

Listado de secuencias

1	Información de listado de secuencias	
1-1	Nombre del archivo	PN841232W0 ST26 sequence listing V2.xml
1-2	Versión DTD	V1_3
1-3	Nombre del software	WIPO Sequence
1-4	Versión del software	2.0.0
1-5	Fecha de producción	2022-07-11
1-6	Código de idioma de texto libre original	
1-7	Código de idioma de texto libre no en inglés	
2	Información general	
2-1	Solicitud actual: Oficina de IP	EP
2-2	Solicitud actual: Numero de solicitud	PCT/EP2022/069276
2-3	Solicitud actual: fecha de presentación	2022-07-11
2-4	Solicitud actual: Referencia del expediente del solicitante	PN841232WO
2-5	Solicitud de primera prioridad: Oficina IP	EP
2-6	Solicitud de primera prioridad: número de solicitud	21184877.5
2-7	Solicitud de primera prioridad: fecha de presentación	2021-07-09
2-8en	Nombre del solicitante	Hubro Therapeutics AS
2-8	Nombre del solicitante: Nombre latino	Henrik Eriksen
2-9en	Nombre del inventor	
2-9	Nombre del inventor:	

	Nombre latino	
2-10en	Título de la invención	Un cebador
2-11	Cantidad total de secuencias	41
3-1	Secuencias	
3-1-1	Número de secuencia [ID]	1
3-1-2	Tipo de molécula	ADN
3-1-3	Longitud	22
3-1-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..22 nota=Cebador sintético
	Valor calificador no en inglés	
3-1-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..22 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética
	Valor calificador no en inglés	
3-1-5	Residuos	cagtgtcata gagcacattc ct 22
3-2	Secuencias	
3-2-1	Número de secuencia [ID]	2
3-2-2	Tipo de molécula	ADN
3-2-3	Longitud	19
3-2-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..19 nota=Cebador sintético
	Valor calificador no en inglés	
3-2-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..19 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética
	Valor calificador no en inglés	
3-2-5	Residuos	agacagtttg ccatgaccc 19
3-3	Secuencias	
3-3-1	Número de secuencia [ID]	3
3-3-2	Tipo de molécula	ADN
3-3-3	Longitud	23
3-3-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético

	Valor calificador no en inglés		
3-3-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-3-5	Residuos	gtctcaccag gctttttttt tcg	23
3-4	Secuencias		
3-4-1	Número de secuencia [ID]	4	
3-4-2	Tipo de molécula	ADN	
3-4-3	Longitud	23	
3-4-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
3-4-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-4-5	Residuos	gtctcaccag gctttttttt acg	23
3-5	Secuencias		
3-5-1	Número de secuencia [ID]	5	
3-5-2	Tipo de molécula	ADN	
3-5-3	Longitud	22	
3-5-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..22 nota=Cebador sintético	
3-5-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..22 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-5-5	Residuos	caccaggctt tttttatcgt tc	22
3-6	Secuencias		
3-6-1	Número de secuencia [ID]	6	
3-6-2	Tipo de molécula	ADN	
3-6-3	Longitud	23	

3-6-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
3-6-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-6-5	Residuos	gtctcaccag gctttttttt ccg	23
3-7	Secuencias		
3-7-1	Número de secuencia [ID]	7	
3-7-2	Tipo de molécula	ADN	
3-7-3	Longitud	23	
3-7-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
3-7-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-7-5	Residuos	gtctcaccag gcttttttta ccg	23
3-8	Secuencias		
3-8-1	Número de secuencia [ID]	8	
3-8-2	Tipo de molécula	ADN	
3-8-3	Longitud	23	
3-8-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
3-8-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-8-5	Residuos	gtctcaccag gctttttttt tcc	23
3-9	Secuencias		
3-9-1	Número de secuencia [ID]	9	
3-9-2	Tipo de molécula	ADN	

3-9-3	Longitud	22	
3-9-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..22 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-9-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..22 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
	Valor calificador no en inglés		
3-9-5	Residuos	caccaggctt tttttatcgt cc	22
3-10	Secuencias		
3-10-1	Número de secuencia [ID]	10	
3-10-2	Tipo de molécula	ADN	
3-10-3	Longitud	17	
3-10-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..17 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-10-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..17 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
	Valor calificador no en inglés		
3-10-5	Residuos	atgtcctgag gctaagc	17
3-11	Secuencias		
3-11-1	Número de secuencia [ID]	11	
3-11-2	Tipo de molécula	ADN	
3-11-3	Longitud	17	
3-11-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..17 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-11-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..17 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	

	Valor calificador no en inglés		
3-11-5	Residuos	cactgcacac accaagt	17
3-12	Secuencias		
3-12-1	Número de secuencia [ID]	12	
3-12-2	Tipo de molécula	ADN	
3-12-3	Longitud	23	
3-12-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-12-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
	Valor calificador no en inglés		
3-12-5	Residuos	gtttcttctg cctttttta tcg	23
3-13	Secuencias		
3-13-1	Número de secuencia [ID]	13	
3-13-2	Tipo de molécula	ADN	
3-13-3	Longitud	23	
3-13-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-13-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
	Valor calificador no en inglés		
3-13-5	Residuos	gtttcttctg ccttttttg tcg	23
3-14	Secuencias		
3-14-1	Número de secuencia [ID]	14	

3-14-2	Tipo de molécula	ADN	
3-14-3	Longitud	23	
3-14-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-14-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
	Valor calificador no en inglés		
3-14-5	Residuos	gtttcttctg ccttttttt acg	23
3-15	Secuencias		
3-15-1	Número de secuencia [ID]	15	
3-15-2	Tipo de molécula	ADN	
3-15-3	Longitud	23	
3-15-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
	Valor calificador no en inglés		
3-15-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
	Valor calificador no en inglés		
3-15-5	Residuos	gtttcttctg ccttttttaa tcg	23
3-16	Secuencias		
3-16-1	Número de secuencia [ID]	16	
3-16-2	Tipo de molécula	ADN	
3-16-3	Longitud	23	
3-16-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	

	Valor calificador no en inglés		
3-16-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-16-5	Residuos	gtttcttctg ccttttttac tcg	23
3-17	Secuencias		
3-17-1	Número de secuencia [ID]	17	
3-17-2	Tipo de molécula	ADN	
3-17-3	Longitud	23	
3-17-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
3-17-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..23 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens	
3-17-5	Residuos	ggaaaaaaaaa agcctggtga gac	23
3-18	Secuencias		
3-18-1	Número de secuencia [ID]	18	
3-18-2	Tipo de molécula	ADN	
3-18-3	Longitud	24	
3-18-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	característica_misc 1..24 nota=Cebador sintético	
3-18-4-2	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..24 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens	
3-18-5	Residuos	ggaaaaaaaaa aagcctggtg agac	24

3-19	Secuencias	
3-19-1	Número de secuencia [ID]	19
3-19-2	Tipo de molécula	ADN
3-19-3	Longitud	457
3-19-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..457 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-19-5	Residuos	<pre> tgcgaatgct ggagaacagg aaccagctgc cgttgtagg aacaacttca tgaaggaaaa 60 gtattccaga ttgcctttct gtctggaggc catattattc atttattctc tttctctctc 120 tcctctctcc ctgccttcca atgaatctct tcactctagg agaaagaatg acgagaacat 180 aacactagag acagtttgcc atgaccccaa gctcccctac catgacttta ttctggaaga 240 tgctgcttct ccaaagtcca ttatgaagga aaaaaaaaaa cctggtgaga ctttcttcat 300 gtgttctgt agctctgatg agtgcaatga caacatcatc ttctcagaag gtgagttttc 360 ttctcttaag ggtgtgggac ctgagatctg tgccaatttt ttgtatcctt ggtctgcagt 420 gtcatagagc acattcctcc tgtggtggat tgcatcac </pre>
3-20	Secuencias	
3-20-1	Número de secuencia [ID]	20
3-20-2	Tipo de molécula	ADN
3-20-3	Longitud	456
3-20-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..456 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-20-5	Residuos	<pre> tgcgaatgct ggagaacagg aaccagctgc cgttgtagg aacaacttca tgaaggaaaa 60 gtattccaga ttgcctttct gtctggaggc catattattc atttattctc tttctctctc 120 tcctctctcc ctgccttcca atgaatctct tcactctagg agaaagaatg acgagaacat 180 aacactagag acagtttgcc atgaccccaa gctcccctac catgacttta ttctggaaga 240 tgctgcttct ccaaagtcca ttatgaagga aaaaaaaagc ctgggtgagac tttcttcatg 300 tggttctgta gctctgatga gtgcaatgac aacatcatct tctcagaagg tgagttttct 360 tctcttaagg gtgtgggacc tgagatctgt gccaattttt tgtatccttg gtctgcagtg 420 tcataaqaca cattcctcct gtqqtqqatt qcatac </pre>
3-21	Secuencias	
3-21-1	Número de secuencia [ID]	21
3-21-2	Tipo de molécula	ADN
3-21-3	Longitud	204

3-21-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..204 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens						
3-21-5	Residuos	ttggcacaga atgttgtcat ttttttcctt qgaqcttqqg	tctcagggtcc tgcactcatc cataatgcac gtcatggcaa	cacaccctta agagctacag tttggaagaa actg	agagaagaaa gaacacatga cagcatcttc	actcaccttc agaaagtctc caaaataaag	tgagaagatg accaggcttt tcatggtagg	60 120 180 204
3-22	Secuencias							
3-22-1	Número de secuencia [ID]	22						
3-22-2	Tipo de molécula	ADN						
3-22-3	Longitud	203						
3-22-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..203 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens						
3-22-5	Residuos	ttggcacagat tgttgtcatt tttttccttc gagcttgggg	ctcagggtccc gcactcatca ataatgcact tcaggggcaa	acacccttaa gagctacagg ttggagaacc ctg	gagaagaaaa aacacatgaa agcatcttcc	ctcaccttct gaaagtctca aaaataaagt	gagaagatga ccaggctttt catggaaggg	60 120 180 203
3-23	Secuencias							
3-23-1	Número de secuencia [ID]	23						
3-23-2	Tipo de molécula	ADN						
3-23-3	Longitud	219						
3-23-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..219 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens						
3-23-5	Residuos	ccggaaaaaa tgagaagatg accaggcttt tcatggtagg	ttggcacaga atgttgtcat ttttttcctt ggagcttggg	tctcagggtcc tgcactcatc cataatgcac gtcatggcaa	cacaccctta agagctacag tttggaagaa actgtctaa	agagaagaaa gaacacatga cagcatcttc	actcaccttc agaaagtctc cagaataaag	60 120 180 219
3-24	Secuencias							
3-24-1	Número de secuencia [ID]	24						
3-24-2	Tipo de molécula	ADN						

3-24-3	Longitud	193
3-24-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..193 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-24-5	Residuos	cagatctcag gtccacacacc ctttaagagaa gaaaactcac cttctgagaa gatgatgttg 60 tcattgcact catcagagct acaggaacac atgaagaaag tctcaccagg cttttttttt 120 ccttcataat gcactttgga aaagcagcat cttccaaat aaagtcatgg taggggagct 180 tqqqgtcatg qca
3-25	Secuencias	
3-25-1	Número de secuencia [ID]	25
3-25-2	Tipo de molécula	ADN
3-25-3	Longitud	151
3-25-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..151 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-25-5	Residuos	tggcacagat ctcagggtccc acacccttaa gagaagaaaa ctcaccttct gagaagatga 60 tgttgtcatt gcactcatca gagctacagg aacacatgaa gaaagtctca ccaggctttt 120 tttttccttc ataatgcact ttggagaagc a
3-26	Secuencias	
3-26-1	Número de secuencia [ID]	26
3-26-2	Tipo de molécula	ADN
3-26-3	Longitud	135
3-26-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..135 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-26-5	Residuos	attggcacag atctcaggtc ccacaccctt aagagaagaa aactcacctt ctgagaagat 60 gatgttgcca ttgcactcat cagagctaca ggaacacatg aagaaagtct caccaggctt 120 ttttttttcc ttcaa
3-27	Secuencias	

3-27-1	Número de secuencia [ID]	27																					
3-27-2	Tipo de molécula	ADN																					
3-27-3	Longitud	136																					
3-27-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..136 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens																					
3-27-5	Residuos	<table><tr><td>tggcacagat</td><td>ctcagggtccc</td><td>acacccttaa</td><td>gagaagaaaa</td><td>ctcaccttct</td><td>gagaagatga</td><td>60</td></tr><tr><td>tggtgtcatt</td><td>gcactcatca</td><td>gagctacagg</td><td>aacacatgaa</td><td>gaaagtctca</td><td>ccaggctttt</td><td>120</td></tr><tr><td>ttttttcctt</td><td>cataag</td><td></td><td></td><td></td><td></td><td>136</td></tr></table>	tggcacagat	ctcagggtccc	acacccttaa	gagaagaaaa	ctcaccttct	gagaagatga	60	tggtgtcatt	gcactcatca	gagctacagg	aacacatgaa	gaaagtctca	ccaggctttt	120	ttttttcctt	cataag					136
tggcacagat	ctcagggtccc	acacccttaa	gagaagaaaa	ctcaccttct	gagaagatga	60																	
tggtgtcatt	gcactcatca	gagctacagg	aacacatgaa	gaaagtctca	ccaggctttt	120																	
ttttttcctt	cataag					136																	
3-28	Secuencias																						
3-28-1	Número de secuencia [ID]	28																					
3-28-2	Tipo de molécula	ADN																					
3-28-3	Longitud	130																					
3-28-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..130 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens																					
3-28-5	Residuos	<table><tr><td>acagatctca</td><td>ggtcccacac</td><td>ccttaagaga</td><td>agaaaactca</td><td>ccttctgaga</td><td>agatgatgtt</td><td>60</td></tr><tr><td>gtcattgcac</td><td>tcatcagagc</td><td>tacaggaaca</td><td>catgaagaaa</td><td>gtctcaccag</td><td>gctttttttt</td><td>120</td></tr><tr><td>ttcctttctta</td><td></td><td></td><td></td><td></td><td></td><td>130</td></tr></table>	acagatctca	ggtcccacac	ccttaagaga	agaaaactca	ccttctgaga	agatgatgtt	60	gtcattgcac	tcatcagagc	tacaggaaca	catgaagaaa	gtctcaccag	gctttttttt	120	ttcctttctta						130
acagatctca	ggtcccacac	ccttaagaga	agaaaactca	ccttctgaga	agatgatgtt	60																	
gtcattgcac	tcatcagagc	tacaggaaca	catgaagaaa	gtctcaccag	gctttttttt	120																	
ttcctttctta						130																	
3-29	Secuencias																						
3-29-1	Número de secuencia [ID]	29																					
3-29-2	Tipo de molécula	ADN																					
3-29-3	Longitud	135																					
3-29-4-1	Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	origen 1..135 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens																					
3-29-																							

5	Residuos	tggcacagat ctcaggtccc acacccttaa gagaagaaaa ctcaccttct gagaagatga 60 tgltgtcatt gcactcatca gagctacagg aacacatgaa gaaagtctca ccaggctttt 120 ttttttcctt cataa 135
3-30	Secuencias	
3-30-1	Número de secuencia [ID]	30
3-30-2	Tipo de molécula	ADN
3-30-3	Longitud	129
3-30-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..129 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-30-5	Residuos	agatctcagg tcccacaccc ttaagagaag aaaactcacc ttctgagaag atgatgttgt 60 cattgcactc atcagagcta caggaacaca tgaagaaagt ctcaccaggc tttttttttt 120 ccttcataa 129
3-31	Secuencias	
3-31-1	Número de secuencia [ID]	31
3-31-2	Tipo de molécula	ADN
3-31-3	Longitud	24
3-31-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..24 nota=Cebador sintético
	Valor calificador no en inglés	
3-31-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..24 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética
	Valor calificador no en inglés	
3-31-5	Residuos	ctttttttttc tgaatgtgat ctcc 24
3-32	Secuencias	
3-32-1	Número de secuencia [ID]	32
3-32-2	Tipo de molécula	ADN
3-32-		

3	Longitud	495
3-32-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..495 nota=Fragmento ASTE1 tipo salvaje sintético
	Valor calificador no en inglés	
3-32-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..495 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética
	Valor calificador no en inglés	
3-32-5	Residuos	<pre> agagttccaa agagtgaagg cgcagacacg gctgggcaca agactggact tagacacagc 60 tcacatcttc tgtcagtggc agtcctgtct ccagatgggg atgtatctca accagctgct 120 gtccactcct ctcccagagc cagacctaac tcgactgtac agtgggaagc tgggtgcacg 180 actatgccag caactgctag catcgacctc ttagaaaagt ctcttgagca tatgtcctga 240 ggctaagcaa ctttatgaat atctattcaa tgccacaagg tcatatgccc ccgctgaaat 300 attcctacca aaaggtagat caaattcaaa aaaaaaagg cagaagaaac agaataccag 360 ctgttctaag aacagagggg gaaccactgc acacaccaag tgttggtatg agggaaacaa 420 cgggtttggg ttgttaatgg ttgaaaactt agaggaacat agtgaggcct ccaacattga 480 ataaaactca gtttg </pre>
3-33	Secuencias	
3-33-1	Número de secuencia [ID]	33
3-33-2	Tipo de molécula	ADN
3-33-3	Longitud	494
3-33-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..494 nota=Fragmento ASTE1 con desplazamiento de marco -1a sintético
	Valor calificador no en inglés	
3-33-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..495 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética
	Valor calificador no en inglés	
3-33-5	Residuos	<pre> agagttccaa agagtgaagg cgcagacacg gctgggcaca agactggact tagacacagc 60 tcacatcttc tgtcagtggc agtcctgtct ccagatgggg atgtatctca accagctgct 120 gtccactcct ctcccagagc cagacctaac tcgactgtac agtgggaagc tgggtgcacg 180 actatgccag caactgctag catcgacctc ttagaaaagt ctcttgagca tatgtcctga 240 ggctaagcaa ctttatgaat atctattcaa tgccacaagg tcatatgccc ccgctgaaat 300 attcctacca aaaggtagat caaattcaaa aaaaaaagg agaagaaaca gaataccagc 360 tgttctaaga acagagggag aaccactgca cacaccaagt gttggtatga gggaaacaac 420 cgggtttggg ttgttaatgg tgaaaactta gaggaacata gtgaggcctc caacattgaa 480 taaaactcag tttg </pre>
3-34	Secuencias	
3-34-1	Número de secuencia [ID]	34
3-34-2	Tipo de molécula	ADN

3-34-3	Longitud	1779
3-34-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..1779 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-34-5	Residuos	<pre> atgggtcggg ggctgctcag gggcctgtgg ccgctgcaca tcgtcctgtg gacgcgtatc 60 gccagcacga tcccaccgca cgttcagaag tcggatgtgg aaatggaggc ccagaaagat 120 gaaatcatct gccccagctg taataggact gcccatccac tgagacatat taataacgac 180 atgatagtca ctgacaacaa cgggtgcagtc aagtttccac aactgtgtaa attttgtgat 240 gtgagatfff ccacctgtga caaccagaaa tcctgcatga gcaactgcag catcacctcc 300 atctgtgaga agccacagga agtctgtgtg gctgtatgga gaaagaatga cgagaacata 360 acactagaga cagtttgcca tgacccaag ctcccctacc atgactttat tctggaagat 420 gctgcttctc caaagtgcac tatgaaggaa aaaaaaagc ctggtgagac tttcttcatg 480 tgttctctga gctctgatga gtgcaatgac aacatcatct tctcagaaga atataacacc 540 agcaatcctg acttgttgct agtcatatct caagtgcag gcatcagcct cctgccacca 600 ctgggagttg ccatactctg catcatcatc ttctactgct accgcgttaa ccggcagcag 660 aagctgagtt caacctggga aaccggcaag acgcggaagc tcatggagtt cagcgagcac 720 tgtgccatca tcttgaaga tgaccgctct gacatcagct ccacgtgtgc caacaacatc 780 aaccacaaca cagagctgct gccattgag ctggacacc tgggtgggaa aggtcgcttt 840 gctgaggtct ataaggccaa gctgaagcag aacacttcag agcagtttga gacagtggca 900 gtcaagatct ttccclatga ggagtatgcc tcttgaaga cagagaagga catcttctca 960 gacatcaatc tgaagcatga gaacatactc cagttcctga cggclgagga gcggaagacg 1020 gagttgggga aacaatactg gctgatcacc gccttccacg ccaagggcaa cctacaggag 1080 tacctgacgc ggcatgtcat cagctgggag gacctgcgca agctgggag ctcctctgcc 1140 cgggggattg ctcaactcca cagtgcacac actccatgtg ggaggcccaa gatgccatc 1200 gtgcacaggg acctcaagag ctccaatata ctctgaaga acgacctaac ctgctgcctg 1260 tgtgactttg ggctttccct gcgtctggac cctactctgt ctgtggatga cctggctaac 1320 agtgggcagg tgggaactgc aagatacatg gctccagaag tcctagaatc caggatgaat 1380 ttggagaatg ttgagtcctt caagcagacc gatgtctact ccatggctct ggtgctctgg 1440 gaaatgacat ctgctgttaa tgacgtggga gaagtaaaag attatgagcc tccatttggt 1500 tccaaggtgc gggagcacc ctgtgtcgaa agcatgaagg acaacgtgtt gagagatcga 1560 gggcgaccag aaattccag ctctgtgctc aaccaccagg ataccagat ggtgtgtgag 1620 acgttgactg agtgctggga ccacgaccac gaggcccgtc tcacagccca gtgtgtggca 1680 gaacgcttca gtgagctgga gcatctggac aggcctctcg ggaggagctg ctcggaggag 1740 aagattctcg aaqacggctc cctaaacact accaaataq 1779 </pre>
3-35	Secuencias	
3-35-1	Número de secuencia [ID]	35
3-35-2	Tipo de molécula	ADN
3-35-3	Longitud	561
3-35-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..561 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens
	Valor calificador no en inglés	
3-35-5	Residuos	<pre> atgggtcggg ggctgctcag gggcctgtgg ccgctgcaca tcgtcctgtg gacgcgtatc 60 gccagcacga tcccaccgca cgttcagaag tcggatgtgg aaatggaggc ccagaaagat 120 gaaatcatct gccccagctg taataggact gcccatccac tgagacatat taataacgac 180 atgatagtca ctgacaacaa cgggtgcagtc aagtttccac aactgtgtaa attttgtgat 240 gtgagatfff ccacctgtga caaccagaaa tcctgcatga gcaactgcag catcacctcc 300 atctgtgaga agccacagga agtctgtgtg gctgtatgga gaaagaatga cgagaacata 360 acactagaga cagtttgcca tgacccaag ctcccctacc atgactttat tctggaagat 420 gctgcttctc caaagtgcac tatgaaggaa aaaaaaagc ctggtgagac tttcttcatg 480 gttctcttag ctctgatgag tgcaatgaca acatcatctt ctcagaagaa tataaacacca 540 gcaatcctga cttgttgcta g 561 </pre>
3-36	Secuencias	

3-36-1	Número de secuencia [ID]	36							
3-36-2	Tipo de molécula	ADN							
3-36-3	Longitud	1737							
3-36-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..1737 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens							
	Valor calificador no en inglés								
3-36-5	Residuos	atggccccatt ccctttctgt tgggtgggagt ggggtacgtat gtcccttact catccgggaa 60 gtattcatalc aggttttcat caagctgcgg gtgtgttttg tccagtgtctt ttcagaagca 120 gatcggggaca ttatgacact tgctaaccat tgggaattgcc ctgtgtttatc atcagatagt 180 gacttttgca tttttgacct gaaaactggg ttttgcccat tgaatagctt tcagtggaga 240 aatatgaaca ctattaaggg cacacaaaac tatatccctg ccaaatgctt ttcccttgat 300 gcattctgcc atcacttcag caatatgaat aaagctctac tacctctctt tgcggtgcta 360 tgtggaaatg accatgttaa tctaccatc atggagacat tcttaagtaa agcgcgtctt 420 cctcttgagg ctaccagttc taaaggagg agacaccacc gaatcctggg acttctgaat 480 tggttgtctc attttgccaa ccctaccgaa gcactagata atgttctgaa atacctccca 540 aaaaaggatc gagaaaatgt taaggaaact ctctgtctgt ccatggaaga ataccaacag 600 tcccaggtag agctacagga cttcttccag tgtggtactt atgtctgtcc agatgccttg 660 aatcttgggt taccagaatg ggtattagt gctttagcta aaggccagct atctcttttc 720 atcagtgtatg ctttgttctt aagacggacc attcttccca cacaggtgga aaacatgcag 780 caaccaaatg cccacagaat atctcagccc atcaggcaaa tcatctatgg gcttctttta 840 aatgcctcac cacatctgga caagacatcc tggaaatgat tgccctctca gcctctagct 900 ttcagtgaag tggaaaagat taataaaaat atcagaacct caatcattga tgcagtagaa 960 ctggccaagg atcattctga cttaagcaga ttgactgagc tctccttgag gaggcggcag 1020 atgcttctgt tagaaaccct gaaggtgaaa cagaccattc tggagccaat cctacttca 1080 ctgaagtgtc ccattgtctg cagttgtctac tggttgcagc acaccgagac caaagcaaa 1140 ctacatcatc tacaatcctt actgtctaca atgctagtgg ggcccttgat tgcataatc 1200 aacagccctg gtaaggaga gctgcaggaa gatggtgcta agatgttcta tgcagagttc 1260 caaagagtga aggcgcagac acggctgggc acaagactgg acttagacac agctcacatc 1320 ttctgtcagt ggcatcctg tctccagatg gggatgtatc tcaaccagct gctgtccact 1380 cctctcccag agccagacct aactcgactg tacagtggaa gctgtgtgca cggactatgc 1440 cagcaactgc tagcatcgac ctctgtagaa agtctcctga gcataatgccc tgaggctaag 1500 caactttatg aatatctatt caatgccaca aggtcatatg ccccgctga aatatccca 1560 ccaaaaggta galcaaatc aaaaaaaaaa aggcagaaga aacagaatac cagctgttct 1620 aagaacagag ggagaaccac tgcacacacc aagtgttggg atgagggaaa caaccggtt 1680 gggttgttaa tggttgaaaa cttagaggaa catagtggg cctccaacat tgaataa 1737							
3-37	Secuencias								
3-37-1	Número de secuencia [ID]	37							
3-37-2	Tipo de molécula	ADN							
3-37-3	Longitud	1689							
3-37-4-1	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..1689 tipo_mol= ADN genómico organismo= Homo sapiens							
	Valor calificador no en inglés								
3-37-5	Residuos	atggccccatt ccctttctgt tgggtgggagt ggggtacgtat gtcccttact catccgggaa 60 gtattcatalc aggttttcat caagctgcgg gtgtgttttg tccagtgtctt ttcagaagca 120 gatcggggaca ttatgacact tgctaaccat tgggaattgcc ctgtgtttatc atcagatagt 180 gacttttgca tttttgacct gaaaactggg ttttgcccat tgaatagctt tcagtggaga 240 aatatgaaca ctattaaggg cacacaaaac tatatccctg ccaaatgctt ttcccttgat 300 gcattctgcc atcacttcag caatatgaat aaagctctac tacctctctt tgcggtgcta 360 tgtggaaatg accatgttaa tctaccatc atggagacat tcttaagtaa agcgcgtctt 420							

		cctcttggag ctaccagttc taaagggagg agacaccacc gaatcctggg acttctgaat 480 tggttgcttc attttgccaa cctaccgaa gcactagata atgttctgaa atacctcca 540 aaaaaggatc gagaaaatgt taaggaaactt ctctgctgtt ccatggaaga ataccaacag 600 tcccagggtga agctacagga ctctctccag tgtggtactt atgtctgtcc agatgccttg 660 aatcttgggtt taccagaatg ggtattagt gcttttagcta aaggccagct atctccttcc 720 atcagtgatg ctttggicct aagacggacc attcttccca cacagggtgga aaacatgcag 780 caaccaaagt cccacagaat atctcagccc atcaggcaaa tcatctatgg gcttctttta 840 aatgcctcac cacatctgga caagacatcc tggaaatgcat tgcctcctca gcctctagct 900 ttcagtgaag tggaaaggat taataaaaat atcagaacct caatcattga tgcagtagaa 960 ctggccaagg atcattctga cttaagcaga ttgactgagc tctccttgag gaggcggcag 1020 atgcttctgt tagaaacct gaaggtgaaa cagaccattc tggagccaat ccctacttca 1080 ctgaagttgc ccattgctgt cagttgctac tggttgcagc acaccgagac caaagcaaa 1140 ctacatcatc tacaatcctt actgctcaca atgctagtgg ggcccttgat tgccataatc 1200 aacagccctg gtaaggaaga gctgcaggaa gatggtgcta agatgttgta tgcagagttc 1260 caaagagtga aggcgcagac acggctgggc acttagacac agctcacatc 1320 ttctgtcagt ggcagtcctg tctccagatg gggatgtatc tcaaccagct gctgtccact 1380 cctctcccag agccagacct aactcgactg tacagtgga gcctggtgca cggactatgc 1440 cagcaactgc tagcatcgac ctctgtagaa agtctcctga gcatagtcc tgaggctaag 1500 caactttatg aatatctatt caatgccaca aggtcatatg ccccgcgtga aatattccta 1560 ccaaaaggta gatcaaatc aaaaaaaaaa ggcagaagaa acagaatacc agctgttcta 1620 agaacagagg gagaaccact gcacacacca agtgttggtg tgagggaaac aaccggtttg 1680 ggttggttaa 1689
	Secuencias Número de secuencia [ID] Tipo de molécula Longitud Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés Residuos	38 ADN 18 característica_misc 1..18 nota=Cebador sintético origen 1..18 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética cactgcacac accaagtg 18
3-39	Secuencias 3-39-1 Número de secuencia [ID] 3-39-2 Tipo de molécula 3-39-3 Longitud 3-39-4-1 Características Ubicación/Calificadores Valor calificador no en inglés	39 ADN 23 característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético

3-39-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-39-5	Residuos	gtctcaccag gctttttttt tcd	23
3-40	Secuencias		
3-40-1	Número de secuencia [ID]	40	
3-40-2	Tipo de molécula	ADN	
3-40-3	Longitud	23	
3-40-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..23 nota=Cebador sintético	
3-40-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..23 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-40-5	Residuos	gtttcttctg ccttttttv tv	23
3-41	Secuencias		
3-41-1	Número de secuencia [ID]	41	
3-41-2	Tipo de molécula	ADN	
3-41-3	Longitud	24	
3-41-4-1	Características Ubicación/Calificadores	característica_misc 1..24 nota=Cebador sintético	
3-41-4-2	Características Ubicación/Calificadores	origen 1..24 tipo_mol=otro ADN organismo= construcción sintética	
3-41-5	Residuos	ccttttttttv tgaatvgat ctbc	24