

Mejor Set: 19) van der Vries et al. 2010. Ref. 11. doi: 10.1016/j.jcv.2009.09.030. Cui et al. 2016. Ref. 12. d

Espaciamiento directo-reverso: 59 bases

Posición: 924-946 | Identidad: 97.39% | Puntaje: 22.40

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: GGAAAGARABGCTGGATCTGGTA

|||||||:|.|||||||

Directo: GGAAAGAAATGCTGGATCTGGTA

Posición: 976-1004 | Identidad: 91.72% | Puntaje: 26.60

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: TGCAATACAAC TTGTCAGACHBCHGAGGG

|||||||:|.|.|.||

Sonda: TGCAATACAAC TTGTCARACACCCGAAGG

Posición: 1006-1027 | Identidad: 99.09% | Puntaje: 21.80

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: GCTATAAACACCAGYCTCCCAT

|||||||:|||||

Reverso: GCTATAAACACCAGCCTCCCAT

Secuencia Consenso Completa:

1 ATGAAGGYAATACTAGTAGTTCTDCTDVTACATTYACAACCGCAAATGCAGACACATTATGTATAGGTTATCATGCGAA

81 CAATTCAACAGACACTGTAGAYACAGTACTAGAAAAGAATGTAACRGTAACACACTCTGTBAATCTTCTGGAAGAYAADC

161 ATAACGGAACGGAACAAC TATGCAAAC TADGAGGGGTAGCCCCATTGCATTTGCTAATGCTACTGAGYTGTTTCAGAAYT

241 CCTCAATAGGTGGTAAATGYAACATTGCTGGCTGGATCCTTGATGGGGAAATCCAGAGTGTGAATCACTCTCCACAGCAA

321 GATCATGGTCCTACATTGTGGAAACATCTAATT CAGACAATGGAACVTGTTACCCAGGAGAYTTCATCAAYTATGAGGAR

401 CTAAGAGAGCAAHTGAGCTCAGTGT CATCATTTGAAAGGTTTGAAATATTCCCHAADRCAAGTTCATGGCCTAATCATGA

481 CTCGVACAAAGGTGTAACGGCAGCATGTHCAATCAHGMTGGAGCCAMWCAAAACGGAACAAGTTCTKCTTGYATAAGGRR

561 ATCTARAAAAAGCTTCTACAAAAAHTTGATATGGCTGGTTAAAAAAGGVAATTCATACCCA AHGHTCAACCAAACCTACA

641 TTAATGATAAAGGGGAAAGAARTCCTCGTGCTGTGGGGCATTCACCATCCABCTACTAHTGCTGACCAAATCTYCCCAAAG

721 TCTCTATCAGAATGCAGATGCATATGTTTTTGTGGGGACATCAAGATACAGCAAGAAGTTCAARTCCCGGAAATAGSAAC

801 AAGACCCAAAGTGAGGGATCAAGAAGGGAGAATGAACTATTACTGGACAHTAGTAGAVCCGGGAGACAAAATAACATTCTG

881 AAGCAACTGGAAATCTAGTGGTACCDAGATATGCATT CACAATGGAAAGARABGCTGGATCTGGTAATTATCATTT CAGAT

961 RCRCCAGYCCACVATTGCAATACAAC TTGTCAGACHBCHGAGGGTGCTATAAACACCAGYCTCCCATTT CAGAATGTACA

1041 TCCGRTCACAATTGGGAAATGTCCAAAGTATGTAAAAAGCACAAAATTGAGRCTGGCCACAGGATTGAGGAATGTCCCGT

1121 CTATTCAATCTAGAGGCCTATTCGGGGCCATTGCHGGCTTCATTGAAGGGGGGTGGACAGGVATGGTAGATGGATGGTAY

1201 GGTTATCACCATCAAAATGAGCAGGGDT CAGGATATGCAGCCGATCTGAAGAGCACACAAAATGCHATTGAYAAGATTAC

1281 TAACAAAGTAAATTCTGTTATTGAAAARATGAAYACACAGTT CACAGCAGTGGGTAAAGAGTTCAACCACCTTGAAAAAA

1361 GAATDGARAATCTAAATAAAAAAGTTGATGATGGTTTTCTGGACATTTGGACTTACAATGCCGAAC TGTGGTTCTACTG

1441 GAAAAYGAAAGAACTTTGGACTATCAYGATTCAAATGTGAAGAACTTGTATGAAAAAGTDAGAAVCCARTTAAAAAACAA

1521 TGCCAAGGAAATTGGAAACGGHTGCTTTGAATTTTACCACAAATGCGAYAACACATGCATGGAAAGTGTCAAGAATGGGA

1601 CTTATGACTACCCAAAATACTCAGAGGAAGCAAAATTAAVCAGAGAAAAAATAGATGGAGTAAAGCTGGAVTCAACAAGG

1681 ATCTACCAGATTTTGGCGATCTATTCAACTGYHGCCAGTT CAYTGGTACTGGTAGTCTCCCTGGGGGCAATCAGCTTCTG

1761 GATGTGCTCTAATGGGTCTCTACARTGTAGAATATGTATTTAAHAYTAKRAYYHVRRADYHRTVA