 21

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

20 <220>

<223> Descripción de Secuencia Artificial: Sonda específica del género Salmonella

<400> 218

```

25     cgaatcaggc tagtctgta g                                                    21
  
```

<210> 219

30 <211> 23

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

35 <220>

<223> Descripción de Secuencia Artificial: sonda oligonucleotídica para la detección del complejo de la tuberculosis

<400> 219

```

40     actcctcggg acarccacag cga                                                    23
  
```

<210> 220

45 <211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

50 <220>

<223> Descripción de Secuencia Artificial: sondas oligonucleotídicas para la detección de secuencias de *M. avium* y *M. paratuberculosis*

55 <400> 220

```

      gttgcaaata gataagcgcc                                                    20
  
```

60 <210> 221

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

65

<220>

## ES 2 345 243 T3

	<223> Descripción de Secuencia Artificial: sondas oligonucleotídicas para la detección de secuencias de <i>M. avium</i> y <i>M. paratuberculosis</i>	
5	<400> 221 tccgtcagcc egggaacgcc	20
10	<210> 222 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
15	<220> <223> Descripción de Secuencia Artificial: sonda oligonucleotídica usada en la determinación de la integridad del ARNtm después del tratamiento de exterminio térmico de células de <i>Listeria</i> .	
20	<400> 222 tttggtttt ctttgcca	18
25	<210> 223 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
30	<220> <223> Descripción de secuencia artificial: sonda oligonucleotídica usada en la determinación de la integridad del ARNtm después del tratamiento de exterminio térmico de células de <i>Escherichia coli</i>	
35	<400> 223 agtttctgc gtttgcca	18
40	<210> 224 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
45	<220> <223> Descripción de secuencia artificial: Cebador oligonucleotídico degenerativo para la amplificación de todas las secuencias micobacterianas.	
50	<400> 224 caggcaashg accaccgtaa	20
55	<210> 225 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
60	<220> <223> Descripción de secuencia artificial: Cebadores oligonucleotídicos degenerativos para la amplificación de todas las secuencias micobacterianas	
65		

## ES 2 345 243 T3

	<400> 225	
	ggatctccyg rtcwrcgra	23
5	<210> 226	
	<211> 18	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
15	<223> Descripción de secuencia artificial: cebador oligonucleotídico para la amplificación de las secuencias de <i>M. avium</i> y <i>M. paratuberculosis</i>	
	<400> 226	
20	tgccggtgca ggcaactg	18
	<210> 227	
	<211> 18	
25	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
30	<223> Descripción de secuencia artificial: cebador oligonucleotídico para la amplificación de las secuencias de <i>M. avium</i> y <i>M. paratuberculosis</i>	
	<400> 227	
35	cacggaaca agccagga	18
	<210> 228	
40	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
45	<220>	
	<223> Descripción de secuencia artificial: cebador oligonucleotídico para la detección de las secuencias del gen <i>ssrA</i> de <i>Listeria</i>	
50	<400> 228	
	cattaaact tagcaaggaa gtg	23
55		
60		
65		