

Mejor Set: 2) Ref. 22. Shin et al 2011. doi: 10.1292/jvms.10-0218

Espaciamiento directo-reverso: 192 bases

Posición: 11-37 | Identidad: 98.52% | Puntaje: 26.60

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: ATGAGTCTTCTAACCGAGGTCGAAACG

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

Directo: ATGAGYCTTYTAACCGAGGTCGAAACG

Posición: 230-252 | Identidad: 93.04% | Puntaje: 21.40

Comparación con secuencia consenso:

Consenso: CTGCAGCGTAGACGCTTTATCCA

|||||||~|||

Reverso: CTGCAGCGTAGACGNTTTGTCCA

Secuencia Consenso Completa:

1 ATGTTTAAAGATGAGTCTTCTAACCGAGGTCGAAACGTACGTTCTTTCTATCATCCCGTCAGGCCCCCTCAAAGCCGAGATCGCACAGAGACTGGAAAGTGTCTTTGCAGGAAAGAACACAGATCTTGAGGCTCTCATGGAATGGCTAAAGACAAGACCAATCTTGTCACCTCTGACTAAGGGAATTTTAGGATTTGTGTTACAGCTCACCGTGCCAGTGAGCGAGGASTGCGAGCGTAGACGCTTTATCCA

81 AAATGCCCTAAATGGAAATGGGGACCCGAACAACATGGATAGAGCAGTTAAACTATACAAGAAGCTCAAAAGAGAAATAACGTTCCATGGGGCCAAGGAGGTGTCACTAAGCTATTCAACTGGTGCACCTTGCAAGTTGCATGGGCCTCAAAGAGAAATAACGTTCCATGGGAACAGTGACCACAGAAGCTGCTTTCGGTCTAGTTTGTGCCACTTGTGAACAGATTGCTGATTCACAGCATCGGTCTCACAGACAAATGGCTACTACCACAAATCCACTAATCAGGCATGAAAACAGAATGGTGCTGGCTAGCACTACGGCAAAGGCTATGGAACAGGTGGCTGGATCGAGTGAACAGGCAGCGGAGGCCATGGAGGTTGCTAATAAGACTAGGCAGATGGTACATGCAATGAGAACTATTGGGACTCATCCTAGCTCCAGTGCTGGTCTGAGAGATGACCTTCTTGAAAATTTGCAGGCCTACCAGAAGCGAATGGGAGTGCAGATGCAGCGGTTCAAGTGATCCTCTCGTCATTGCAGCAAACATCATTGGGATCTTGACCTGATATTGTGGATTACTGATCGTCTTTTTTTCAAATGCATTTATCGTCGCTTTAAATACGGTTTTGAAAAGAGGGCCTTCTACGGAAGGAGTGCCTGAGTCCATGAGGGAAGAATATCAACAGGAGCAGCAGAGTGCTGTGGATGTTGACGATGGTCATTTTGTCAACATAGAGCTAGAGTAA

961