

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: GCAAGGTTCAAACTTCCCA
|||:|||||||.||.||~|
Reverso: GCARGGTTCAACHCTBCCNA

Secuencia Consenso Completa:

1 VTGAGTGACAYCRARRYHATGGCGTCTCAAGGCACCAAACGATCATATGAACAAATGGAGACTGGTGGRGAGCGCCAGGA
81 TACCACAGAAATHAGAGCATCTGTTGGAAGAATGATTGRTGGAATCGGGAGATTCTACATCCAAATGTGCACTGAACTAA
161 AACTCAGTGATTATGATGGACGACTAATCCAGAAAYAGCATAACAATAGAGAGRATGGTDCTTTCTGCTTTTGATGAGAGA
241 AGAAATAAATACCTAGAAGAGCATCCAAGTGCTGGRAAGGACCCTAAGAAAAACAGGAGGACCCATCTATMGAAGAATAGA
321 CGGAAAATGGACRAGAGAACTCATCCTTTATGACAAAGAAGAAATAAGGAGAGTTTGGCGCCAAGCAAACAATG**GCGAAG**
401 **ATGCAACAGCAGG**YCTTACTCATATCATGATTTGGCATTCCAATCTGAATGATGCCACATAYCAG**AGGACAAGAGCACTT**
481 **GTTCC**CACTGGRATGGATCCCAGAATGTGCTCTCTAAT**GCAAGGTTCAAACTTCCCA**GGAGGTCTGGTGCCGCAGGTGC
561 TGCAGTAAAGGAGTTGGDACDATAGCTATGGAGTTAATCAGAATGATAAARCGTGGAATCAATGACCGAAATTTCTGGA
641 GGGGTGAAAATGGACGRAGGACAAGAGTTGCTTATGAAAGAATGTGCAATATCCTCAAAGGAAARTTTCAAACAGCTGCC
721 CAGAGGGCAATGATGGATCAAGTDAGAGAAAAGTCGRAVCCCAGGAAACGCTGAGATTGAAGACCTCATTTTCCTGGCACG
801 DTCAGCACTCATTTYGAGAGGATCAGTTGCACATAAATCHTGYCTGCCTGCTTGTGTGTATGGGCTTGCAGTAGCAAGTG
881 GCCATGACTTTGAAAGGGAAGGGTACTCACTGGTCGGGATAGACCCATTCAAATTACTYCAAAACAGTCAAGTGDTCAGY
961 CTGATGAGACCAAATGAAAATCCAGCTCAYAAGAGTCAATTGGTATGGATGGCATGCCACTCTGCTGCATTTGAAGATTT
1041 AAGAGTATCAAGTTTTATAAGRGGAAAGAAAGTGATCCCAAGAGGAAAGCTTTCCACAAGAGGGGTTTCAAGATTGCTTCAA
1121 AYGAGAATGTGGAACCATGGAATCCAATACCCTGGAAGTAAAGAGCAGATACTGGGCCATAAGAACCAGGAGTGGAGGA
1201 AATACCAATCAACAGAAAGGCATCHGCAGGCCARATCAGTGTGCAGCCTACATTCTCAGTGCARCGAAATCTCCCTTTTGA
1281 AAGAGCAACHRTTATGGCAGCATTGAGYGGGAACAATGAAGGACGGACATCCGACATGCGAACAGAAAGTTATAAGAATGA
1361 TGGAAAGYGCAAAGCCAGAGGATTTGTCTTCCAGGGGCGGGGAGTCTTCGAGCTCTCGGACGAAAAGGCAACGAACCCG
1441 ATCGTGCCTTCCTTTGACATGAGTAATGAAGGGTCTTATTTCTTCGGAGACAATGCAGAGGAGTATGACAATTGA