

Mejor Set: 4) González-Barrios et al. 2017. Ref. 01.

Espaciamiento directo-reverso: 105 bases

Directo: GNGANGATGCAACNGCHGG
Posición: 395-413 | Identidad: 88.42% | Puntaje: 16.80

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: GCGAAGATGCAACAGCAGG
|~||~|||||||~||.||
Directo: GNGANGATGCAACNGCHGG
Sonda: AGRACAAGAGCNCTTGTNCG
Posición: 466-485 | Identidad: 93.00% | Puntaje: 18.60

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: AGGACAAGAGCACTTGTTCG
||:|||||||~||||~||
Sonda: AGRACAAGAGCNCTTGTNCG
Reverso: GCARGGTTCAACHCTBCCNA
Posición: 519-538 | Identidad: 92.00% | Puntaje: 18.40

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: GCAAGGTTCAACACTTCCCA
|||:|||||||.||.||~|
Reverso: GCARGGTTCAACHCTBCCNA

Secuencia Consenso Completa:

1

81

161

241

321

401

481

561

641

721

801

881

961

1041

1121

1201

1281

1361

1441

ATGAGTGACATCGAAGCCATGGCGTCTCAAGGCACCAAACGATCATATGAACAAATGGAGACTGGTGGGGAGCGCCAGGA

TACCACAGAAATCAGAGCATCTGTTGGAAGAATGATTGGTGGAAATCGGGAGATTCTACATCCAAATGTGCACTGAACTAA

AACTCAGTGATTATGATGGACGACTAATCCAGAATAGCATAACAATAGAGAGGATGGTGCTTTCTGCTTTTGATGAGAGA

AGAAATAAATACCTAGAAGAGCATCCAAGTGCTGGGAAGGACCCTAAGAAAAACAGGAGGACCCATCTATAGAAGAATAGA

CGGAAAATGGACGAGAGAACTCATCCTTTATGACAAAGAAGAAATAAGGAGAGTTTGGCGCCAAGCAAACAATG**GCGAAG**

ATGCAACAGCAGGTCTTACTCATATCATGATTTGGCATTCCAATCTGAATGATGCCACATATCAG**AGGACAAGAGCACTT**

GTTCCCACTGGAATGGATCCCAGAATGTGCTCTCTAAT**GCAAGGTTCAACACTTCCCA**GGAGGTCTGGTGCCGCAGGTGC

TGCAGTAAAGGAGTTGGAACAATAGCTATGGAGTTAATCAGAATGATAAACGTGGAATCAATGACCGAAATTTCTGGA

GGGGTGAAAATGGACGAAGGACAAGAGTTGCTTATGAAAGAATGTGCAATATCCTCAAAGGAAAAATTTCAAACAGCTGCC

CAGAGGGCAATGATGGATCAAGTAAGAGAAAAGTCGAAACCCAGGAAACGCTGAGATTGAAGACCTCATTTTCCTGGCAGC

GTCAGCACTCATTCTGAGAGGATCAGTTGCACATAAATCCTGCCTGCCTGCTTGTGTGTATGGGCTTGCAGTAGCAAGTG

GCCATGACTTTGAAAGGGAAGGGTACTCACTGGTCGGGATAGACCCATTCAAATTACTCCAAAAACAGTCAAGTGGTCAGC

CTGATGAGACCAAATGAAAATCCAGCTCACAAGAGTCAATTGGTATGGATGGCATGCCACTCTGCTGCATTTGAAGATTT

AAGAGTATCAAGTTTTCATAAGAGGAAAGAAAGTGATCCCAAGAGGAAAGCTTTCCACAAGAGGGGTTTCAAGATTGCTTCAA

ATGAGAATGTGGAACCATGGAATCCAATACCCTGGAAGTAAAGAGCAGATACTGGGCCATAAGAACCAGGAGTGGAGGA

AATACCAATCAACAGAAGGCATCCGCAGGCCAGATCAGTGTGCAGCCTACATTCTCAGTGCAGCGAAATCTCCCTTTTGA

AAGAGCAACCGTTATGGCAGCATTTCAGCGGGAACAATGAAGGACGGACATCCGACATGCGAACAGAAAGTTATAAGAATGA

TGGAAAGTGCAAAGCCAGAGGATTTGTCTTCCAGGGGCGGGGAGTCTTCGAGCTCTCGGACGAAAAGGCAACGAACCCG

ATCGTGCCTTCCTTTGACATGAGTAATGAAGGGTCTTATTTCTTCGGAGACAATGCAGAGGAGTATGACAATTGA