

Información del Listado de Secuencias:

Versión DTD: V1_3
Nombre de archivo: BP004492.xml
Nombre del Software: WIPO Sequence
Versión del Software: 2.1.2
Fecha de Producción: 09-09-2022

Información General:

Solicitud actual / Oficina de PI: BR
Solicitud actual / Referencia del expediente del solicitante: BP004492
Nombre del solicitante: EMBRAPA-EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA

AGROPECUARIA

Nombre del solicitante/ Idioma: pt
Título de la invención: PROTEÍNAS INSETICIDAS TRUNCADAS (pt)
Cantidad Total de Secuencia: 125

Secuencias:

Número de secuencia (ID): 1
Longitud: 651
Tipo de Molécula: AA
Características Ubicación/Clasificatorios:
- fuente, 1..651
 > tipo de molécula, proteína
 > organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	QLTREVYTD	LINFNPQLQS	VAQLPTFNVM	ESSAIRNPHL
360	FDILNNLTIF	TDWFSVGRNF	YWGGRHVISS	LIGGGNITSP	IYGREANQEP	PRSFTFNGPV
420	FRTLSNPTLR	LLQQPWPAPP	FNLRGVEGVE	FSTPTNSFTY	RGRGTVDSL	ELPPEDNSVP
480	PREGYSHRLC	HATFVQRSGT	PFLTGTGVFS	WTHRSARTNT	IGPNRITQIP	LVKALNLHSG
540	VTGVRGPGFT	GGDILRRTNT	GTFGDIRLNI	NVPLSQRYRV	RIRYASTTDL	QFFTRINGTT
600	VNIGNFSRTM	NRGDNLEYRS	FRTAGFSTPF	NFLNAQSTFT	LGAQSFSNQE	VYIDRVEFVP
651	AEVTFEAEYD	LERAQKAVNA	LFTSTNPRRL	KTDVTDYHID	QVSNMVACLS	D

Número de secuencia (ID): 2
Longitud: 681
Tipo de Molécula: AA
Características Ubicación/Clasificatorios:
- fuente, 1..681
 > tipo de molécula, proteína
 > organismo, construcción sintética

	Residuos:					
60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	TSAQLTREIY	TDPIGRTNAP	SGFASTNWFN	NNAPSFSAIE
360	AAIIRPPHLL	DFPEQLTIYS	ASSRWSSTQH	MIYWVGHRNL	FRPIGGTLNT	STQGLTNNTS
420	INPVTLQFTS	RDVYRTESYA	GTNILFTTPV	NGVPWARFNF	INPQNIYERG	TTTYSQPYQG
480	VGIQLFDSET	ELPPETTERP	NYESYSHRLS	HIGLIIGNTL	RAPVYSWTHR	SADTLTNTID
540	PERINQIPLV	KGFRVWGGTS	VITGPGFTGG	DILRRNTFGD	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF
600	RYASSRDARV	IVLTGAASTG	VGGQVSVNMP	LQKTMEIGEN	LTSRTFRYTD	FSNPFSFRAN
660	PDIIGISEQP	LFGAGSISSG	ELYIDKIEII	LADATFEAES	DLERAQKAVN	ALFTSSNQIG
681	LKTDVTDYHI	DQVSNLVDCL	S			

Número de secuencia (ID): 3

Longitud: 668

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..668

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

	Residuos:					
60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	TSAQLTREIY	TDPIGRTNAP	SGFASTNWFN	NNAPSFSAIE
360	AAIIRPPHLL	DFPEQLTIYS	ASSRWSSTQH	MIYWVGHRNL	FRPIGGTLNT	STQGLTNNTS
420	INPVTLQFTS	RDVYRTESYA	GTNILFTTPV	NGVPWARFNF	INPQNIYERG	TTTYSQPYQG
480	VGIQLFDSET	ELPPETTERP	NYESYSHRLS	HIGLIIGNTL	RAPVYSWTHR	SADRTNTIGP
	NRITQIPLVK	ALNLHSGVTG	VRGPGFTGGD	ILRRTNTGTF	GDIRLNINVP	LSQRYRVRIR

540 YASTTDLQFF TRINGTTVNI GNFSRTMNRG DNLEYRSFRT AGFSTPFNFL NAQSTFTLGA
600 QSFSNQEVYI DRVEFVPAEV TFEAEYDLER AQKAVNALFT STNPRRLKTD VTDYHIDQVS
660 NMVACLSD
668

Número de secuencia (ID): 4

Longitud: 686

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..686
 - > tipo de molécula, proteína
 - > organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MTSNRKNENE IINALSIPTV SNPSTQMNLS PDARIEDSLC VAEVNNIDPF VSASTVQTGI
120 NIAGRILGVL GVPFAGQLAS FYSFLVGELW PSGRDPWEIF LEHVEQLIRQ QVTENTRNTA
180 IARLEGLGRG YRSYQQALET WLDNRNDARS RSIILERYVA LELDITTAIP LFRIRNQEVP
240 LLMVYAQAAN LHLLLLRDAS LFGSEWGMAS SDVNQYYQEQ IRYTEEYSNH CVQWYNTGLN
300 NLRGTNAESW LRYNQFRRDL TLGVLDLVAL FPSYDTRTYP INQLTREVTY DPLINFNPQL
360 QSVAQLPTFN VMESSAIRNP HLFIDILNNLT IFTDWFVSVGR NFYWGGHRVI SSLIGGGNIT
420 SPIYGREANQ EPPRSFTFNG PVFRTLSTNP LRLQQPWPA PPFNLRGVEG VEFSTPTNSF
480 TYRGRGTVDL TELPPEDNS VPPREGYSHR LCHATFVQRS GTPFLTGTGV FSWTHRSATL
540 TNTIDPERIN QIPLVKGFRV WGGTSVITGP GFTGGDILRR NTFGDFVSLQ VNINSPIQTR
600 YRLRFRYASS RDARVIVLTG AASTGVGGQV SVNMLPLQTM EIGENLTSRT FRYTDFSNPF
660 SFRANPDIIG ISEQPLFGAG SISSGELYID KIEIILADAT FEAESDLERA QKAVNALFTS
686 SNQIGLKTDV TDYHIDQVSN LVDCLS

Número de secuencia (ID): 5

Longitud: 673

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..673
 - > tipo de molécula, proteína
 - > organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MTSNRKNENE IINALSIPTV SNPSTQMNLS PDARIEDSLC VAEVNNIDPF VSASTVQTGI

120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INQLTREVTY	DPLINFNPQL
360	QSVAQLPTFN	VMESSAIRNP	HLFDILNNLT	IFTDWFSVGR	NFYWGGHRVI	SSLIGGGNIT
420	SPIYGREANQ	EPPRSFTFNG	PVFRTLSNPT	LRLQQPWPA	PPFNLRGVEG	VEFSTPTNSF
480	TYRGRGTVDS	LTELPPEDNS	VPPREGYSHR	LCHATFVQRS	GTPFLTGTGV	FSWTHRSART
540	NTIGPNRITQ	IPLVKALNLH	SGVTGVRGPG	FTGGDILRRT	NTGTFGDIRL	NINVPLSQRY
600	RVRIRYASTT	DLQFFTRING	TTVNIGNFSR	TMNRGDNLEY	RSFRTAGFST	PFNFLNAQST
660	FTLGAQSFSN	QEVYIDRVEF	VPAEVTFEAE	YDLERAQKAV	NALFTSTNPR	RLKTDVTDYH
673	IDQVSNMVAC	LSD				

Número de secuencia (ID): 6

Longitud: 703

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..703

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MTSNRKNENE	IINALSIPTV	SNPSTQMNLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTSAQLTRE	IYTDPIGRTN
360	APSGFASTNW	FNNNAPSFS	IEAAIIRPPH	LLDFPEQLTI	YSASSRWSST	QHMIYWVGHR
420	LNFRPIGGTL	NTSTQGLTNN	TSINPVTLQF	TSRDVYRTES	YAGTNILFTT	PVNGVPWARF
480	NFINPQNIYE	RGTTTYSQPY	QGVGIQLFDS	ETELPPETTE	RPNYESYSHR	LSHIGLIIGN
540	TLRAPVYSWT	HRSADTLTNT	IDPERINQIP	LVKGFRVWGG	TSVITGPGFT	GGDILRRNTF
600	GDFVSLQVNI	NSPITQRYRL	RFRYASSRDA	RVIVLTGAAS	TGVGGQVSVN	MPLQKTMEIG
	ENLTSRTFRY	TDFSNPF SFR	ANPDIIGISE	QPLFGAGSIS	SGELYIDKIE	IILADATFEA

660

ESDLERAQKA VNALFTSSNQ IGLKTDVTDY HIDQVSNLVD CLS

703

Número de secuencia (ID): 7

Longitud: 657

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..657

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLV
300	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRTV	SQLTREIYTN	PVLENFDGSF	RGSAQGIEGS	IRSPHLM DIL
360	NSITIYTDAH	RGEYYWSGHQ	IMASPVGFSG	PEFTFPLYGT	MGNAAPQQRI	VAQLGQGVYR
420	TLSSLYRRP	FNIGINNQQL	SVLDGTEFAY	GTSSNLPSAV	YRKSGTVDSL	DEIPPQNNNV
480	PPRQGFSHRL	SHVSMFRSGF	SNSSVSIIRA	PMFSWIHRSA	EFRTNTIGPN	RITQIPLVKA
540	LNLHSGVTGV	RGPGFTGGDI	LRRNTGTFTG	DIRLNINVPL	SQRYRVRIRY	ASTTDLQFFT
600	RINGTTVNIG	NFSRTMNRGD	NLEYRSFRTA	GFSTPFNFLN	AQSTFTLGAQ	SFSNQEVYID
657	RVEFVPAEVT	FEAEYDLERA	QKAVNALFTS	TNPRRLKTDV	TDYHIDQVSN	MVACLSD

Número de secuencia (ID): 8

Longitud: 666

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..666

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLV

300	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRTS	AQLTREIYTD	PIGRTNAPSG	FASTNWFNNN	APSFSAIEAA
360	IIRPPHLLDF	PEQLTIYSAS	SRWSSTQHMI	YWVGHRLNFR	PIGGTLNTST	QGLTNNTSIN
420	PVTLQFTSRD	VYRTESYAGT	NILFTTPVNG	VPWARFNFIN	PQNIYERGT	TYSQPYQGVG
480	IQLFDSETEL	PPETTERPNY	ESYSHRLSHI	GLIIGNTLRA	PVYSWTHRSA	DNNIIPSSQI
540	TQIPLTKSTN	LGSGETSVVKG	PGFTGGDILR	RTSPGQISTL	RVNITAPLSQ	RYRVRIRYAS
600	TTNLQFHTSI	DGRPINQGNF	SATMSSGSNL	QSGSFRTVGF	TTPFNFSNGS	SVFTLSAHVF
660	NSGNEVYIDR	IEFVPAEVT	EAEYDLERAQ	KAVNELFTSS	NQIGLKTDTV	DYHIDQVSNL
666	VECLSD					

Número de secuencia (ID): 9

Longitud: 666

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..666

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MDNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLV
300	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRTS	AQLTREIYTD	PIGRTNAPSG	FASTNWFNNN	APSFSAIEAA
360	IIRPPHLLDF	PEQLTIYSAS	SRWSSTQHMI	YWVGHRLNFR	PIGGTLNTST	QGLTNNTSIN
420	PVTLQFTSRD	VYRTESYAGT	NILFTTPVNG	VPWARFNFIN	PQNIYERGT	TYSQPYQGVG
480	IQLFDSETEL	PPETTERPNY	ESYSHRLSHI	GLIIGNTLRA	PVYSWTHRSA	DRTNTIGPNR
540	ITQIPLVKAL	NLHSGVTGVR	GPGFTGGDIL	RRTNTGTFGD	IRLNINVPLS	QRYRVRIRYA
600	STTDLQFFTR	INGTTVNIGN	FSRTMNRGDN	LEYRSFRTAG	FSTPFNFLNA	QSTFTLGAQS
660	FSNQEVYIDR	VEFVPAEVT	EAEYDLERAQ	KAVNALFTST	NPRRLKTDVT	DYHIDQVSNM
666	VACLSD					

Número de secuencia (ID): 10

Longitud: 681

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..681

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MTSNRKNE	NE	IINALSIPTV	SNPSTQMNLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA	
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP	
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN	
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTVSQLTRE	IYTNPVLENF	
360	DGSFRGSAQG	IEGSIRSPHL	MDILNSITIY	TDAHRGEYYW	SGHQIMASPV	GFSGPEFTFP	
420	LYGTMGNAAP	QQRIVAQLGQ	GVYRTLSSSTL	YRRPFNIGIN	NQQLSVLDGT	EFAYGTSSNL	
480	PSAVYRKSGT	VDSLDEIPPQ	NNNVPPRQGF	SHRLSHVSMF	RSGFSNSSVS	IIRAPMFSWI	
540	HRSAEFNNII	PSSQITQIPL	TKSTNLGSGT	SVVKGPFGTG	GDILRRTSPG	QISTLRVNIT	
600	APLSQRYRVR	IRYASTTNLQ	FHTSIDGRPI	NQGNFSATMS	SGSNLQSGSF	RTVGFTTPFN	
660	FSNGSSVFTL	SAHVFNSGNE	VYIDRIEFVP	AEVTFEAEYD	LERAQKAVNE	LFTSSNQIGL	
681	KTDVTDYHID	QVSNLVECLS	D				

Número de secuencia (ID): 11

Longitud: 681

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..681

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MTSNRKNE	NE	IINALSIPTV	SNPSTQMNLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA	
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP	
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN	
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTVSQLTRE	IYTNPVLENF	
360	DGSFRGSAQG	IEGSIRSPHL	MDILNSITIY	TDAHRGEYYW	SGHQIMASPV	GFSGPEFTFP	

420	LYGTMGNAAP	QQRIVAQLGQ	GVYRTLSSSTL	YRRPFNIGIN	NQQLSVLDGT	EFAYGTSSNL
480	PSAVYRKSGT	VDSLDEIPPQ	NNNVPPRQGF	SHRLSHVSMF	RSGFSNSSVS	IIRAPMFSWI
540	HRSAEFRTNT	IGPNRITQIP	LVKALNLHSG	VTGVRGPGFT	GGDILRRTNT	GTFGDIRLNI
600	NVPLSQRYRV	RIRYASTTDL	QFFTRINGTT	VNIGNFSRTM	NRGDNLEYRS	FRTAGFSTPF
660	NFLNAQSTFT	LGAQSFSNQE	VYIDRVEFVP	AEVTFEAEYD	LERAQKAVNA	LFTSTNPRRL
681	KTDVTDYHID	QVSNMVACLS	D			

Número de secuencia (ID): 12

Longitud: 690

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..690

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MTSNRKNENE	IINALSIPTV	SNPSTQMNL	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFIRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTSAQLTRE	IYTDPIGRTN
360	APSGFASTNW	FNNNAPSFS	IEAAIIRPPH	LLDFPEQLTI	YSASSRWSST	QHMIYWVGHR
420	LNFRPIGGTL	NTSTQGLTNN	TSINPVTLQF	TSRDVYRTES	YAGTNILFTT	PVNGVPWARF
480	NFINPQNIYE	RGTTTYSQPY	QGVGIQLFDS	ETELPPETTE	RPNYESYSHR	LSHIGLIIGN
540	TLRAPVYSWT	HRSADNNIIP	SSQITQIPLT	KSTNLGSGTS	VVKGPGFTGG	DILRRTSPGQ
600	ISTLRVNITA	PLSQRYRVRI	RYASTTNLQF	HTSIDGRPIN	QGNFSATMSS	GSNLQSGSFR
660	TVGFTTPFNF	SNGSSVFTLS	AHVFNSGNEV	YIDRIEFVPA	EVTFEAEYDL	ERAQKAVNEL
690	FTSSNQIGLK	TDVTDYHIDQ	VSNLVECLSD			

Número de secuencia (ID): 13

Longitud: 657

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..657

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLV
300	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRTV	SQLTREIYTN	PVLENFDGSF	RGSAQGIEGS	IRSPHLM DIL
360	NSITIYTDAH	RGEYYWSGHQ	IMASPVGFSG	PEFTFPLYGT	MGNAAPQQRI	VAQLGQGVYR
420	TLSSSTLYRRP	FNIGINNQQL	SVLDGTEFAY	GTSSNLPSAV	YRKSGTVDSL	DEIPPQNNNV
480	PPRQGFSHRL	SHVSMFRSGF	SNSSVSIIRA	PMFSWIHRSA	EFTNTNTINP	DIITQIPLVK
540	GFRLGGGTSV	IKGPGFTGGD	ILRRNTIGEF	VSLQVNINSP	ITQRYRLRFR	YASSRDARIT
600	VAIGGQIRVD	MTLEKTMEIG	ESLTSRTFSY	TNFSNPFSFR	ANPDIIRIAE	ELPIRGGELY
657	IDKIELILAD	ATFEEEDYLE	RAQKAVNALF	TSTNQLGLKT	DVTDYHIDQV	SNLVECL

Número de secuencia (ID): 14

Longitud: 610

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..610

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEIVNNQNC	VPYNCLNNPE	NEILDIERSN	STVATNIALE	ISRLLASATP	IGGILLGLFD
120	AIWGSIGPSQ	WDLFLEQIEL	LIDQKIEEFA	RNQAISRLEG	ISSLYGIYTE	AFREWEADPT
180	NPALKEEMRT	QFNDMNSILV	TAIPLFSVQN	YQVPFLSVYV	QAANLHLSVL	RDVSVFGQAW
240	GFDIATINSR	YNDLTRLIPI	YTDYAVRWYN	TGLDRLPRTG	GLRNWARFNQ	FRRELTISVL
300	DIISFFRNYD	SRLYPIPTSS	QLTREVYTD	VINITDYRVG	PSFENIENSA	IRSPHLMDFL
360	NNLTIDTDLI	RGVHYWAGHR	VTSHFTGSSQ	VITTPQYGIT	ANAEPRTIA	PSTFPGLNLF
420	YRTLSPFFR	RSENITPTLG	INVVQGVGFI	QPNNAEVLRY	SRGTVDLSNE	LPIDGENSLV
480	GYSHRLSHVT	LTRSLYNTNI	TSLPTFVWTH	HSANNIIPSS	QITQIPLTKS	TNLGSGTSV
540	KGPGFTGGDI	LRRTSPGQIS	TLRVNITAPL	SQRYRVIRY	ASTTNLQFHT	SIDGRPINQG

600 NFSATMSSGS NLQSGSFRTV GFTTPFNFSN GSSVFTLSAH VFNSGNEVYI DRIEFVPAEV
TFEAEYDLER
610

Número de secuencia (ID): 15

Longitud: 656

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..656

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MEIVNNQNQC VPYNCLNNPE NEILDIERSN STVATNIALE ISRLLASATP IGGILLGLFD
120 AIWGSIGPSQ WDLFLEQIEL LIDQKIEEFA RNQAISRLEG ISSLYGIYTE AFREWEADPT
180 NPALKEEMRT QFNDMNSILV TAIPLFVQVN YQVPFLSVYV QAANLHLSVL RDVSVFGQAW
240 GFDIATINSR YNDLTRLIPI YTDYAVRWYN TGLDRLPRTG GLRNWARFNQ FRRELTISVL
300 DIISFFRNYD SRLYPIPTVS QLTREIYTNP VLENFDGSFR GSAQGIEGSI RSPHLM DILN
360 SITIYTDHR GEYYWSGHQI MASPVGFSGP EFTFPLYGTM GNAAPQQRIV AQLGQGVYRT
420 LSSTLYRRPF NIGINNQQLS VLDGTEFAYG TSSNLPSAVY RKSGTVDSL D EIPPQNNNP
480 PRQGFSHRLS HVSMFRSGFS NSSVSIIRAP MFSWIHRSAE FTNTNTINPD IITQIPLVKG
540 FRLGGGTSVI KGPFGTGGDI LRRNTIGEFV SLQVNINSPI TQRYRLRFY ASSRDARITV
600 AIGGQIRVDM TLEKTMEIGE SLTSRTFSYT NFSNPFSFRA NPDIIRIAEE LPIRGGELYI
656 DKIELILADA TFEEDYDLER AQKAVNALFT STNQLGLKTD VTDYHIDQVS NLVECL

Número de secuencia (ID): 16

Longitud: 618

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..618

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MEIVNNQNQC VPYNCLNNPE NEILDIERSN STVATNIALE ISRLLASATP IGGILLGLFD
120 AIWGSIGPSQ WDLFLEQIEL LIDQKIEEFA RNQAISRLEG ISSLYGIYTE AFREWEADPT
180 NPALKEEMRT QFNDMNSILV TAIPLFVQVN YQVPFLSVYV QAANLHLSVL RDVSVFGQAW
GFDIATINSR YNDLTRLIPI YTDYAVRWYN TGLDRLPRTG GLRNWARFNQ FRRELTISVL

240	DIISFFRNYD	SRLYPIPTVS	QLTREIYTNP	VLENFDGSFR	GSAQGIEGSI	RSPHLM DILN
300	SITIIYDAHR	GEYYWSGHQI	MASPGVFS GP	EFTFPLYGTM	GNAAPQQRIV	AQLGQGVYRT
360	LSSTLYRRPF	NIGINNQQLS	VLDGTEFAYG	TSSNLPSAVY	RKSGTVDSL D	EIPPQNNNVP
420	PRQGFSHRLS	HVSMFRSGFS	NSSVSIIRAP	MFSWIHRSAE	FNNIIPSSQI	TQIPLTKSTN
480	LGSGTSVVKG	PGFTGGDILR	RTSPGQISTL	RVNITAPLSQ	RYRVRIRYAS	TTNLQFHTSI
540	DGRPINQGNF	SATMSSGSNL	QSGSFRTVGF	TTPFNFSNGS	SVFTLSAHVF	NSGNEVYIDR
600	IEFVPAEVT F	EAEYDLER				
618						

Número de secuencia (ID): 17

Longitud: 649

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..649
 - > tipo de molécula, proteína
 - > organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVS VFGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELT LTV
300	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRTS	SQLTREVYTD	PVINITDYRV	GPSFENIENS	AIRSPHLMDF
360	LNNLTIDTDL	IRGVHYWAGH	RVTSHFTGSS	QVITTPQYGI	TANAEPRRTI	APSTFPGLNL
420	FYRTLSPNPF	RRSENITPTL	GINVVQGVGF	IQPNNAEVLY	RSRGTVD SLN	ELPIDGENSL
480	VGYSHRLSHV	TLTRSLYNTN	ITSLPTFVWT	HHSATNTNTI	NPDIITQIPL	VKGFR LGGGT
540	SVIKGP GFTG	GDILRRNTIG	EFVSLQVNIN	SPITQRYRLR	FRYASSRDAR	ITVAIGGQIR
600	VDMTLEKTME	IGESLTSRTF	SYTNFSNPFS	FRANPDIIRI	AEELPIRGGE	LYIDKIELIL
649	ADATFEE EYD	LERAQKAVNA	LFTSTNQLGL	KTDVTDYHID	QVSNLVECL	

Número de secuencia (ID): 18

Longitud: 611

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..611

> tipo de molécula, proteína
> organismo, construcción sintética

Residuos:
60 MDNPNINEC IPYNCLSNPE VEVLGGERIE TGYTPIDISL SLTQFLLSEF VPGAGFVLGL
120 VDIIWGIFGP SQWDAFLVQI EQLINQRIEE FARNQAISRL EGLSNLYQIY AESFREWEAD
180 PTNPALREEM RIQFNDMNSA LTTAIPLFAV QNYQVPLLSV YVQAANLHLS VLRDVSFVGQ
240 RWGFDAATIN SRYNDLTRLI GNYTDHAVRW YNTGLERVWG PDSRDWIRYN QFRRELTTLTV
300 LDIVSLFPNY DSRTYPIRTS SQLTREVYTD PVINITDYRV GPSFENIENS AIRSPHLMDF
360 LNNLTIDTDL IRGVHYWAGH RVTSHFTGSS QVITTPQYGI TANAEPRTI APSTFPGLNL
420 FYRTLSPFF RRSENITPTL GINVVQGVGF IQPNNAEVLY RSRGTVDLSN ELPIDGENSL
480 VGYSHRLSHV TLTRSLYNTN ITSLPTFVWT HHSANNIIPS SQITQIPLTK STNLGSGTSV
540 VKGPGFTGGD ILRRTSPGQI STLRVNITAP LSQRYRVRIR YASTTNLQFH TSIDGRPINQ
600 GNFSATMSSG SNLQSGSFRT VGFTTPFNFS NGSSVFTLSA HVFNSGNEVY IDRIEFVPAE
611 VTFEAEYDLE R

Número de secuencia (ID): 19

Longitud: 648

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..648

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:
60 MEIVNNQNC VPYNCLNNPE NEILDIERSN STVATNIALE ISRLASATP IGGILLGLFD
120 AIWGSIGPSQ WDLFLEQIEL LIDQKIEEFA RNQAISRLG ISSLYGIYTE AFREWEADPT
180 NPALKEEMRT QFNDMNSILV TAIPLFVSVQ YQVPFLSVYV QAANLHLSVL RDVSVFGQAW
240 GFDIATINSR YNDLTRLIPI YTDYAVRWYN TGLDRLPRTG GLRNWARFNQ FRRELTISVL
300 DIISFFRNYD SRLYIPTSS QLTREVYTDV VINITDYRVG PSFENIENSA IRSPHLMDFL
360 NNLITIDTDLI RGVHYWAGHR VTSHFTGSSQ VITTPQYGIT ANAEPRTIA PSTFPGLNLF
420 YRTLSPFFR RSENITPTLG INVVQGVGFI QPNNAEVLYR SRGTVDLSNE LPIDGENSLV
480 GYSHRLSHVT LTRSLYNTNI TSLPTFVWTH HSARTNTIGP NRITQIPLVK ALNLHSGVTG
VRGPGFTGGD ILRRTNTGTF GDIRLNINVP LSQRYRVRIR YASTTDLQFF TRINGTTVNI

540 GNFSRTMNRG DNLEYRSFRT AGFSTPFNFL NAQSTFTLGA QSFSNQEVYI DRVEFVPAEV
600 TFEAEYDLER AQKAVNALFT STNPRRLKTD VTDYHIDQVS NMVACLSD
648

Número de secuencia (ID): 20

Longitud: 665

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..665
 - > tipo de molécula, proteína
 - > organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MEIVNNQNCQ VPYNCLNNPE NEILDIERSN STVATNIALE ISRLLASATP IGGILLGLFD
120 AIWGSIGPSQ WDLFLEQIEL LIDQKIEEFA RNQAISRLEG ISSLYGIYTE AFREWEADPT
180 NPALKEEMRT QFNDMNSILV TAIPLFSVQN YQVPFLSVYV QAANLHLSVL RDVSVFGQAW
240 GFDIATINSR YNDLTRLIPI YTDYAVRWYN TGLDRLPRTG GLRNWARFNQ FRRELTISVL
300 DIISFFRNYD SRLYPIPTSA QLTREIYTDP IGRTNAPSGF ASTNWFNNNA PSFSAIEAAI
360 IRPPHLLDFP EQLTIYSASS RWSSTQHMIY WVGHRNLNFRP IGGTLNTSTQ GLTNNTSINP
420 VTLQFTSRDV YRTESYAGTN ILFTTPVNGV PWARFNFINP QNIYERGTTT YSQPYQGVGI
480 QLFDSETELP PETTERPNYE SYSHRLSHIG LIIGNTLRAP VYSWTHRSAD TNTNTINPDI
540 ITQIPLVKGF RLGGGTSVIK GPGFTGGDIL RRNTIGEFVS LQVNINSPIIT QRYRLRFRIA
600 SSRDARITVA IGGQIRVDMT LEKTMEIGES LTSRTFSYTN FSNPFSFRAN PDIIRIAEEL
660 PIRGGELYID KIELILADAT FEEEDYDLERA QKAVNALFTS TNQLGLKTDV TDYHIDQVSN
665 LVECL

Número de secuencia (ID): 21

Longitud: 665

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..665
 - > tipo de molécula, proteína
 - > organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MEIVNNQNCQ VPYNCLNNPE NEILDIERSN STVATNIALE ISRLLASATP IGGILLGLFD
120 AIWGSIGPSQ WDLFLEQIEL LIDQKIEEFA RNQAISRLEG ISSLYGIYTE AFREWEADPT
NPALKEEMRT QFNDMNSILV TAIPLFSVQN YQVPFLSVYV QAANLHLSVL RDVSVFGQAW

180 GFDIATINSR YNDLTRLIPI YTDYAVRWYN TGLDRLPRTG GLRNWARFNQ FRRELTISVL
240 DIISFFRNYD SRLYPIPTSA QLTREIYTDI IGRTNAPSGF ASTNWFNNNA PSFSAIEAAI
300 IRPPHLLDFP EQLTIYSASS RWSSTQHMIY WVGHRNLNFRP IGGTLNTSTQ GLTNNTSINP
360 VTLQFTSRDV YRTESYAGTN ILFTTPVNGV PWARFNFINP QNIYERGTTT YSQPYQGVGI
420 QLFDSSETLP PETTERPNYE SYSHRLSHIG LIIGNTLRAP VYSWTHRSAD RTNTIGPNRI
480 TQIPLVKALN LHSGVTGVRG PGFTGGDILR RTNTGTFGDI RLNINVPLSQ RYRVRIRYAS
540 TTDLQFFTRI NGTTVNIGNF SRTMNRGDNL EYRSFRTAGF STPFNFLNAQ STFTLGAQSF
600 SNQEVYIDRV EFVPAEVTFE AEYDLERAQK AVNALFTSTN PRRLKTDVTD YHIDQVSNMV
660
665 ACLSD

Número de secuencia (ID): 22

Longitud: 673

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..673

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60 MTSNRKNENE IINALSIPTV SNPSTQMNLSDARIEDSLC VAEVNNIDPF VSASTVQTGI
120 NIAGRILGVL GVPFAGQLAS FYSFLVGELW PSGRDPWEIF LEHVEQLIRQ QVTENTRNTA
180 IARLEGLGRG YRSYQQALET WLDNRNDARS RSIILERYVA LELDITTAIP LFRIRNQEVP
240 LLMVYAQAAN LHLLLLRDAS LFGSEWGMAS SDVNQYYQEQ IRYTEEYSNH CVQWYNTGLN
300 NLRGTNAESW LRYNQFRRDL TLGVLDLVAL FPSYDTRTYP INTSSQLTRE VYTDVPINIT
360 DYRVGPSFEN IENSAIRSPH LMDFLNNLTI DTDLIRGVHY WAGHRVTSHF TGSSQVITTP
420 QYGITANAEP RRTIAPSTFP GLNLFYRTLS NPFFRRSENI TPTLGINVQ GVGFIQPNNA
480 EVLYRSRGTV DSLNELPIDG ENSLVGYSHR LSHVTLTRSL YNTNITSLPT FVWTHHSATN
540 TNTINPDIIT QIPLVKGFRL GGGTSVIKGP GFTGGDILRR NTIGEFVSLQ VNINSPIQTR
600 YRLRFRYASS RDARITVAIG GQIRVDMTLE KTMEIGESLT SRTFSYTNFS NPFSFRANPD
660 IIRIAEELPI RGGELYIDKI ELILADATFE EEYDLERAQK AVNALFTSTN QLGLKTDVTD
673 YHIDQVSNLV ECL

Número de secuencia (ID): 23

Longitud: 673

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..673

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MTSNRKNENE	IINALSIPTV	SNPSTQMMLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTSSQLTRE	VYTDPVINIT
360	DYRVGPSFEN	IENSAIRSPH	LMDFLNNLTI	DTDILIRGVHY	WAGHRVTSHF	TGSSQVITTP
420	QYGITANAEP	RRTIAPSTFP	GLNLFYRTLS	NPFFRRSENI	TPTLGINVVQ	GVGFIQPNNNA
480	EVLYRSRGTV	DSLNELPIDG	ENSLVGYSHR	LSHVTLTRSL	YNTNITSLPT	FVWTHHSART
540	NTIGPNRITQ	IPLVKALNLH	SGVTGVRGPG	FTGGDILRRT	NTGTFGDIRL	NINVPLSQRY
600	RVRIRYASTT	DLQFFTRING	TTVNIGNFSR	TMNRGDNLEY	RSFRTAGFST	PFNFLNAQST
660	FTLGAQSFSN	QEVYIDRVEF	VPAEVTFEAE	YDLERAQKAV	NALFTSTNPR	RLKTDVTDYH
673	IDQVSNMVAC	LSD				

Número de secuencia (ID): 24

Longitud: 690

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..690

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MTSNRKNENE	IINALSIPTV	SNPSTQMMLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTSAQLTRE	IYTDPIGRTN
360	APSGFASTNW	FNNNAPSFS	IEAAIIRPPH	LLDFPEQLTI	YSASSRWSST	QHMIYWVGHR

420	LNFRPIGGTL	NTSTQGLTNN	TSINPVTLQF	TSRDVYRTES	YAGTNILFTT	PVNGVPWARF
480	NFINPQNIYE	RGTTTYSQPY	QGVGIQLFDS	ETELPPETTE	RPNYESYSHR	LSHIGLIIGN
540	TLRAPVYSWT	HRSADTNTNT	INPDIITQIP	LVKGFRLGGG	TSVIKGPFT	GGDILRRNTI
600	GEFVSLQVNI	NSPITQRYRL	RFYASSRDA	RITVAIGGQI	RVDMTLEKTM	EIGESLTSRT
660	FSYTNFSNPF	SFRANPDIIR	IAEELPIRGG	ELYIDKIELI	LADATFEEY	DLERAQKAVN
690	ALFTSTNQLG	LKTDVTDYHI	DQVSNLVECL			

Número de secuencia (ID): 25

Longitud: 613

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..613

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	QLTREVYTD	LINFNPQLQS	VAQLPTFNVM	ESSAIRNPHL
360	FDILNNLTIF	TDWFSVGRNF	YWGGHRVISS	LIGGGNITSP	IYGREANQEP	PRSFTFNGPV
420	FRTLSNPTLR	LLQQPWPAPP	FNLRGVEGVE	FSTPTNSFTY	RGRGTVDSL	ELPPEDNSVP
480	PREGYSHRLC	HATFVQRS	PFLTGGVFS	WTHRSANNII	PSSQITQIPL	TKSTNLGSGT
540	SVVKGPFTG	GDILRRTSPG	QISTLRVNIT	APLSQRYRVR	IRYASTTNLQ	FHTSIDGRPI
600	NQGNFSATMS	SGSNLQSGSF	RTVGFTTPFN	FSNGSSVFTL	SAHVFNSGNE	VYIDRIEFVP
613	AEVTFEAEYD	LER				

Número de secuencia (ID): 26

Longitud: 672

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..672

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
------------	------------	------------	------------	------------	------------

```

60      DFWWGIVGPS  QWDAFLVQIE  QLINERIAEF  ARNAAIANLE  GLGNNFNIYV  EAFKEWEEDP
120     NNPATRTRVI  DRFRILDGLL  ERDIPSFRIS  GFEVPLLSVY  AQAANLHLAI  LRDSVIFGER
180     WGLTTINVNE  NYNRLIRHID  EYADHCANTY  NRGLNNLPKS  TYQDWITYNR  LRRDLTLTVL
240     DIAAFFPNYD  NRRYPPIQPVG  TVSQLTREIY  TNPVLENFDG  SFRGSAQGIE  GSIRSPHLM
300     ILNSITIYTD  AHRGEYYWSG  HQIMASPVGF  SGPEFTFPLY  GTMGNAAPQQ  RIVAQLGQGV
360     YRTLSTLYR   RPFNIGINNQ  QLSVLDGTEF  AYGTSNLPS  AVYRKSGTVD  SLDEIPPQNN
420     NVPPRQGFSH  RLSHVSMFRS  GFSNSSVSII  RAPMFSWIHR  SAEFTLTNTI  DPERINQIPL
480     VKGFRVWGGT  SVITGPGFTG  GDILRRNTFG  DFVSLQVNIN  SPITQRYRLR  FRYASSRDAR
540     VIVLTGAAST  GVGQVSVNM   PLQKTMEIGE  NLTSRTFRYT  DFSNPF SFRA  NPDIIGISEQ
600     PLFGAGSISS  GELYIDKIEI  ILADATFEAE  SDLERAQKAV  NALFTSSNQI  GLKTDVTDYH
660     IDQVSNLVDC  LS
672

```

Número de secuencia (ID): 27

Longitud: 621

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..621

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

```

60      MEENNQNQCI  PYNCLSNPEE  VLLDGERIST  GNSSIDISLS  LVQFLVSNFV  PGGGFLVGLI
120     DFWWGIVGPS  QWDAFLVQIE  QLINERIAEF  ARNAAIANLE  GLGNNFNIYV  EAFKEWEEDP
180     NNPATRTRVI  DRFRILDGLL  ERDIPSFRIS  GFEVPLLSVY  AQAANLHLAI  LRDSVIFGER
240     WGLTTINVNE  NYNRLIRHID  EYADHCANTY  NRGLNNLPKS  TYQDWITYNR  LRRDLTLTVL
300     DIAAFFPNYD  NRRYPPIQPVG  TVSQLTREIY  TNPVLENFDG  SFRGSAQGIE  GSIRSPHLM
360     ILNSITIYTD  AHRGEYYWSG  HQIMASPVGF  SGPEFTFPLY  GTMGNAAPQQ  RIVAQLGQGV
420     YRTLSTLYR   RPFNIGINNQ  QLSVLDGTEF  AYGTSNLPS  AVYRKSGTVD  SLDEIPPQNN
480     NVPPRQGFSH  RLSHVSMFRS  GFSNSSVSII  RAPMFSWIHR  SAEFNNIIPS  SQITQIPLTK
540     STNLGSGTSV  VKGPGFTGGD  ILRRTSPGQI  STLRVNITAP  LSQRYRVRIR  YASTTNLQFH
600     TSIDGRPINQ  GNFSATMSSG  SNLQSGSFRT  VGFTTPFNFS  NGSSVFTLSA  HVFNSGNEVY
      IDRIEFVPAE  VTFEAEYDLE  R

```

Número de secuencia (ID): 28

Longitud: 662

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..662

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
60	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
120	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
180	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLTV
240	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRQL	TREVYTDPLI	NFNPQLQSVA	QLPTFNMES	SAIRNPHLFD
300	ILNNLTIFTD	WFSVGRNFYW	GGHRVISSLI	GGGNITSPIY	GREANQEPPR	SFTFNGPVFR
360	TLSNPTLRLL	QQPWPAPPFN	LRGVEGVEFS	TPTNSFTYRG	RGTVDLSLTEL	PPEDNSVPPR
420	EGYSHRLCHA	TFVQRSCTPF	LTTGVVFSWT	HRSATLTNTI	DPERINQIPL	VKGFRVWGGT
480	SVITGPGFTG	GDILRRNTFG	DFVSLQVNIN	SPITQRYRLR	FRYASSRDAR	VIVLTGAAST
540	GVGGQVSVNM	PLQKTMEIGE	NLTSRTFRYT	DFSNPFSFRA	NPDIIGISEQ	PLFGAGSISS
600	GELYIDKIEI	ILADATFEAE	SDLERAQKAV	NALFTSSNQi	GLKTDVTDYH	IDQVSNLVDC
660	LS					
662						

Número de secuencia (ID): 29

Longitud: 611

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..611

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
60	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
120	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
180	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLTV
240	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRQL	TREVYTDPLI	NFNPQLQSVA	QLPTFNMES	SAIRNPHLFD
300						

360	ILNNLTIFTD	WFSVGRNFYW	GGHRVISSLI	GGGNITSPIY	GREANQEPPR	SFTFNGPVFR
420	TLSNPTLRLL	QQPWPAPPFN	LRGVEGVEFS	TPTNSFTYRG	RGTVDSDLTEL	PPEDNSVPPR
480	EGYSHRLCHA	TFVQRSCTPF	LTTGVVFSWT	HRSANNIIPS	SQITQIPLTK	STNLGSGTSV
540	VKGPFGTTGGD	ILRRTSPGQI	STLRVNITAP	LSQRYRVRIR	YASTTNLQFH	TSIDGRPINQ
600	GNFSATMSSG	SNLQSGSFRT	VGFTTPFNFS	NGSSVFTLSA	HVFNSGNEVY	IDRIEFVPAE
611	VTFEAEYDLE	R				

Número de secuencia (ID): 30

Longitud: 670

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..670

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLV
300	LDIVSLFPNY	DSRTYPIRTV	SQLTREIYTN	PVLENFDGSF	RGSAQGIEGS	IRSPHLMNIL
360	NSITIYTDAH	RGEYYWSGHQ	IMASPVGFSG	PEFTFPLYGT	MGNAAPQQRI	VAQLGQGVYR
420	TLSSTLYRRP	FNIGINNQQL	SVLDGTEFAY	GTSSNLPSAV	YRKSGTVDSL	DEIPPQNNNV
480	PPRQGFSHRL	SHVSMFRSGF	SNSSVSIIRA	PMFSWIHRSA	EFTLTNTIDP	ERINQIPLVK
540	GFRVWGGTSV	ITGPGFTGGD	ILRRNTFGDF	VSLQVNINSP	ITQRYRLRFR	YASSRDARVI
600	VLTGAASTGV	GGQVSVNMPL	QKTMEIGENL	TSRTFRYTDF	SNPFSFRANP	DIIGISEQPL
660	FGAGSISSGE	LYIDKIEIIL	ADATFEAESD	LERAQKAVNA	LFTSSNQIGL	KTDVTDYHID
670	QVSNLVDCLS					

Número de secuencia (ID): 31

Longitud: 639

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..639

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MKNNIQNQCV	PYNCLSNPEV	EILSEERSTG	RLPLDISLSL	TRFLLSEFVP	GVGVAFGFLD
120	LIWGFITPSE	WSLFLLQIEQ	LIEQRIETLE	RNRAITTLRG	LADSYEVYLE	ALREWEENPN
180	NAQLREDVRI	RFANTDDALI	TAINNFTLTS	FEIPLLSVYV	QAANLHLSLL	RDAVSFGQGW
240	GLDIATVNNH	YNRLINLIHR	YTEHCCLDTYN	QGLLENLRGTN	TRQWSRFNQF	RRELTTLTVLD
300	IVALFPNYDA	RAYPIQTATQ	LSREVVLDLP	FINENLSPAA	SYPTFSAAES	AIIRSPHLVD
360	FLNNFTIYTD	SLASYAYWGG	HRVRSFRTGT	TTNLIQSPLY	GREGNTERPV	TIWASSSVPI
420	FRTLSYVTGL	NNRNPVAGIE	GVEFQD TTGR	SIYRKSGPID	SFSELPPQDA	NISPTIGYSH
480	RLCHATFLER	ISGPRIAGVV	FSWTHRSASP	TNEVSPSRIT	QIPWVKANTL	ASGASVIKGP
540	GFTGGDILTR	NSMGDLGSLR	VTFTGRLPQS	YYIRFRYASV	ANRSGSFRYS	QPPSYGISFP
600	KTMDAGEPLT	SRSFALTTLF	TPITFSRAQE	EFDLYIQTGV	YIDRIEFIPV	TATLEAEYDL
639	ERAQEAVNAL	FTSSNQLGLK	TDVTDYHIDQ	VSNLVDCLS		

Número de secuencia (ID): 32

Longitud: 644

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..644

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEINNQNQCVC	PYNCLSNPKE	IILGEERLET	GNTVADISLG	LINFLYSNFV	PGGGFIVGLL
120	ELIWGFIGPS	QWDIFLAQIE	QLISQRIEEF	ARNQAISRLE	GLSNLYKVYA	RAFSDWEEDP
180	TNPALREEMR	IQFNDMNSAL	ITAIPLFRVQ	NYEVALLSVY	VQAANLHLSI	LRDISVFGER
240	WGYDTATINN	RYSDLTSLIH	VYTNHCVD TY	NQGLKLLEGR	FLSDWIVYNR	FRRQLTISVL
300	DIVAFFPNYD	IRAYPIQTAT	QLSREVVLDL	PFINENLSPA	ASYPTFSAAE	SAIIRSPHLV
360	DFLNNFTIYT	DSLASYAYWG	GHRVRSFRTG	TTTNLIQSPL	YGREGNTERP	VTIWASSSVV
420	IFRTLSYVTG	LNNRNPVAGI	EGVEFQD TTG	RSIYRKSGPI	DSFSELPPQD	ANISPTIGYS
480	HRLCHATFLE	RISGPRIAGV	VFSWTHRSAS	PTNEVSPSRI	TQIPAVKAHN	LHSGSTVVRG
540	PGFTGGDLLR	RTNTGTFADI	RVNITGPLSQ	RYRVRIRYAS	TTDLQFFTRI	NGTSVNQGNF
600	QRTMNRGGNL	ESGNFRTAGF	STPFSSNAQ	STFTLTGTQAF	SNQEVYIDRI	EFVPAEVTFE
	AESDLERAQK	AVNALFTSTS	QLGLKTNVTG	YHIDQVSNLV	ACLS	

Número de secuencia (ID): 33

Longitud: 645

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..645

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEINNQNQCV	PYNCLSNPKE	IILGEERLET	GNTVADISLG	LINFLYSNFV	PGGGFIVGLL
120	ELIWGFIGPS	QWDIFLAQIE	QLISQRIEEF	ARNQAISRLE	GLSNLYKVYA	RAFSDWEEDP
180	TNPALREEMR	IQFNDMNSAL	ITAIPLFRVQ	NYEVALLSVY	VQAANLHLSI	LRDISVFGER
240	WGYDTATINN	RYSDLTSLIH	VYTNHCVDY	NQGLKLLEGR	FLSDWIVYNR	FRRQLTISVL
300	DIVAFFPNYD	IRAYPIQTSS	QLTREIYTSS	VIEDSPVSAN	IPNGFNRAEF	GVRPPHLMDF
360	MNSLFVTAET	VRSQTVWGGH	LVSSRNAGN	PINFPIYGIF	NPGGAIWIAD	EDPRPFYRTL
420	SDPVFVRGGF	GNPHYVLGLR	GVAFQQGTGN	HTRTFRNSGT	IDSLDEIPPQ	DNSGAPWNDY
480	SHVLNHVTFV	RWPGEIAGSD	SWRAPMFSWT	HRSADRTNII	NPNIITQIPW	VKANTLASGA
540	SVIKGPFTG	GDILTRNSMG	DLGSLRVFTT	GRLPQSYVIR	FRYASVANRS	GSFRYSQPPS
600	YGISFPKTM	AGEPLTSRSF	ALTTLFTPIT	FSRAQEEFDL	YIQTGVYIDR	IEFIPVTATL
645	EAEYDLERAQ	EAVNALFTSS	NQLGLKTDVT	DYHIDQVSNL	VDCLS	

Número de secuencia (ID): 34

Longitud: 649

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..649

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEINNQNQCV	PYNCLSNPKE	IILGEERLET	GNTVADISLG	LINFLYSNFV	PGGGFIVGLL
120	ELIWGFIGPS	QWDIFLAQIE	QLISQRIEEF	ARNQAISRLE	GLSNLYKVYA	RAFSDWEEDP
180	TNPALREEMR	IQFNDMNSAL	ITAIPLFRVQ	NYEVALLSVY	VQAANLHLSI	LRDISVFGER
240	WGYDTATINN	RYSDLTSLIH	VYTNHCVDY	NQGLKLLEGR	FLSDWIVYNR	FRRQLTISVL
300	DIVAFFPNYD	IRAYPIQTSS	QLTREIYTSS	VIEDSPVSAN	IPNGFNRAEF	GVRPPHLMDF
360	MNSLFVTAET	VRSQTVWGGH	LVSSRNAGN	PINFPIYGIF	NPGGAIWIAD	EDPRPFYRTL

420	SDPVFVRGGF	GNPHYVLGLR	GVAFQQTGTN	HTRTFRNSGT	IDSLDEIPPQ	DNSGAPWNDY
480	SHVLNHVTFV	RWPGEIAGSD	SWRAPMFSWT	HRSADRTNII	NPNIITQIPA	VKAHNLHSGS
540	TVVRGPGFTG	GDLLRRTNTG	TFADIRVNIT	GPLSQRYRVR	IRYASTTDLQ	FFTRINGTSV
600	NQGNFQRTMN	RGGNLESGNF	RTAGFSTPFS	FSNAQSTFTL	GTQAFSNQEV	YIDRIEFVPA
649	EVTFEAESDL	ERAQKAVNAL	FTSTS QLGLK	TNVTGYHIDQ	VSNLVACLS	

Número de secuencia (ID): 35

Longitud: 643

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..643

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MKNNIQNQC	CV	PYNCLSNPEV	EILSEERSTG	RLPLDISLSL	TRFLLSEFVP	GVGVAFGLFD
120	LIWGFITPSE	WSLFLLQIEQ	LIEQRIETLE	RNRAITTLRG	LADSYEVYLE	ALREWEENPN	
180	NAQLREDVRI	RFANTDDALI	TAINNFTLTS	FEIPLLSVYV	QAANLHLSLL	RDAVSFGQGW	
240	GLDIATVNNH	YNRLINLIHR	YTEHCLDTYN	QGLENLRGTN	TRQWSRFNQF	RRELTTLTVLD	
300	IVALFPNYDA	RAYPIQTATQ	LSREYVLDLP	FINENLSPAA	SYPTFSAAES	AIIRSPHLVD	
360	FLNNFTIYTD	SLASYAYWGG	HRVRSFRTGT	TTNLIQSPLY	GREGNTERPV	TIWASSSVPI	
420	FRTLSYVTGL	NNRNPVAGIE	GVEFQDTTGR	SIYRKSGPID	SFSELPPQDA	NISPTIGYSH	
480	RLCHATFLER	ISGPRIAGVV	FSWTHRSASP	TNEVSPSRIT	QIPAVKAHNL	HSGSTVVRGP	
540	GFTGGDLLRR	TNTGTFADIR	VNITGPLSQR	YRVIRIRYAST	TDLQFFTRIN	GTSVNQGNFQ	
600	RTMNRGGNLE	SGNFRTAGFS	TPFSFSNAQS	TFTLGTQAFS	NQEVYIDRIE	FVPAEVTFEA	
643	ESDLERAQKA	VNALFTSTSQ	LGLKTNVTGY	HIDQVSNLVA	CLS		

Número de secuencia (ID): 36

Longitud: 644

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..644

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MKNNIQNQC	CV	PYNCLSNPEV	EILSEERSTG	RLPLDISLSL	TRFLLSEFVP	GVGVAFGLFD
	LIWGFITPSE	WSLFLLQIEQ	LIEQRIETLE	RNRAITTLRG	LADSYEVYLE	ALREWEENPN	

120	NAQLREDVRI	RFANTDDALI	TAINNFTLTS	FEIPLLSVYV	QAANLHLSLL	RDVSVFGQGW
180	GLDIATVNNH	YNRLINLIHR	YTEHCLDTYN	QGLLENLRGTN	TRQWSRFNQF	RRELTTLTVLD
240	IVALFPNYDA	RAYPIQTSSQ	LTREIYTSSV	IEDSPVSANI	PNGFNRAEFG	VRPPHLMDFM
300	NSLFVTAETV	RSQTVWGGHL	VSSRNTAGNP	INFPIYGIFN	PGGAIWIADE	DPRPFYRTLS
360	DPVFVRGGFG	NPHYVLGLRG	VAFQQTGTH	TRTFRNSGTI	DSLDEIPPQD	NSGAPWWDYS
420	HVLNHVTFVR	WPGEIAGSDS	WRAPMFSWTH	RSADRTNIIN	PNIITQIPWV	KANTLASGAS
480	VIKGPFTGG	DILTRNSMGD	LGSLRVFTTG	RLPQSYIIRF	RYASVANRSG	SFRYSQPPSY
540	GISFPKTMDA	GEPLTSRSFA	LTTLFTPITF	SRAQEEDLY	IQTGVYIDRI	EFIPVTATLE
600	AEYDLERAQE	AVNALFTSSN	QLGLKTDVTD	YHIDQVSNLV	DCLS	
644						

Número de secuencia (ID): 37

Longitud: 661

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..661

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEIVNNQNC	VPYNCLNNPE	NEILDIERSN	STVATNIALE	ISRLASATP	IGGILLGLFD
120	AIWGSIGPSQ	WDLFLEQIEL	LIDQKIEEFA	RNQAISRLEG	ISSLYGIYTE	AFREWEADPT
180	NPALKEEMRT	QFNDMNSILV	TAIPLFSVQN	YQVPFLSVYV	QAANLHLSVL	RDVSVFGQAW
240	GFDIATINSR	YNDLTRLIPI	YTDYAVRWYN	TGLDRLPRTG	GLRNWARFNQ	FRRELTISVL
300	DIISFFRNYD	SRLYPIPTSS	QLTREVYTD	VINITDYRVG	PSFENIENSA	IRSPHLMDFL
360	NNLTIDTDLI	RGVHYWAGHR	VTSHFTGSSQ	VITTPQYGIT	ANAEPRTIA	PSTFPGLNLF
420	YRTLSNPFFR	RSENITPTLG	INVVQGVGFI	QPNNAEVLYR	SRGTVDLSNE	LPIDGENSLV
480	GYSHRLSHVT	LTRSLYNTNI	TSLPTFVWTH	HSATLTNTID	PERINQIPLV	KGFRVWGGTS
540	VITGPGFTGG	DILRRNTFGD	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF	RYASSRDARV	IVLTGAASTG
600	VGGQVSVNMP	LQKTMEIGEN	LTSRTFRYTD	FSNPFSFRAN	PDIIGISEQP	LFGAGSISSG
660	ELYIDKIEII	LADATFEAES	DLERAQKAVN	ALFTSSNQIG	LKTDVTDYHI	DQVSNLVDCL
661	S					

Número de secuencia (ID): 38

Longitud: 648

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..648

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEIVNNQNC	VPYNCLNNPE	NEILDIERSN	STVATNIALE	ISRLASATP	IGGILLGLFD
120	AIWGSIGPSQ	WDLFLEQIEL	LIDQKIEEFA	RNQAISRLG	ISSLYGIYTE	AFREWEADPT
180	NPALKEEMRT	QFNDMNSILV	TAIPLFSVQN	YQVPFLSVYV	QAANLHLSVL	RDVSVFGQAW
240	GFDIATINSR	YNDLTRLIPI	YTDYAVRWYN	TGLDRLPRTG	GLRNWARFNQ	FRRELTISVL
300	DIISFFRNYD	SRLYPIPQLT	REVYTDPLIN	FNPLQSVQA	LPTFNVMESS	AIRNPHLFDI
360	LNNLTIFTDW	FSVGRNFYWG	GHRVISSLIG	GGNITSPIYG	REANQEPPRS	FTFNGPVFRT
420	LSNPTLRLLQ	QPWPAPPFNL	RGVEGVEFST	PTNSFTYRGR	GTVDLSLTEL	PEDNSVPPRE
480	GYSHRLCHAT	FVQRSGTPFL	TTGVVFSWTH	RSATNTNTIN	PDIITQIPLV	KGFRLLGGTS
540	VIKGPFGTGG	DILRRNTIGE	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF	RYASSRDARI	TVAIGGQIRV
600	DMTLEKTMEI	GESLTSRTFS	YTNFSNPFSS	RANPDIIRIA	EELPIRGGEL	YIDKIELILA
648	DATFEEEDYL	ERAQKAVNAL	FTSTNQLGLK	TDVTDYHIDQ	VSNLVECL	

Número de secuencia (ID): 39

Longitud: 661

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..661

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEIVNNQNC	VPYNCLNNPE	NEILDIERSN	STVATNIALE	ISRLASATP	IGGILLGLFD
120	AIWGSIGPSQ	WDLFLEQIEL	LIDQKIEEFA	RNQAISRLG	ISSLYGIYTE	AFREWEADPT
180	NPALKEEMRT	QFNDMNSILV	TAIPLFSVQN	YQVPFLSVYV	QAANLHLSVL	RDVSVFGQAW
240	GFDIATINSR	YNDLTRLIPI	YTDYAVRWYN	TGLDRLPRTG	GLRNWARFNQ	FRRELTISVL
300	DIISFFRNYD	SRLYPIPQLT	REVYTDPLIN	FNPLQSVQA	LPTFNVMESS	AIRNPHLFDI
360	LNNLTIFTDW	FSVGRNFYWG	GHRVISSLIG	GGNITSPIYG	REANQEPPRS	FTFNGPVFRT
420	LSNPTLRLLQ	QPWPAPPFNL	RGVEGVEFST	PTNSFTYRGR	GTVDLSLTEL	PEDNSVPPRE

480	GYSHRLCHAT	FVQRSGTPFL	TTGVVFSWTH	RSATLTNTID	PERINQIPLV	KGFRVWGGTS
540	VITGPGFTGG	DILRRNTFGD	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF	RYASSRDARV	IVLTGAASTG
600	VGGQVSVNMP	LQKTMEIGEN	LTSRTFRYTD	FSNPFSFRAN	PDIIGISEQP	LFGAGSISSG
660	ELYIDKIEII	LADATFEAES	DLERAQKAVN	ALFTSSNQIG	LKTDVTDYHI	DQVSNLVDCL
661	S					

Número de secuencia (ID): 40

Longitud: 648

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..648

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNFNFIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIPTSS	QLTREVYTD	VINITDYRVG	PSFENIENSA	IRSPHLMDFL
360	NNLTIDTDLI	RGVHYWAGHR	VTSHFTGSSQ	VITTPQYGIT	ANAEPRTIA	PSTFPGLNLF
420	YRTLSPFFR	RSENITPTLG	INVVQGVGFI	QPNNAEVL	SRGTVDLSNE	LPIDGENSLV
480	GYSHRLSHVT	LTRSLYNTNI	TSLPTFVWTH	HSATNTNTIN	PDIIITQIPLV	KGFRVWGGTS
540	VIKGPFTGG	DILRRNTIGE	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF	RYASSRDARI	TVAIGGQIRV
600	DMTLEKTMEI	GESLTSRTFS	YTNFSNPFSF	RANPDIIRIA	EELPIRGGEL	YIDKIELILA
648	DATFEEYDL	ERAQKAVNAL	FTSTNQLGLK	TDVTDYHIDQ	VSNLVECL	

Número de secuencia (ID): 41

Longitud: 664

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..664

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNFNFIYV	EAFKEWEEDP

120	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
180	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
240	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	TSSQLTREVV	TDPVINITDY	RVGPSFENIE	NSAIRSPHLM
300	DFLNNLTIDT	DLIRGVHYWA	GHRVTSHTFG	SSQVITTPQY	GITANAEP RR	TIAPSTFPGL
360	NLFYRTLSPN	FFRRSENITP	TLGINVVQGV	GFIQPNNAEV	LYRSRGTVDS	LNELPIDGEN
420	SLVGYSHRLS	HVTLTRSLYN	TNITSLPTFV	WTHHSATLTN	TIDPERINQI	PLVKGFRVWG
480	GTSVITGPGF	TGGDILRRNT	FGDFVSLQVN	INSPITQRYR	LRFYASSRD	ARVIVLTGAA
540	STGVGGQVSV	NMPLQKTMEI	GENLTSRTFR	YTDFSNPF SF	RANPDIIGIS	EQPLFGAGSI
600	SSGELYIDKI	EIILADATFE	AESDLERAQK	AVNALFTSSN	QIGLKT DVT D	YHIDQVSNLV
660	DCLS					
664						

Número de secuencia (ID): 42

Longitud: 651

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..651

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	QLTREVVYTD	LINFNPQLQS	VAQLPTFNVM	ESSAIRNPHL
360	FDILNNLTIF	TDWFSVGRNF	YWGGRHVISS	LIGGGNITSP	IYGREANQEP	PRSFTFNGPV
420	FRTLSNP TLR	LLQQPWPAPP	FNLRGVEGVE	FSTPTNSFTY	RGRGTVD SLT	ELPPEDNSVP
480	PREGYSHRLC	HATFVQRSGT	PFLT TG VVFS	WTHRSATNTN	TINPDIITQI	PLVKGFRLGG
540	GTSVIKPGPF	TGGDILRRNT	IGEFVSLQVN	INSPITQRYR	LRFYASSRD	ARITVAIGGQ
600	IRVDMTLEKT	MEIGESLTSR	TFSYTNFSNP	FSFRANPDII	RIAEELPIRG	GELYIDKIEL
651	ILADATFEEE	YDLERAQKAV	NALFTSTNQL	GLKTDVTDYH	IDQVSNLVEC	L

Número de secuencia (ID): 43

Longitud: 701

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..701

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MNSVLNSGRT	TICDAYNVVA	HDPFSFEHKS	LDTIQKEWME	WKRTDHSLYV	APVVGTVSSF
120	LLKKVGSLIG	KRILSELWGI	IFPSGSTNLM	QDILRETEQF	LNQRLNTDTL	ARVNAELIGL
180	QANIREFNQQ	VDNFLNPTQN	PVPLSITSSV	NTMQQLFLNR	LPQFQIQGYQ	LLLLPLFAQA
240	ANMHLSFIRD	VILNADEWGI	SAATLRITYRD	YLRNYTRDYS	NYCINTYQTA	FRGLNTRLHD
300	MLEFRTYMFL	NVFEYVSIWS	LFKYQSLMVS	SGANLYASGS	GPQQTQSFTA	QNWPFYLSLF
360	QVNSNYILSG	ISGTRLSITF	PNIGGLPGST	TTHSLNSARV	NYSGGVSSGL	IGATNLNHNH
420	NCSTVLPPLS	TPFVRSWLD	GTDREGVATS	TNWQTESFQT	TLSLRCGAFS	ARGNSNYFPD
480	YFIRNISGVP	LVIRNEDLTR	PLHYNQIRNI	ESPSGTPGGA	RAYLVSVHNR	KNNIYAANEN
540	GTMHILAPED	YTGTLTNTID	PERINQIPLV	KGFRVWGGTS	VITGPGFTGG	DILRRNTFGD
600	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF	RYASSRDARV	IVLTGAASTG	VGGQVSVNMP	LQKTMEIGEN
660	LTSRTFRYTD	FSNPFSFRAN	PDIIGISEQP	LFGAGSISSG	ELYIDKIEII	LADATFEAES
701	DLERAQKAVN	ALFTSSNQIG	LKTDVTDYHI	DQVSNLVDCL	S	

Número de secuencia (ID): 44

Longitud: 623

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..623

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MNSVLNSGRT	TICDAYNVVA	HDPFSFEHKS	LDTIQKEWME	WKRTDHSLYV	APVVGTVSSF
120	LLKKVGSLIG	KRILSELWGI	IFPSGSTNLM	QDILRETEQF	LNQRLNTDTL	ARVNAELIGL
180	QANIREFNQQ	VDNFLNPTQN	PVPLSITSSV	NTMQQLFLNR	LPQFQIQGYQ	LLLLPLFAQA
240	ANMHLSFIRD	VILNADEWGI	SAATLRITYRD	YLRNYTRDYS	NYCINTYQTA	FRGLNTRLHD
300	MLEFRTYMFL	NVFEYVSIWS	LFKYQSQLTR	EVYTDPLINF	NPQLQSVAQL	PTFNVMESSA
360	IRNPHLFDIL	NNLTIFTDFW	SVGRNFYWGG	HRVISSLIGG	GNITSPIYGR	EANQEPPRSF

420	TFNGPVFRTL	SNPTLRLLQQ	PWPAPPFNLR	GVEGVEFSTP	TNSFTYRGRG	TVDSLTELPP
480	EDNSVPPREG	YSHRLCHATF	VQRSGETPFLT	TGVVFSWTHR	SANIYAANEN	GTMIHLAPED
540	YTGFTISPIH	ATQVNNQTRT	FISEKFGNQG	DSLRFEQSNT	TARYTLRGNG	NSYNLYLRVS
600	SIGNSTIRVT	INGRVYTVSN	VNTTTNNDGV	NDNGARFSDI	NIGNIVASDN	TNVTLDINVT
623	LNSGTPFDLM	NIMFVPTNLP	PLY			

Número de secuencia (ID): 45

Longitud: 670

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..670

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MNSVLNSGRT	TICDAYNVVA	HDPFSFEHKS	LDTIQKEWME	WKRTDHSLYV	APVVGTVSSF
120	LLKKVGSLIG	KRILSELWGI	IFPSGSTNLM	QDILRETEQF	LNQRLNTDTL	ARVNAELIGL
180	QANIREFNQQ	VDNFLNPTQN	PVPLSITSSV	NTMQQLFLNR	LPQFQIQGYQ	LLLLPLFAQA
240	ANMHLSFIRD	VILNADEWGI	SAATLRITYRD	YLRNYTRDYS	NYCINTYQTA	FRGLNTRLHD
300	MLEFRTYMFL	NVFEYVSIWS	LFKYQSQLTR	EVYTDPLINF	NPQLQSVAQL	PTFNVMESSA
360	IRNPHLFDIL	NNLTIFTDF	SVGRNFYWGG	HRVISSLIGG	GNITSPIYGR	EANQEPPRSF
420	TFNGPVFRTL	SNPTLRLLQQ	PWPAPPFNLR	GVEGVEFSTP	TNSFTYRGRG	TVDSLTELPP
480	EDNSVPPREG	YSHRLCHATF	VQRSGETPFLT	TGVVFSWTHR	SATLTNTIDP	ERINQIPLVK
540	GFRVWGGTSV	ITGPGFTGGD	ILRRNTFGDF	VSLQVNINSP	ITQRYRLRFR	YASSRDARVI
600	VLTGAASTGV	GGQVSVNMPL	QKTMEIGENL	TSRTFRYTDF	SNPFSFRANP	DIIGISEQPL
660	FGAGSISSGE	LYIDKIEIIL	ADATFEAESD	LERAQKAVNA	LFTSSNQIGL	KTDVTDYHID
670	QVSNLVDCLS					

Número de secuencia (ID): 46

Longitud: 627

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..627

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
------------	------------	------------	------------	------------	------------

```

60      DFWWGIVGPS  QWDAFLVQIE  QLINERIAEF  ARNAAIANLE  GLGNNFNIYV  EAFKEWEEDP
120     NNPATRTRVI  DRFRILDGLL  ERDIPSFRIS  GFEVPLLSVY  AQAANLHLAI  LRDSVIFGER
180     WGLTTINVNE  NYNRLIRHID  EYADHCANTY  NRGLNNLPKS  TYQDWITYNR  LRRDLTLTVL
240     DIAAFFPNYD  NRRYPPIQPVG  LMVSSGANLY  ASGSGPQQTQ  SFTAQNPFL  YSLFQVNSNY
300     ILSGISGTRL  SITFPNIGGL  PGSTTTHSLN  SARVNYSGGV  SSSLIGATNL  NHNFNCSTVL
360     PPLSTPFVRS  WLDSGTDREG  VATSTNWQTE  SFQTTLSLRC  GAFSARGNSN  YFPDYFIRNI
420     SGVPLVIRNE  DLTRPLHYNQ  IRNIESPSGT  PGGARAYLVS  VHNKRNNIYA  ANENGTMHIL
480     APEDYTGFTI  SPIHATQVNN  QTRTFISEKF  GNQGDSLRF  QSNTTARYTL  RGNGNSYNLY
540     LRVSSIGNST  IRVTINGRVY  TVSNVNTTTN  NDGVNDNGAR  FSDINIGNIV  ASDNTNVTLD
600     INVTLNSGTP  FDLNMIMFVP  TNLPPPLY
627

```

Número de secuencia (ID): 47

Longitud: 695

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..695

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

```

60      MEENNQNQCI  PYNCLSNPEE  VLLDGERIST  GNSSIDISLS  LVQFLVSNFV  PGGGFLVGLI
120     DFWWGIVGPS  QWDAFLVQIE  QLINERIAEF  ARNAAIANLE  GLGNNFNIYV  EAFKEWEEDP
180     NNPATRTRVI  DRFRILDGLL  ERDIPSFRIS  GFEVPLLSVY  AQAANLHLAI  LRDSVIFGER
240     WGLTTINVNE  NYNRLIRHID  EYADHCANTY  NRGLNNLPKS  TYQDWITYNR  LRRDLTLTVL
300     DIAAFFPNYD  NRRYPPIQPVG  LMVSSGANLY  ASGSGPQQTQ  SFTAQNPFL  YSLFQVNSNY
360     ILSGISGTRL  SITFPNIGGL  PGSTTTHSLN  SARVNYSGGV  SSSLIGATNL  NHNFNCSTVL
420     PPLSTPFVRS  WLDSGTDREG  VATSTNWQTE  SFQTTLSLRC  GAFSARGNSN  YFPDYFIRNI
480     SGVPLVIRNE  DLTRPLHYNQ  IRNIESPSGT  PGGARAYLVS  VHNKRNNIYA  ANENGTMHIL
540     APEDYTGTLT  NTIDPERINQ  IPLVKGFRVW  GGTSVITGPG  FTGGDILRRN  TFGDFVSLQV
600     NINSPIQRY  RLRFRYASSR  DARVIVLTGA  ASTGVGGQVS  VNMP LQKTME  IGENLTSRTF
660     RYTDFSNPFS  FRANPDIIGI  SEQPLFGAGS  ISSGELYIDK  IEIILADATF  EAESDLERAQ
      KAVNALFTSS  NQIGLKTDVT  DYHIDQVSNL  VDCLS

```

Número de secuencia (ID): 48

Longitud: 596

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..596

> tipo de molécula, proteína

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	MEENNQNQCI	PYNCLSNPEE	VLLDGERIST	GNSSIDISLS	LVQFLVSNFV	PGGGFLVGLI
120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
300	DIAAFFPNYD	NRRYPIQPVG	QLTREVYTD	LINFNPQLQS	VAQLPTFNV	ESSAIRNPHL
360	FDILNNLTIF	TDWFSVGRNF	YWGGHRVISS	LIGGGNITSP	IYGREANQEP	PRSFTFNGPV
420	FRTLSNPTLR	LLQQPWPAPP	FNLRGVEGVE	FSTPTNSFTY	RGRGTVDSL	ELPPEDNSVP
480	PREGYSHRLC	HATFVQRS	PFLTGTGVFS	WTHRSAFTIS	PIHATQVNNQ	TRTFISEKFG
540	NQGDSLRFEQ	SNTTARYTLR	GNGNSYNLYL	RVSSIGNSTI	RVTINGRVYT	VSNVNTTTNN
596	DGVNDNGARF	SDINIGNIVA	SDNTNVTLDI	NVTLNSGTPF	DLMNIMFVPT	NLPPLY

Número de secuencia (ID): 49

Longitud: 1953

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1953

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg

480	gagaggggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcg	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccgggtgggc
840	cagctgacca	gggaggtgta	caccgacccg	ctgatcaact	tcaaccgca	gctgcagtcc
900	gtggcccagc	tgccgacctt	caacgtgatg	gagtcctccg	ccatcaggaa	cccgcacctg
960	ttcgacatcc	tgaacaacct	gaccatcttc	accgactggg	tctccgtggg	caggaacttc
1020	tactggggcg	gccacagggt	gatctcctcc	ctgatcggcg	gcggcaacat	cacctccccg
1080	atctacggca	gggaggccaa	ccaggagccg	ccgaggtcct	tcaccttcaa	cggcccgggtg
1140	ttcaggaccc	tgtccaaccc	gaccctgagg	ctgctgcagc	agccgtggcc	ggccccgccg
1200	ttcaacctga	ggggcgtgga	gggcgtggag	ttctccaccc	cgaccaactc	cttcacctac
1260	aggggcaggg	gcaccgtgga	ctccctgacc	gagctgccgc	cggaggacaa	ctccgtgccg
1320	ccgagggagg	gctactccca	caggctgtgc	cacgccacct	tcgtgcagag	gtccggcacc
1380	ccgttcctga	ccaccggcgt	ggtgttctcc	tggaccaca	ggtccgccag	gaccaacacc
1440	atcggcccga	acaggatcac	ccagatcccc	ctggtgaagg	ccctgaacct	gcactccggc
1500	gtgaccggcg	tgaggggccc	gggcttcacc	ggcggcgaca	tcctgaggag	gaccaacacc
1560	ggcaccttcg	gcgacatcag	gctgaacatc	aacgtgccgc	tgtcccagag	gtacagggtg
1620	aggatcaggt	acgcctccac	caccgacctg	cagttcttca	ccaggatcaa	cggcaccacc
1680	gtgaacatcg	gcaacttctc	caggaccatg	aacagggggc	acaacctgga	gtacaggtcc
1740	ttcaggaccg	ccggcttctc	caccccgttc	aacttcctga	acgcccagtc	caccttcacc
1800	ctgggcgccc	agtccttctc	caaccaggag	gtgtacatcg	acagggtgga	gttcgtgccg
1860	gccgaggtga	ccttcgaggc	cgagtacgac	ctggagaggg	cccagaaggc	cgtgaacgcc
1920	ctgttcacct	ccaccaaccc	gaggaggctg	aagaccgacg	tgaccgacta	ccacatcgac
1953	cagggtgtcca	acatggtggc	ctgcctgtcc	gac		

Número de secuencia (ID): 50

Longitud: 2043

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2043

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctgggtgcagt	tcctgggtgtc	caacttcgtg	ccgggaggcg	gcttcctggg	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	ggggccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggg	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgctcct	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccata	ctgaggggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggagggt	acccgatcca	gccgggtggg
840	acctccgccc	agctgaccag	ggagatctac	accgaccgga	tcggcaggac	caacgccccg
900	tccggcttcg	cctccaccaa	ctggttcaac	aacaacgccc	cgtccttctc	cgccatcgag
960	gccgccatca	tcaggccgcc	gcacctgctg	gacttcccgg	agcagctgac	catctactcc
1020	gcctcctcca	gggtggtcct	caccagcac	atgatctact	gggtgggcca	caggctgaac
1080	ttcaggccga	tcggcggcac	cctgaacacc	tccaccagg	gcctgaccaa	caacacctcc
1140	atcaacccgg	tgaccctgca	gttacctcc	agggacgtgt	acaggaccga	gtcctacgcc
1200	ggcaccaaca	tcctgttcac	cacccgggtg	aacggcgtgc	cgtgggcccag	gttcaacttc
1260	atcaacccgc	agaacatcta	cgagaggggc	accaccacct	actcccagcc	gtaccagggc
1320	gtgggcatcc	agctgttcga	ctccgagacc	gagctgccgc	cggagaccac	cgagaggccg
	aactacgagt	cctactccca	caggctgtcc	cacatcggcc	tgatcatcgg	caacaccctg

1380	aggggccccgg	tgtactcctg	gacccacagg	tccgccgaca	ccctgaccaa	caccatcgac
1440	ccggagagga	tcaaccagat	cccgtggtg	aagggttca	gggtgtgggg	cggcacctcc
1500	gtgatcaccg	ggccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ggaggaacac	cttcggcgac
1560	ttcgtgtccc	tgcaggtgaa	catcaactcc	ccgatcacc	agaggtacag	gctgaggttc
1620	aggtacgcct	cctccaggga	cgccagggtg	atcgtgctga	ccggcgccgc	ctccaccggc
1680	gtgggcggcc	aggtgtccgt	gaacatgccg	ctgcagaaga	ccatggagat	cggcgagaac
1740	ctgacctcca	ggaccttcag	gtacaccgac	ttctccaacc	cgttctcctt	cagggccaac
1800	ccggacatca	tcggcatctc	cgagcagccg	ctgttcggcg	ccggctccat	ctcctccggc
1860	gagctgtaca	tcgacaagat	cgagatcatc	ctggccgacg	ccaccttcga	ggccgagtcc
1920	gacctggaga	ggggccagaa	ggccgtgaac	gccctgttca	cctcctcaa	ccagatcggc
1980	ctgaagaccg	acgtgaccga	ctaccacatc	gaccaggtgt	ccaacctggt	ggactgcctg
2040	tcc					
2043						

Número de secuencia (ID): 51

Longitud: 2004

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2004

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	ggggccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	ggccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac

600						
	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggcc	tgaacaacct	gccgaagtcc
660						
	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
720						
	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccgggtgggc
780						
	acctccgccc	agctgaccag	ggagatctac	accgaccgga	tcggcaggac	caacgccccg
840						
	tccggcttcg	cctccaccaa	ctggttcaac	aacaacgccc	cgtccttctc	cgccatcgag
900						
	gccgccatca	tcaggccgcc	gcacctgctg	gacttcccgg	agcagctgac	catctactcc
960						
	gcctcctcca	ggtggtcctc	caccacgac	atgatctact	gggtgggcca	caggctgaac
1020						
	ttcaggccga	tcggcggcac	cctgaacacc	tccaccagg	gcctgaccaa	caacacctcc
1080						
	atcaacccgg	tgaccctgca	gttcacctcc	agggacgtgt	acaggaccga	gtcctacgcc
1140						
	ggcaccaaca	tcctgttcac	caccccgggtg	aacggcgtgc	cgtgggcccag	gttcaacttc
1200						
	atcaacccgc	agaacatcta	cgagagggggc	accaccacct	actcccagcc	gtaccagggc
1260						
	gtgggcatcc	agctgttcga	ctccgagacc	gagctgccgc	cggagaccac	cgagaggccg
1320						
	aactacgagt	cctactccca	caggctgtcc	cacatcggcc	tgatcatcgg	caacaccctg
1380						
	agggccccgg	tgtactcctg	gaccacagg	tccgccgaca	ggaccaacac	catcggccccg
1440						
	aacaggatca	cccagatccc	gctggtgaag	gccctgaacc	tgactccgg	cgtgaccggc
1500						
	gtgagggggcc	cgggcttcac	cggcggcgac	atcctgagga	ggaccaacac	cggcaccttc
1560						
	ggcgacatca	ggctgaacat	caacgtgccg	ctgtcccaga	ggtacagggt	gaggatcagg
1620						
	tacgcctcca	ccaccgacct	gcagttcttc	accaggatca	acggcaccac	cgtgaacatc
1680						
	ggcaacttct	ccaggaccat	gaacaggggc	gacaacctgg	agtacaggtc	cttcaggacc
1740						
	gccggcttct	ccacccggtt	caacttcctg	aacgcccagt	ccaccttcac	cctgggcgcc
1800						
	cagtccttct	ccaaccagga	ggtgtacatc	gacaggggtg	agttcgtgcc	ggccgaggtg
1860						
	accttcgagg	ccgagtacga	cctggagagg	gcccagaagg	ccgtgaacgc	cctgttcacc
1920						
	tccaccaacc	cgaggaggct	gaagaccgac	gtgaccgact	accacatcga	ccaggtgtcc
1980						
	aacatggtgg	cctgcctgtc	cgac			
2004						

Número de secuencia (ID): 52

Longitud: 2058

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2058

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgacctg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
300	ttctactcct	tcctgggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccg	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgcca	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
720	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctaccgc
900	atcaaccagc	tgaccaggga	ggtgtacacc	gacccgctga	tcaacttcaa	ccgcagctg
960	cagtccgtgg	cccagctgcc	gaccttcaac	gtgatggagt	cctccgccat	caggaacccg
1020	cacctgttcg	acatcctgaa	caacctgacc	atcttcaccg	actggttctc	cgtgggcagg
1080	aacttctact	ggggcggcca	cagggtgatc	tcctccctga	tcggcggcgg	caacatcacc
1140	tccccgatct	acggcaggga	ggccaaccag	gagccgccga	ggtccttcac	cttcaacggc
1200	ccggtgttca	ggaccctgtc	caacccgacc	ctgaggctgc	tgacgagcc	gtggccggcc
1260	ccgccgttca	acctgagggg	cgtggagggc	gtggagtctc	ccaccccgac	caactccttc
1320	acctacaggg	gcaggggcac	cgtggactcc	ctgaccgagc	tgccgccgga	ggacaactcc
1380	gtgccgccga	gggagggcta	ctcccacagg	ctgtgccacg	ccaccttcgt	gcagaggtcc
1440	ggcaccctgt	tcctgaccac	cggcgtgggtg	ttctcctgga	cccacaggtc	cgccaccctg

1500	accaa	acacca	tcgacccgga	gaggatcaac	cagatcccgc	tggtgaaggg	cttcagggtg
1560	tggggcg	ggca	cctccgtgat	caccggccccg	ggcttcaccg	gcggcgacat	cctgaggagg
1620	aacaccttcg	gcgacttcgt	gtcccctgcag	gtgaacatca	actccccgat	cacccagagg	
1680	tacaggctga	ggttcaggta	cgcctcctcc	agggacgcca	gggtgatcgt	gctgaccggc	
1740	gccgcctcca	ccggcggtggg	cggccagggtg	tccgtgaaca	tgccgctgca	gaagaccatg	
1800	gagatcggcg	agaacctgac	ctccaggacc	ttcagggtaca	ccgacttctc	caacccgttc	
1860	tccttcagggg	ccaacccgga	catcatcggc	atctccgagc	agccgctgtt	cggcgccggc	
1920	tccatctcct	ccggcgagct	gtacatcgac	aagatcgaga	tcacctggc	cgacgccacc	
1980	ttcgaggccg	agtccgacct	ggagagggcc	cagaaggccg	tgaacgccct	gttcacctcc	
2040	tccaaccaga	tcggcctgaa	gaccgacgtg	accgactacc	acatcgacca	ggtgtccaac	
2058	ctggtggact	gcctgtcc					

Número de secuencia (ID): 53

Longitud: 2019

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2019

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccacccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
300	ttctactcct	tcctgggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatccccg	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgcccc	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag

720	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
900	atcaaccagc	tgaccaggga	ggtgtacacc	gacccgctga	tcaacttcaa	cccgcagctg
960	cagtccgtgg	cccagctgcc	gaccttcaac	gtgatggagt	cctccgccat	caggaacccg
1020	cacctgttcg	acatcctgaa	caacctgacc	atcttcaccg	actggttctc	cgtgggcagg
1080	aacttctact	ggggcggcca	cagggtgatc	tcctccctga	tcggcggcgg	caacatcacc
1140	tccccgatct	acggcagggga	ggccaaccag	gagccgccga	ggtccttcac	cttcaacggc
1200	ccggtgttca	ggaccctgtc	caacccgacc	ctgaggctgc	tgacgcagcc	gtggccggcc
1260	ccgccgttca	acctgagggg	cgtggagggc	gtggagttct	ccaccccgac	caactccttc
1320	acctacaggg	gcaggggcac	cgtggactcc	ctgaccgagc	tgccgccgga	ggacaactcc
1380	gtgccgccga	gggagggcta	ctcccacagg	ctgtgccacg	ccaccttcgt	gcagaggtcc
1440	ggcaccctgt	tcctgaccac	cggcgtgggtg	ttctcctgga	cccacaggtc	cgccaggacc
1500	aacaccatcg	gcccgaacag	gatcaccag	atcccgtgg	tgaaggccct	gaacctgcac
1560	tccggcgtga	ccggcgtgag	gggcccgggc	ttcaccggcg	gcgacatcct	gaggaggacc
1620	aacaccggca	ccttcggcga	catcaggctg	aacatcaacg	tgccgctgtc	ccagaggtac
1680	agggtgagga	tcaggtacgc	ctccaccacc	gacctgcagt	tcttcaccag	gatcaacggc
1740	accaccgtga	acatcggcaa	cttctccagg	accatgaaca	ggggcgacaa	cctggagtac
1800	aggtccttca	ggaccgccgg	cttctccacc	ccgttcaact	tcctgaacgc	ccagtccacc
1860	ttcaccctgg	gcgcccagtc	cttctccaac	caggaggtgt	acatcgacag	ggtggagttc
1920	gtgccggccg	aggtgacctt	cgaggccgag	tacgacctgg	agagggccca	gaaggccgtg
1980	aacgccctgt	tcacctccac	caacccgagg	aggctgaaga	ccgacgtgac	cgactaccac
2019	atcgaccagg	tgtccaacat	ggtggcctgc	ctgtccgac		

Número de secuencia (ID): 54

Longitud: 2109

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2109

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
300	ttctactcct	tcctggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccc	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgcccc	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
720	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gaggggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
900	atcaacacct	ccgcccagct	gaccagggag	atctacaccg	acccgatcgg	caggaccaac
960	gccccgtccg	gcttcgcctc	caccaactgg	ttcaacaaca	acgccccgtc	cttctccgcc
1020	atcgaggccg	ccatcatcag	gccgccgcac	ctgctggact	tcccggagca	gctgaccatc
1080	tactccgcct	cctccagggtg	gtcctccacc	cagcacatga	tctactgggt	gggccacagg
1140	ctgaacttca	ggccgatcgg	cggcaccctg	aacacctcca	cccagggcct	gaccaacaac
1200	acctccatca	acccggtgac	cctgcagttc	acctccaggg	acgtgtacag	gaccgagtcc
1260	tacgccggca	ccaacatcct	gttcaccacc	ccggtgaacg	gcgtgccgtg	ggccagggttc
1320	aacttcatca	acccgcagaa	catctacgag	aggggcacca	ccacctactc	ccagccgtac
1380	cagggcggtg	gcatccagct	gttcgactcc	gagaccgagc	tgccgccgga	gaccaccgag
1440	aggccgaact	acgagtccta	ctcccacagg	ctgtcccaca	tcggcctgat	catcggcaac
1500	accctgaggg	ccccggtgta	ctcctggacc	cacaggtccg	ccgacaccct	gaccaacacc
	atcgacccgg	agaggatcaa	ccagatcccc	ctggtgaagg	gcttcagggt	gtggggcggc

1560	acctccgtga	tcaccggccc	gggcttcacc	ggcggcgaca	tcctgaggag	gaacaccttc
1620	ggcgacttcg	tgtccctgca	ggtgaacatc	aactccccga	tcaccagag	gtacaggctg
1680	aggttcaggt	acgcctcctc	cagggacgcc	agggtgatcg	tgctgaccgg	cgccgcctcc
1740	accggcgtgg	gcggccaggt	gtccgtgaac	atgccgctgc	agaagaccat	ggagatcggc
1800	gagaacctga	cctccaggac	cttcaggtac	accgacttct	ccaacccgtt	ctccttcagg
1860	gccaacccgg	acatcatcgg	catctccgag	cagccgctgt	tcggcgccgg	ctccatctcc
1920	tccggcgagc	tgtacatcga	caagatcgag	atcatcctgg	ccgacgccac	cttcgaggcc
1980	gagtccgacc	tggagagggc	ccagaaggcc	gtgaacgccc	tgttcacctc	ctccaaccag
2040	atcggcctga	agaccgacgt	gaccgactac	cacatcgacc	aggtgtccaa	cctggtggac
2100	tgctgtcc					
2109						

Número de secuencia (ID): 55

Longitud: 1971

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1971

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
120	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccc	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgtc	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgct	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgatc
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg

720	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggaccgtg
780	ttccagctga	ccagggagat	ctacaccaac	ccggtgctgg	agaacttcga	cggctccttc
840	aggggctccg	cccagggcat	cgagggctcc	atcaggtccc	cgcacctgat	ggacatcctg
900	aactccatca	ccatctacac	cgacgcccac	aggggcgagt	actactggtc	cggccaccag
960	atcatggcct	ccccggtggg	cttctccggc	ccggagttca	ccttcccgtc	gtacggcacc
1020	atgggcaacg	ccgccccgca	gcagaggatc	gtggcccagc	tgggcccagg	cgtgtacagg
1080	accctgtcct	ccaccctgta	caggaggccg	ttcaacatcg	gcatcaacaa	ccagcagctg
1140	tccgtgctgg	acggcaccga	gttcgcctac	ggcacctcct	ccaacctgcc	gtccgccgtg
1200	tacaggaagt	ccggcaccgt	ggactccctg	gacgagatcc	cgccgcagaa	caacaacgtg
1260	ccgccgaggc	agggcttctc	ccacaggctg	tcccacgtgt	ccatgttcag	gtccggcttc
1320	tccaactcct	ccgtgtccat	catcagggcc	ccgatgttct	cctggatcca	caggtccgcc
1380	gagttcagga	ccaacaccat	cggcccgaac	aggatcaccc	agatcccgtc	ggtgaaggcc
1440	ctgaacctgc	actccggcgt	gaccggcgctg	aggggcccgg	gcttcaccgg	cggcgacatc
1500	ctgaggagga	ccaacaccgg	caccttcggc	gacatcaggc	tgaacatcaa	cgtgccgctg
1560	tcccagaggt	acagggtgag	gatcaggtag	gcctccacca	ccgacctgca	gttcttcacc
1620	aggatcaacg	gcaccaccgt	gaacatcggc	aacttctcca	ggaccatgaa	caggggcgac
1680	aacctggagt	acaggtcctt	caggaccgcc	ggcttctcca	ccccgttcaa	cttcctgaac
1740	gcccagtcca	ccttcaccct	gggcgcccag	tccttctcca	accaggaggt	gtacatcgac
1800	agggtggagt	tcgtgccggc	cgaggtagacc	ttcgaggccg	agtacgacct	ggagagggcc
1860	cagaaggccg	tgaacgccct	gttcacctcc	accaaccga	ggaggctgaa	gaccgacgtg
1920	accgactacc	acatcgacca	ggtgtccaac	atggtggcct	gcctgtccga	c
1971						

Número de secuencia (ID): 56

Longitud: 1998

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1998

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
------------	------------	------------	------------	------------	------------

60	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
120	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
180	gtggacatca	tctggggcat	cttcggccccg	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
240	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
300	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
360	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
420	ctgaccaccg	ccatcccgt	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgt	gctgtccgtg
480	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
540	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
600	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
660	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
720	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggacctcc
780	gcccagctga	ccagggagat	ctacaccgac	ccgatcggca	ggaccaacgc	cccgtccggc
840	ttcgctcca	ccaactgggt	caacaacaac	gccccgtcct	tctccgccat	cgaggccgcc
900	atcatcaggc	cgccgcacct	gctggacttc	ccggagcagc	tgaccatcta	ctccgcctcc
960	tccaggtggg	cctccacca	gcacatgata	tactgggtgg	gccacaggct	gaacttcagg
1020	ccgatcggcg	gcaccctgaa	cacctccacc	cagggcctga	ccaacaacac	ctccatcaac
1080	ccggtgaccc	tgcagttcac	ctccagggac	gtgtacagga	ccgagtccta	cgccggcacc
1140	aacatcctgt	tcaccacccc	ggtgaacggc	gtgccgtggg	ccaggttcaa	cttcatcaac
1200	ccgcagaaca	tctacgagag	gggcaccacc	acctactccc	agccgtacca	gggcgtgggc
1260	atccagctgt	tcgactccga	gaccgagctg	ccgccggaga	ccaccgagag	gccgaactac
1320	gagtcctact	cccacaggct	gtcccacatc	ggcctgatca	tcggcaacac	cctgagggcc
1380	ccggtgtact	cctggacca	caggtccgcc	gacaacaaca	tcatcccgtc	ctcccagata
1440	accagatcc	cgctgaccaa	gtccaccaac	ctgggctccg	gcacctccgt	ggtgaagggc
1500	ccgggcttca	ccggcggcga	catcctgagg	aggacctccc	cgggccagat	ctccaccctg
1560	agggtgaaca	tcaccgcccc	gctgtcccag	aggtacaggg	tgaggatcag	gtacgcctcc
1620						

1680	accaccaacc	tgcagttcca	cacctccatc	gacggcaggc	cgatcaacca	gggcaacttc
1740	tccgccacca	tgtcctccgg	ctccaacctg	cagtccggct	ccttcaggac	cgtgggcttc
1800	accaccccgt	tcaacttctc	caacggctcc	tccgtgttca	ccctgtccgc	ccacgtgttc
1860	aactccggca	acgaggtgta	catcgacagg	atcgagttcg	tgccggccga	ggtgaccttc
1920	gaggccgagt	acgacctgga	gagggcccag	aaggccgtga	acgagctgtt	cacctcctcc
1980	aaccagatcg	gcctgaagac	cgacgtgacc	gactaccaca	tcgaccaggt	gtccaacctg
1998	gtggagtgcc	tgtccgac				

Número de secuencia (ID): 57

Longitud: 1998

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1998

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atccccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
120	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggccccg	tcccagtggg	acgccttcct	ggatgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgt	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgct	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	gggtgtggggc
720	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
780	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggacctcc
840	gcccagctga	ccagggagat	ctacaccgac	ccgatcggca	ggaccaacgc	cccgtccggc
900	ttcgcctcca	ccaactgggt	caacaacaac	gccccgtcct	tctccgccat	cgaggccgcc

960	atcatcaggc	cgccgcacct	gctggacttc	ccggagcagc	tgaccatcta	ctccgcctcc
1020	tccaggtggt	cctccaccca	gcacatgata	tactgggtgg	gccacaggct	gaacttcagg
1080	ccgatcggcg	gcaccctgaa	cacctccacc	cagggcctga	ccaacaacac	ctccatcaac
1140	ccggtgaccc	tgcagttcac	ctccagggac	gtgtacagga	ccgagtccta	cgccggcacc
1200	aacatcctgt	tcaccacccc	ggtgaacggc	gtgccgtggg	ccaggttcaa	cttcatcaac
1260	ccgcagaaca	tctacgagag	gggcaccacc	acctactccc	agccgtacca	gggcgtgggc
1320	atccagctgt	tcgactccga	gaccgagctg	ccgccggaga	ccaccgagag	gccgaactac
1380	gagtcctact	cccacaggct	gtcccacatc	ggcctgatca	tcggcaacac	cctgagggcc
1440	ccggtgtact	cctggaccca	caggtccgcc	gacaggacca	acaccatcgg	cccgaacagg
1500	atcacccaga	tcccgtggt	gaaggccctg	aacctgcact	ccggcgtgac	cggcgtgagg
1560	ggcccgggct	tcaccggcgg	cgacatcctg	aggaggacca	acaccggcac	cttcggcgac
1620	atcaggctga	acatcaacgt	gccgctgtcc	cagaggtaca	gggtgaggat	caggtacgcc
1680	tccaccaccg	acctgcagtt	cttcaccagg	atcaacggca	ccaccgtgaa	catcggcaac
1740	ttctccagga	ccatgaacag	gggcgacaac	ctggagtaca	ggtccttcag	gaccgccggc
1800	ttctccaccc	cgttcaactt	cctgaacgcc	cagtccacct	tcaccctggg	cgcccagtcc
1860	ttctccaacc	aggaggtgta	catcgacagg	gtggagttcg	tgccggccga	ggtgaccttc
1920	gaggccgagt	acgacctgga	gagggcccag	aaggccgtga	acgccctgtt	cacctccacc
1980	aacccgagga	ggctgaagac	cgacgtgacc	gactaccaca	tcgaccaggt	gtccaacatg
1998	gtggcctgcc	tgtccgac				

Número de secuencia (ID): 58

Longitud: 2043

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2043

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc

240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
300	ttctactcct	tcctggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccc	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgcccc	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
720	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
900	atcaacaccg	tgtcccagct	gaccagggag	atctacacca	acccggtgct	ggagaacttc
960	gacggctcct	tcaggggctc	cgcccagggc	atcgagggct	ccatcaggtc	cccgcacctg
1020	atggacatcc	tgaactccat	caccatctac	accgacgccc	acagggggcga	gtactactgg
1080	tccggccacc	agatcatggc	ctccccggtg	ggcttctccg	gcccggagtt	caccttcccg
1140	ctgtacggca	ccatgggcaa	cgccgccccg	cagcagagga	tcgtggccca	gctgggcccag
1200	ggcgtgtaca	ggaccctgtc	ctccaccctg	tacaggaggc	cgttcaacat	cggcatcaac
1260	aaccagcagc	tgtccgtgct	ggacggcacc	gagttcgcct	acggcacctc	ctccaacctg
1320	ccgtccgccg	tgtacaggaa	gtccggcacc	gtggactccc	tggacgagat	cccgccgcag
1380	aacaacaacg	tgccgccgag	gcagggcttc	tcccacaggc	tgtcccacgt	gtccatgttc
1440	aggctccggct	tctccaactc	ctccgtgtcc	atcatcaggg	ccccgatgtt	ctcctggatc
1500	cacagggtccg	ccgagttcaa	caacatcatc	ccgtcctccc	agatcaccca	gatcccgtg
1560	accaagtcca	ccaacctggg	ctccggcacc	tccgtggtga	agggcccggg	cttcaccggc
1620	ggcgacatcc	tgaggaggac	ctccccgggc	cagatctcca	ccctgagggt	gaacatcacc
1680	gccccgctgt	cccagaggta	cagggtgagg	atcaggtacg	cctccaccac	caacctgcag
1740	ttccacacct	ccatcgacgg	caggccgatc	aaccagggca	acttctccgc	caccatgtcc
	tccggctcca	acctgcagtc	cggctccttc	aggaccgtgg	gcttcaccac	cccgttcaac

1800	ttctccaacg	gctcctccgt	gttcaccctg	tccgcccacg	tgttcaactc	cggcaacgag
1860	gtgtacatcg	acaggatcga	gttcgtgccg	gccgaggtga	ccttcgaggc	cgagtacgac
1920	ctggagagggg	cccagaaggc	cgtgaacgag	ctgttcacct	cctccaacca	gatcggcctg
1980	aagaccgacg	tgaccgacta	ccacatcgac	caggtgtcca	acctggtgga	gtgcctgtcc
2040	gac					
2043						

Número de secuencia (ID): 59

Longitud: 2043

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2043

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
300	ttctactcct	tcctggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccaggctc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccc	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgcca	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
720	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctaccgc
900	atcaacaccg	tgtcccagct	gaccagggag	atctacacca	acccggtgct	ggagaacttc
960	gacggctcct	tcaggggctc	cgcccagggc	atcgagggct	ccatcaggtc	cccgcacctg
	atggacatcc	tgaactccat	caccatctac	accgacgccc	acaggggcga	gtactactgg

1020	tccggccacc	agatcatggc	ctccccggtg	ggcttctccg	gcccggagtt	caccttcccg
1080	ctgtacggca	ccatgggcaa	cgccgccccg	cagcagagga	tcgtggccca	gctgggccag
1140	ggcgtgtaca	ggaccctgtc	ctccaccctg	tacaggaggc	cgttcaacat	cggcatcaac
1200	aaccagcagc	tgtccgtgct	ggacggcacc	gagttcgcct	acggcacctc	ctccaacctg
1260	ccgtccgccc	tgtacaggaa	gtccggcacc	gtggactccc	tggacgagat	cccgccgcag
1320	aacaacaacg	tgccgccgag	gcagggcctt	tcccacaggc	tgtcccacgt	gtccatgttc
1380	aggccgggct	tctccaactc	ctccgtgtcc	atcatcaggg	ccccgatgtt	ctcctggatc
1440	cacagggtccg	ccgagttcag	gaccaacacc	atcgccccga	acaggatcac	ccagatcccg
1500	ctggtgaagg	ccctgaacct	gcactccggc	gtgaccggcg	tgaggggccc	gggcttcacc
1560	ggcggcgaca	tcctgaggag	gaccaacacc	ggcaccttcg	gcgacatcag	gctgaacatc
1620	aacgtgccgc	tgtcccagag	gtacagggtg	aggatcaggt	acgcctccac	caccgacctg
1680	cagttcttca	ccaggatcaa	cggcaccacc	gtgaacatcg	gcaacttctc	caggaccatg
1740	aacaggggcg	acaacctgga	gtacagggtc	ttcaggaccg	ccggcttctc	caccccgttc
1800	aacttcctga	acgcccagtc	caccttcacc	ctggggcgccc	agtccttctc	caaccaggag
1860	gtgtacatcg	acagggtgga	gttcgtgccg	gccgagggtga	ccttcgaggc	cgagtacgac
1920	ctggagagggg	cccagaaggc	cgtgaacgcc	ctgttcacct	ccaccaaccc	gaggaggctg
1980	aagaccgacg	tgaccgacta	ccacatcgac	caggtgtcca	acatggtggc	ctgcctgtcc
2040	gac					
2043						

Número de secuencia (ID): 60

Longitud: 2070

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2070

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
	aacatcgccc	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc

240	ttctactcct	tcctggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
300	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
360	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
420	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
480	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccc	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
540	ctgctgatgg	tgtacgccc	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
600	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
660	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
720	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
780	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
840	atcaacacct	ccgcccagct	gaccagggag	atctacaccg	acccgatcgg	caggaccaac
900	gccccgtccg	gcttcgcctc	caccaactgg	ttcaacaaca	acgccccgtc	cttctccgcc
960	atcgaggccg	ccatcatcag	gccgccgcac	ctgctggact	tcccggagca	gctgaccatc
1020	tactccgcct	cctccagggtg	gtcctccacc	cagcacatga	tctactgggt	gggccacagg
1080	ctgaacttca	ggccgatcgg	cggcacctg	aacacctcca	cccagggcct	gaccaacaac
1140	acctccatca	acccggtgac	cctgcagttc	acctccaggg	acgtgtacag	gaccgagtcc
1200	tacgccggca	ccaacatcct	gttcaccacc	ccggtgaacg	gcgtgccgtg	ggccaggttc
1260	aacttcatca	acccgcagaa	catctacgag	aggggcacca	ccacctactc	ccagccgtac
1320	cagggcgtgg	gcatccagct	gttcgactcc	gagaccgagc	tgccgccgga	gaccaccgag
1380	aggccgaact	acgagtccta	ctcccacagg	ctgtcccaca	tcggcctgat	catcggcaac
1440	accctgaggg	ccccggtgta	ctcctggacc	cacaggtccg	ccgacaacaa	catcatcccc
1500	tcctcccaga	tcacccagat	cccgtgacc	aagtccacca	acctgggctc	cggcacctcc
1560	gtggtgaagg	gcccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ggaggacctc	cccgggccag
1620	atctccaccc	tgagggtgaa	catcaccgcc	ccgctgtccc	agaggtacag	ggtgaggatc
1680	aggtacgcct	ccaccaccaa	cctgcagttc	cacacctcca	tcgacggcag	gccgatcaac
1740	cagggcaact	tctccgccac	catgtcctcc	ggctccaacc	tgcagtcagg	ctccttcagg
1800						

1860	accgtgggct	tcaccacccc	gttcaacttc	tccaacggct	cctccgtggt	caccctgtcc
1920	gcccacgtgt	tcaactccgg	caacgaggtg	tacatcgaca	ggatcgagtt	cgtgccggcc
1980	gaggtgacct	tcgaggccga	gtacgacctg	gagagggccc	agaaggccgt	gaacgagctg
2040	ttcacctcct	ccaaccagat	cggcctgaag	accgacgtga	ccgactacca	catcgaccag
2070	gtgtccaacc	tggtggagtg	cctgtccgac			

Número de secuencia (ID): 61

Longitud: 1971

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1971

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
120	gtggaggtgc	tgggctggcg	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgacct	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccc	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgtc	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgct	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
720	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
780	ctggacatcg	tgtccctggt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggaccgtg
840	tcccagctga	ccagggagat	ctacaccaac	ccggtgctgg	agaacttcga	cggctccttc
900	aggggctccg	cccagggcat	cgagggctcc	atcaggtccc	cgcacctgat	ggacatcctg
960	aactccatca	ccatctacac	cgacgcccac	aggggagagt	actactggtc	cggccaccag
1020	atcatggcct	ccccggtggg	cttctccggc	ccggagttca	ccttcccgtc	gtacggcacc

1080	atgggcaacg	ccgccccgca	gcagaggatc	gtggcccagc	tgggccaggg	cgtgtacagg
1140	accctgtcct	ccaccctgta	caggaggccg	ttcaacatcg	gcatcaacaa	ccagcagctg
1200	tccgtgctgg	acggcaccga	gttcgcctac	ggcacctcct	ccaacctgcc	gtccgccgtg
1260	tacaggaagt	ccggcaccgt	ggactccctg	gacgagatcc	cgccgcagaa	caacaacgtg
1320	ccgccgaggc	agggcttctc	ccacaggctg	tcccacgtgt	ccatgttcag	gtccggcttc
1380	tccaactcct	ccgtgtccat	catcagggcc	ccgatgttct	cctggatcca	cagggtccgcc
1440	gagttcacca	acaccaacac	catcaacccg	gacatcatca	cccagatccc	gctgggtgaag
1500	ggcttcaggc	tgggcggcgg	cacctccgtg	atcaagggcc	cgggcttcac	cggcggcgac
1560	atcctgagga	ggaacaccat	cggcgagttc	gtgtccctgc	aggtgaacat	caactccccg
1620	atcacccaga	ggtacaggct	gaggttcagg	tacgcctcct	ccagggacgc	caggatcacc
1680	gtggccatcg	gcggccagat	cagggtggac	atgaccctgg	agaagaccat	ggagatcggc
1740	gagtccctga	cctccaggac	cttctcctac	accaacttct	ccaacccgtt	ctccttcagg
1800	gccaacccgg	acatcatcag	gatcgccgag	gagctgccga	tcaggggcgg	cgagctgtac
1860	atcgacaaga	tcgagctgat	cctggccgac	gccaccttcg	aggaggagta	cgacctggag
1920	agggccccaga	aggccgtgaa	cgccctgttc	acctccacca	accagctggg	cctgaagacc
1971	gacgtgaccg	actaccacat	cgaccagggtg	tccaacctgg	tggagtgctt	g

Número de secuencia (ID): 62

Longitud: 1830

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1830

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caaccggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gcatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagtctgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc

420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gacctcctcc
840	cagctgacca	gggaggtgta	caccgacccg	gtgatcaaca	tcaccgacta	cagggtgggc
900	ccgtccttcg	agaacatcga	gaactccgcc	atcaggtccc	cgcacctgat	ggacttcctg
960	aacaacctga	ccatcgacac	cgacctgatc	aggggcgtgc	actactgggc	cggccacagg
1020	gtgacctccc	acttcaccgg	ctcctcccag	gtgatcacca	ccccgcagta	cggcatcacc
1080	gccaacgccg	agccgaggag	gaccatcgcc	ccgtccacct	tcccgggcct	gaacctgttc
1140	tacaggaccc	tgtccaaccc	gttcttcagg	aggtccgaga	acatcacccc	gaccttgggc
1200	atcaacgtgg	tgcagggcgt	gggcttcatc	cagccgaaca	acgccgaggt	gctgtacagg
1260	tccaggggca	ccgtggactc	cctgaacgag	ctgccgatcg	acggcgagaa	ctccctggtg
1320	ggctactccc	acaggctgtc	ccacgtgacc	ctgaccaggt	ccctgtacaa	caccaacatc
1380	acctccctgc	cgaccttcgt	gtggacccac	cactccgcca	acaacatcat	cccgtcctcc
1440	cagatcaccc	agatccccgt	gaccaagtcc	accaacctgg	gctccggcac	ctccgtggtg
1500	aagggcccg	gcttcaccgg	cggcgacatc	ctgaggagga	cctccccggg	ccagatctcc
1560	accctgaggg	tgaacatcac	cgccccgctg	tcccagaggt	acagggtgag	gatcaggtac
1620	gcctccacca	ccaacctgca	gttccacacc	tccatcgacg	gcaggccgat	caaccagggc
1680	aacttctccg	ccaccatgtc	ctccggctcc	aacctgcagt	ccggctcctt	caggaccgtg
1740	ggcttcacca	ccccgttcaa	cttctccaac	ggctcctccg	tgttcaccct	gtccgccac
1800	gtgttcaact	ccggcaacga	ggtgtacatc	gacaggatcg	agttcgtgcc	ggccgaggtg
1830	accttcgagg	ccgagtacga	cctggagagg			

Número de secuencia (ID): 63
Longitud: 1968

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1968

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caacccggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagttcgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacctgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gaccgtgtcc
840	cagctgacca	gggagatcta	caccaacccg	gtgctggaga	acttcgacgg	ctccttcagg
900	ggctccgccc	agggcatcga	gggctccatc	aggtccccgc	acctgatgga	catcctgaac
960	tccatcacca	tctacaccga	cgcccacagg	ggcgagtact	actgggtccg	ccaccagatc
1020	atggcctccc	cggtgggctt	ctccggcccc	gagttcacct	tcccgtgtga	cggcaccatg
1080	ggcaacgccg	ccccgcagca	gaggatcgtg	gcccagctgg	gccaggggcgt	gtacaggacc
1140	ctgtcctcca	ccctgtacag	gaggccgttc	aacatcggca	tcaacaacca	gcagctgtcc
1200	gtgctggacg	gcaccgagtt	cgcctacggc	acctcctcca	acctgccgtc	cgccgtgtac
1260	aggaagtccg	gcaccgtgga	ctccctggac	gagatccccg	cgcagaacaa	caacgtgccg
1320	ccgaggcagg	gcttctccca	caggctgtcc	cacgtgtcca	tgttcaggtc	cggcttctcc
1380	aactcctccg	tgtccatcat	caggggcccc	atgttctcct	ggatccacag	gtccgccgag
	ttcaccaaca	ccaacaccat	caacccggac	atcatcacc	agatccccgt	ggtgaagggc

1440	ttcaggctgg	gcggcggcac	ctccgtgatc	aagggcccgg	gcttcaccgg	cggcgacatc
1500	ctgaggagga	acaccatcgg	cgagttcgtg	tccctgcagg	tgaacatcaa	ctccccgatc
1560	acccagaggt	acaggctgag	gttcaggtag	gcctcctcca	gggacgccag	gatcaccgtg
1620	gccatcggcg	gccagatcag	ggtggacatg	accctggaga	agaccatgga	gatcggcgag
1680	tccctgacct	ccaggacctt	ctcctacacc	aacttctcca	acccgttctc	cttcagggcc
1740	aacccggaca	tcatcaggat	cgccgaggag	ctgccgatca	ggggcggcga	gctgtacatc
1800	gacaagatcg	agctgatcct	ggccgacgcc	accttcgagg	aggagtacga	cctggagagg
1860	gcccagaagg	ccgtgaacgc	cctgttcacc	tccaccaacc	agctgggcct	gaagaccgac
1920	gtgaccgact	accacatcga	ccagggtgtcc	aacctgggtg	agtgcctg	
1968						

Número de secuencia (ID): 64

Longitud: 1854

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1854

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caacccggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cggcctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagttagcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gaccgtgtcc

780	cagctgacca	gggagatcta	caccaacccg	gtgctggaga	acttcgacgg	ctccttcagg
840	ggctccgccc	agggcatcga	gggctccatc	aggtccccgc	acctgatgga	catcctgaac
900	tccatcacca	tctacaccga	cgcccacagg	ggcgagtact	actgggtccgg	ccaccagatc
960	atggcctccc	cggtgggctt	ctccggcccc	gagttcacct	tcccgtgtga	cggcaccatg
1020	ggcaacgccc	ccccgcagca	gaggatcgtg	gcccagctgg	gccagggcgt	gtacaggacc
1080	ctgtcctcca	ccctgtacag	gaggccgttc	aacatcggca	tcaacaacca	gcagctgtcc
1140	gtgctggacg	gcaccgagtt	cgcctacggc	acctcctcca	acctgccgtc	cgccgtgtac
1200	aggaagtccg	gcaccgtgga	ctccctggac	gagatccccg	cgcagaacaa	caacgtgccg
1260	ccgaggcagg	gcttctccca	caggctgtcc	cacgtgtcca	tgttcagggtc	cggcttctcc
1320	aactcctccg	tgtccatcat	cagggccccg	atgttctcct	ggatccacag	gtccgccgag
1380	ttcaacaaca	tcatcccgtc	ctcccagatc	accagatcc	cgctgaccaa	gtccaccaac
1440	ctgggctccg	gcacctccgt	ggtgaagggc	ccgggcttca	ccggcggcga	catcctgagg
1500	aggacctccc	cgggccagat	ctccaccctg	agggtgaaca	tcaccgcccc	gctgtcccag
1560	aggtacaggg	tgaggatcag	gtacgcctcc	accaccaacc	tgcaattcca	cacctccatc
1620	gacggcaggc	cgatcaacca	gggcaacttc	tccgccacca	tgtcctccgg	ctccaacctg
1680	cagtccggct	ccttcaggac	cgtgggcttc	accaccccgt	tcaacttctc	caacggctcc
1740	tccgtgttca	ccctgtccgc	ccacgtgttc	aactccggca	acgaggtgta	catcgacagg
1800	atcgagttcg	tgccggccga	ggtgaccttc	gaggccgagt	acgacctgga	gagg
1854						

Número de secuencia (ID): 65

Longitud: 1947

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1947

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caaccggag
120	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccc	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc

240						
	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
300						
	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
360						
	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
420						
	ctgaccaccg	ccatcccgt	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgt	gctgtccgtg
480						
	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
540						
	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
600						
	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
660						
	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
720						
	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggacctcc
780						
	tcccagctga	ccagggaggt	gtacaccgac	ccggtgatca	acatcaccga	ctacagggtg
840						
	ggcccgtcct	tcgagaacat	cgagaactcc	gccatcaggt	ccccgcacct	gatggacttc
900						
	ctgaacaacc	tgaccatcga	caccgacctg	atcaggggcg	tgcactactg	ggccggccac
960						
	agggtgacct	cccacttcac	cggctcctcc	caggtgatca	ccaccccgca	gtacggcatc
1020						
	accgccaacg	ccgagccgag	gaggaccatc	gccccgtcca	ccttcccggg	cctgaacctg
1080						
	ttctacagga	ccctgtccaa	cccgttcttc	aggaggtccg	agaacatcac	cccgaccctg
1140						
	ggcatcaacg	tggtgcaggg	cgtgggcttc	atccagccga	acaacgccga	ggtgctgtac
1200						
	aggtccaggg	gcaccgtgga	ctccctgaac	gagctgccga	tcgacggcga	gaactccctg
1260						
	gtgggctact	cccacaggct	gtcccacgtg	accctgacca	ggtccctgta	caacaccaac
1320						
	atcacctccc	tgccgacctt	cgtgtggacc	caccactccg	ccaccaacac	caacaccatc
1380						
	aaccgggaca	tcatcaccca	gatcccgtg	gtgaagggt	tcaggctggg	cggcggcacc
1440						
	tccgtgatca	agggcccggg	cttcaccggc	ggcgacatcc	tgaggaggaa	caccatcggc
1500						
	gagttcgtgt	ccctgcaggt	gaacatcaac	tccccgatca	cccagaggta	caggctgagg
1560						
	ttcaggtagc	cctcctccag	ggacgccagg	atcaccgtgg	ccatcggcgg	ccagatcagg
1620						
	gtggacatga	ccctggagaa	gaccatggag	atcggcgagt	ccctgacctc	caggaccttc
1680						
	tcctacacca	acttctccaa	cccgttctcc	ttcagggccca	acccggacat	catcaggatc
1740						
	gccgaggagc	tgccgatcag	gggcggcgag	ctgtacatcg	acaagatcga	gctgatcctg
1800						

1860	gccgacgcca	ccttcgagga	ggagtacgac	ctggagaggg	cccagaaggc	cgtgaacgcc
1920	ctgttcacct	ccaccaacca	gctgggcctg	aagaccgacg	tgaccgacta	ccacatcgac
1947	caggtgtcca	acctggtgga	gtgcctg			

Número de secuencia (ID): 66

Longitud: 1833

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1833

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
120	gtggagggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccc	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgt	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgct	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
720	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
780	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggacctcc
840	tcccagctga	ccagggaggt	gtacaccgac	ccggtgatca	acatcaccga	ctacagggtg
900	ggcccgtcct	tcgagaacat	cgagaactcc	gccatcaggt	ccccgcacct	gatggacttc
960	ctgaacaacc	tgaccatcga	caccgacctg	atcaggggcg	tgactactg	ggccggccac
1020	agggtgacct	cccacttcac	cggctcctcc	caggtgatca	ccaccccgca	gtacggcatc
1080	accgccaacg	ccgagccgag	gaggaccatc	gccccgtcca	ccttcccggg	cctgaacctg
1140	ttctacagga	ccctgtccaa	cccgttcttc	aggaggtccg	agaacatcac	cccgaccctg

1200	ggcatcaacg	tggtgcaggg	cgtgggcttc	atccagccga	acaacgccga	ggtgctgtac
1260	aggtccaggg	gcaccgtgga	ctccctgaac	gagctgccga	tcgacggcga	gaactccctg
1320	gtgggctact	cccacaggct	gtcccacgtg	accctgacca	ggtccctgta	caacaccaac
1380	atcacctccc	tgccgacctt	cgtgtggacc	caccactccg	ccaacaacat	catcccgtcc
1440	tcccagatca	cccagatccc	gctgaccaag	tccaccaacc	tgggctccgg	cacctccgtg
1500	gtgaagggcc	cgggcttcac	cggcggcgac	atcctgagga	ggacctcccc	gggccagatc
1560	tccaccctga	gggtgaacat	caccgccccg	ctgtcccaga	ggtacagggt	gaggatcagg
1620	tacgcctcca	ccaccaacct	gcagttccac	acctccatcg	acggcaggcc	gatcaaccag
1680	ggcaacttct	ccgccaccat	gtcctccggc	tccaacctgc	agtccggctc	cttcaggacc
1740	gtgggcttca	ccaccccgtt	caacttctcc	aacggctcct	ccgtgttcac	cctgtccgcc
1800	cacgtgttca	actccggcaa	cgaggtgtac	atcgacagga	tcgagttcgt	gccggccgag
1833	gtgaccttcg	aggccgagta	cgacctggag	agg		

Número de secuencia (ID): 67

Longitud: 1944

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1944

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caaccgggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgtctggg	cctgttcgac
240	gcatcttggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagtctgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc

660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gacctcctcc
840	cagctgacca	gggagggtga	caccgacccg	gtgatcaaca	tcaccgacta	cagggtgggc
900	ccgtccttcg	agaacatcga	gaactccgcc	atcagggtccc	cgcacctgat	ggacttcctg
960	aacaacctga	ccatcgacac	cgacctgata	aggggcgtgc	actactgggc	cggccacagg
1020	gtgacctccc	acttcaccgg	ctcctcccag	gtgatcacca	ccccgcagta	cggcatcacc
1080	gccaacgccg	agccgaggag	gaccatcgcc	ccgtccacct	tcccgggcct	gaacctgttc
1140	tacaggaccc	tgtccaaccc	gttcttcagg	aggtccgaga	acatcacccc	gaccttgggc
1200	atcaacgtgg	tgcagggcgt	gggcttcata	cagccgaaca	acgccgaggt	gctgtacagg
1260	tccaggggca	ccgtggactc	cctgaacgag	ctgccgatcg	acggcgagaa	ctccctggtg
1320	ggctactccc	acaggctgtc	ccacgtgacc	ctgaccaggt	ccctgtacaa	caccaacatc
1380	acctccctgc	cgaccttcgt	gtggaccac	cactccgcca	ggaccaacac	catcggcccg
1440	aacaggatca	cccagatccc	gctggtgaag	gccctgaacc	tgcactccgg	cgtgaccggc
1500	gtgaggggccc	cgggcttcac	cggcggcgac	atcctgagga	ggaccaacac	cggcaccttc
1560	ggcgacatca	ggctgaacat	caacgtgccg	ctgtcccaga	ggtacagggt	gaggatcagg
1620	tacgcctcca	ccaccgacct	gcagttcttc	accaggatca	acggcaccac	cgtgaacatc
1680	ggcaacttct	ccaggaccat	gaacaggggc	gacaacctgg	agtacaggtc	cttcaggacc
1740	gccggcttct	ccaccccgtt	caacttcctg	aacgcccagt	ccaccttcac	cctgggcgcc
1800	cagtccttct	ccaaccagga	ggtgtacatc	gacagggtgg	agttcgtgcc	ggccgaggtg
1860	accttcgagg	ccgagtacga	cctggagagg	gcccagaagg	ccgtgaacgc	cctgttcacc
1920	tccaccaacc	cgaggaggct	gaagaccgac	gtgaccgact	accacatcga	ccaggtgtcc
1944	aacatggtgg	cctgcctgtc	cgac			

Número de secuencia (ID): 68

Longitud: 1995

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1995

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caaccgag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagtctgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacctgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gacctccgcc
840	cagctgacca	gggagatcta	caccgacccg	atcggcagga	ccaacgcccc	gtccggcttc
900	gcctccacca	actggttcaa	caacaacgcc	ccgtccttct	ccgccatcga	ggccgccatc
960	atcaggccgc	cgcacctgct	ggacttcccc	gagcagctga	ccatctactc	cgcctcctcc
1020	aggtggtcct	ccacccagca	catgatctac	tgggtgggcc	acaggctgaa	cttcaggccg
1080	atcggcggca	ccctgaacac	ctccaccag	ggcctgacca	acaacacctc	catcaacccg
1140	gtgaccctgc	agttcacctc	cagggacgtg	tacaggaccg	agtcctacgc	cggcaccaac
1200	atcctgttca	ccaccccggt	gaacggcgtg	ccgtgggcca	ggttcaactt	catcaacccg
1260	cagaacatct	acgagagggg	caccaccacc	tactcccagc	cgtaccaggg	cgtgggcatc
1320	cagctgttcg	actccgagac	cgagctgccg	ccggagacca	ccgagaggcc	gaactacgag
1380	tcctactccc	acaggctgtc	ccacatcggc	ctgatcatcg	gcaacaccct	gagggccccg
1440	gtgtactcct	ggacccacag	gtccgccgac	accaacacca	acaccatcaa	cccggacatc
1500	atcaccacaga	tcccgttggt	gaagggttcc	aggctgggcg	gcggcacctc	cgtgatcaag
	ggcccgggct	tcaccggcgg	cgacatcctg	aggaggaaca	ccatcggcga	gttcgtgtcc

1560	ctgcaggtga	acatcaactc	cccgatcacc	cagaggtaca	ggctgaggtt	caggtacgcc
1620	tcctccaggg	acgccaggat	caccgtggcc	atcggcggcc	agatcagggg	ggacatgacc
1680	ctggagaaga	ccatggagat	cggcgagtcc	ctgacctcca	ggaccttctc	ctacaccaac
1740	ttctccaacc	cgttctcctt	cagggccaac	ccggacatca	tcaggatcgc	cgaggagctg
1800	ccgatcaggg	gcggcgagct	gtacatcgac	aagatcgagc	tgatcctggc	cgacgccacc
1860	ttcgaggagg	agtacgacct	ggagagggcc	cagaaggccg	tgaacgccct	gttcacctcc
1920	accaaccagc	tgggcctgaa	gaccgacgtg	accgactacc	acatcgacca	ggtgtccaac
1980	ctggtggagt	gcctg				
1995						

Número de secuencia (ID): 69

Longitud: 1995

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1995

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caaccggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagttcgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aaccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gacctccgcc
	cagctgacca	gggagatcta	caccgacccg	atcggcagga	ccaacgcccc	gtccggcttc

840 gcctccacca actggttcaa caacaacgcc ccgtccttct ccgccatcga ggccgccatc
900 atcaggccgc cgcacctgct ggacttcccc gagcagctga ccatctactc cgcctcctcc
960 aggtggtcct ccacccagca catgatctac tgggtgggcc acaggctgaa cttcaggccg
1020 atcggcggca ccctgaacac ctccaccag ggccctgacca acaacacctc catcaaccg
1080 gtgaccctgc agttcacctc caggacgtg tacaggaccg agtcctacgc cggcaccaac
1140 atcctgttca ccaccccggg gaacggcgtg ccgtgggcca ggttcaactt catcaaccg
1200 cagaacatct acgagagggg caccaccacc tactcccagc cgtaccaggg cgtgggcatc
1260 cagctgttcg actccgagac cgagctgccg ccggagacca ccgagaggcc gaactacgag
1320 tcctactccc acaggctgtc ccacatcggc ctgatcatcg gcaacaccct gagggccccg
1380 gtgtactcct ggacccacag gtccgccgac aggaccaaca ccatcgcccc gaacaggatc
1440 acccagatcc cgctggtgaa ggccctgaac ctgcactccg gcgtgaccgg cgtgaggggc
1500 ccgggcttca ccggcggcga catcctgagg aggaccaaca ccggcacctt cggcgacatc
1560 aggctgaaca tcaacgtgcc gctgtcccag aggtacaggg tgaggatcag gtacgcctcc
1620 accaccgacc tgcagttctt caccaggatc aacggcacca ccgtgaacat cggcaacttc
1680 tccaggacca tgaacagggg cgacaacctg gagtacaggt ccttcaggac cgccggcttc
1740 tccaccccgt tcaacttcct gaacgcccag tccaccttca ccctgggcgc ccagtccttc
1800 tccaaccagg aggtgtacat cgacagggtg gagttcgtgc cggccgaggt gaccttcgag
1860 gccgagtacg acctggagag ggcccagaag gccgtgaacg ccctgttcac ctccaccaac
1920 ccgaggaggc tgaagaccga cgtgaccgac taccacatcg accaggtgtc caacatggtg
1980 gcctgcctgt ccgac
1995

Número de secuencia (ID): 70

Longitud: 2019

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2019

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60 atgacctcca acaggaagaa cgagaacgag atcatcaacg ccctgtccat cccgaccgtg
tccaacccgt ccacccagat gaacctgtcc ccggacgcca ggatcgagga ctccctgtgc

120	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
180	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
240	ttctactcct	tcctggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
300	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
360	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
420	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
480	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccg	ctgttcagga	tcaggaacca	ggagggtgccg
540	ctgctgatgg	tgtacgcca	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
600	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
660	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
720	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
780	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
840	atcaacacct	cctcccagct	gaccagggag	gtgtacaccg	acccggtgat	caacatcacc
900	gactacaggg	tgggcccgtc	cttcgagaac	atcgagaact	ccgccatcag	gtccccgcac
960	ctgatggact	tcctgaacaa	cctgaccatc	gacaccgacc	tgatcagggg	cgtgcactac
1020	tgggcccggcc	acagggtgac	ctcccacttc	accggctcct	cccagggtgat	caccaccccg
1080	cagtacggca	tcaccgccaa	cgccgagccg	aggaggacca	tcgccccgtc	caccttcccg
1140	ggcctgaacc	tgttctacag	gaccctgtcc	aaccggttct	tcaggagggtc	cgagaacatc
1200	accccgaccc	tgggcatcaa	cgtggtgcag	ggcgtgggct	tcatccagcc	gaacaacgcc
1260	gagggtgctgt	acagggtccag	gggcaccgtg	gactccctga	acgagctgcc	gatcgacggc
1320	gagaactccc	tggtgggcta	ctcccacagg	ctgtcccacg	tgaccctgac	caggtccctg
1380	tacaacacca	acatcacctc	cctgccgacc	ttcgtgtgga	cccaccactc	cgccaccaac
1440	accaacacca	tcaaccggga	catcatcacc	cagatcccgc	tgggtgaaggg	cttcaggctg
1500	ggcggcggca	cctccgtgat	caagggccccg	ggcttcaccg	gcggcgacat	cctgaggagg
1560	aacaccatcg	gcgagttcgt	gtcccctgcag	gtgaacatca	actccccgat	caccagagg
1620	tacaggctga	ggttcaggta	cgcctcctcc	agggacgcca	ggatcaccgt	ggccatcggc
1680						

1740	ggccagatca	gggtggacat	gaccctggag	aagaccatgg	agatcggcga	gtccctgacc
1800	tccaggacct	tctcctacac	caacttctcc	aaccctgttct	ccttcagggc	caaccggac
1860	atcatcagga	tcgccgagga	gctgccgatc	aggggcggcg	agctgtacat	cgacaagatc
1920	gagctgatcc	tggccgacgc	caccttcgag	gaggagtacg	acctggagag	ggcccagaag
1980	gccgtgaacg	ccctgttcac	ctccaccaac	cagctggggc	tgaagaccga	cgtgaccgac
2019	taccacatcg	accaggtgtc	caacctgggtg	gagtgcctg		

Número de secuencia (ID): 71

Longitud: 2019

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2019

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc
300	ttctactcct	tcctgggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatccc	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgcca	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
720	atcaggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
900	atcaacacct	cctcccagct	gaccagggag	gtgtacaccg	acccggtgat	caacatcacc
960	gactacaggg	tgggcccgtc	cttcgagaac	atcgagaact	ccgccatcag	gtccccgcac

1020	ctgatggact	tcctgaacaa	cctgaccatc	gacaccgacc	tgatcagggg	cgtgcactac
1080	tgggccggcc	acagggtgac	ctcccacttc	accggctcct	cccaggtgat	caccaccccg
1140	cagtacggca	tcaccgcaa	cgccgagccg	aggaggacca	tcgccccgtc	caccttcccg
1200	ggcctgaacc	tgttctacag	gaccctgtcc	aaccctgttct	tcaggagggtc	cgagaacatc
1260	accccgaccc	tgggcatcaa	cgtgggtgcag	ggcgtgggct	tcatccagcc	gaacaacgcc
1320	gagggtgctgt	acagggtccag	gggcaccgtg	gactccctga	acgagctgcc	gatcgacggc
1380	gagaactccc	tggtgggcta	ctcccacagg	ctgtcccacg	tgaccctgac	cagggtccctg
1440	tacaacacca	acatcacctc	cctgccgacc	ttcgtgtgga	cccaccactc	cgccaggacc
1500	aacaccatcg	gcccgaacag	gatcaccag	atcccgtgg	tgaaggccct	gaacctgcac
1560	tccggcgtga	ccggcgtgag	gggcccgggc	ttcaccggcg	gcgacatcct	gaggaggacc
1620	aacaccggca	ccttcggcga	catcagggtg	aacatcaacg	tgccgctgtc	ccagaggtac
1680	agggtgagga	tcagggtacgc	ctccaccacc	gacctgcagt	tcttcaccag	gatcaacggc
1740	accaccgtga	acatcggcaa	cttctccagg	accatgaaca	ggggcgacaa	cctggagtag
1800	aggtccttca	ggaccgccgg	cttctccacc	ccgttcaact	tcctgaacgc	ccagtccacc
1860	ttcaccttgg	gcgcccagtc	cttctccaac	caggagggtgt	acatcgacag	ggtggagttc
1920	gtgccggccg	aggtgacctt	cgaggccgag	tacgacctgg	agaggggcca	gaaggccgtg
1980	aacgccctgt	tcacctccac	caacccgagg	aggctgaaga	ccgacgtgac	cgactaccac
2019	atcgaccagg	tgtccaacat	ggtggcctgc	ctgtccgac		

Número de secuencia (ID): 72

Longitud: 2073

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2073

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgacctcca	acaggaagaa	cgagaacgag	atcatcaacg	ccctgtccat	cccgaccgtg
120	tccaacccgt	ccaccagat	gaacctgtcc	ccggacgcca	ggatcgagga	ctccctgtgc
180	gtggccgagg	tgaacaacat	cgacccgttc	gtgtccgcct	ccaccgtgca	gaccggcatc
240	aacatcgccg	gcaggatcct	gggcgtgctg	ggcgtgccgt	tcgccggcca	gctggcctcc

300	ttctactcct	tcctggtggg	cgagctgtgg	ccgtccggca	gggacccgtg	ggagatcttc
360	ctggagcacg	tggagcagct	gatcaggcag	caggtgaccg	agaacaccag	gaacaccgcc
420	atcgccaggc	tggagggcct	gggcaggggc	tacaggtcct	accagcaggc	cctggagacc
480	tggctggaca	acaggaacga	cgccagggtcc	aggtccatca	tcctggagag	gtacgtggcc
540	ctggagctgg	acatcaccac	cgccatcccg	ctgttcagga	tcaggaacca	ggaggtgccg
600	ctgctgatgg	tgtacgccc	ggccgccaac	ctgcacctgc	tgctgctgag	ggacgcctcc
660	ctgttcggct	ccgagtgggg	catggcctcc	tccgacgtga	accagtacta	ccaggagcag
720	atcagggtaca	ccgaggagta	ctccaaccac	tgcgtgcagt	ggtacaacac	cggcctgaac
780	aacctgaggg	gcaccaacgc	cgagtcctgg	ctgaggtaca	accagttcag	gagggacctg
840	accctgggcg	tgctggacct	ggtggccctg	ttcccgtcct	acgacaccag	gacctacccg
900	atcaacacct	ccgcccagct	gaccagggag	atctacaccg	acccgatcgg	caggaccaac
960	gccccgtccg	gcttcgcctc	caccaactgg	ttcaacaaca	acgccccgtc	cttctccgcc
1020	atcgaggccg	ccatcatcag	gccgccgcac	ctgctggact	tcccggagca	gctgaccatc
1080	tactccgcct	cctccagggtg	gtcctccacc	cagcacatga	tctactgggt	gggccacagg
1140	ctgaacttca	ggccgatcgg	cggcaccctg	aacacctcca	cccagggcct	gaccaacaac
1200	acctccatca	acccggtgac	cctgcagttc	acctccaggg	acgtgtacag	gaccgagtcc
1260	tacgccggca	ccaacatcct	gttcaccacc	ccggtgaacg	gcgtgccgtg	ggccagggttc
1320	aacttcatca	acccgcagaa	catctacgag	aggggcacca	ccacctactc	ccagccgtac
1380	cagggcggtg	gcatccagct	gttcgactcc	gagaccgagc	tgccgccgga	gaccaccgag
1440	aggccgaact	acgagtccta	ctcccacagg	ctgtcccaca	tcggcctgat	catcggcaac
1500	accctgaggg	ccccggtgta	ctcctggacc	cacaggtccg	ccgacaccaa	caccaacacc
1560	atcaacccgg	acatcatcac	ccagatcccc	ctggtgaagg	gcttcaggct	gggcggcggc
1620	acctccgtga	tcaagggccc	gggcttcacc	ggcggcgaca	tcctgaggag	gaacaccatc
1680	ggcgagttcg	tgtccctgca	ggtgaacatc	aactccccga	tcacccagag	gtacaggctg
1740	aggttcagg	acgcctcctc	cagggacgcc	aggatcaccg	tggccatcgg	cggccagatc
1800	agggtggaca	tgaccctgga	gaagaccatg	gagatcggcg	agtccctgac	ctccaggacc
	ttctcctaca	ccaacttctc	caacccgttc	tccttcaggg	ccaacccgga	catcatcagg

```

1860   atcgccgagg  agctgccgat  caggggcggc  gagctgtaca  tcgacaagat  cgagctgatac
1920   ctggccgacg  ccaccttcga  ggaggagtac  gacctggaga  gggcccagaa  ggccgtgaac
1980   gccctgttca  cctccaccaa  ccagctgggc  ctgaagaccg  acgtgaccga  ctaccacatac
2040   gaccaggtgt  ccaacctggt  ggagtgcctg  tga
2073

```

Número de secuencia (ID): 73

Longitud: 1839

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1839

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

```

60   atggaggaga  acaaccagaa  ccagtgcatac  ccgtacaact  gcctgtccaa  cccggaggag
120  gtgctgctgg  acggcgagag  gatctccacc  ggcaactcct  ccatcgacat  ctccctgtcc
180  ctggtgcagt  tcctggtgtc  caacttcgtg  ccgggcggcg  gcttcctggt  gggcctgatac
240  gacttcgtgt  ggggcatcgt  gggcccgtcc  cagtgggacg  ccttcctggt  gcagatcgag
300  cagctgatca  acgagaggat  cgccgagttc  gccaggaacg  ccgccatcgc  caacctggag
360  ggccctgggca  acaacttcaa  catctacgtg  gaggccttca  aggagtggga  ggaggacccg
420  aacaacccgg  ccaccaggac  cagggtgatac  gacaggttca  ggatcctgga  cggcctgctg
480  gagagggaca  tcccgtcctt  caggatctcc  ggcttcgagg  tgccgctgct  gtccgtgtac
540  gcccaggccg  ccaacctgca  cctggccatac  ctgagggact  ccgtgatctt  cggcgagagg
600  tggggcctga  ccaccatcaa  cgtgaacgag  aactacaaca  ggctgatcag  gcacatcgac
660  gagtacgccg  accactgcgc  caacacctac  aacaggggcc  tgaacaacct  gccgaagtcc
720  acctaccagg  actggatac  ctacaacagg  ctgaggaggg  acctgaccct  gaccgtgctg
780  gacatcgccg  ctttcttccc  gaactacgac  aacaggagg  acccgatcca  gccggtgggc
840  cagctgacca  gggagggtga  caccgacccg  ctgatcaact  tcaacccgca  gctgcagtcc
900  gtggcccagc  tgccgacctt  caacgtgatg  gagtcctccg  ccatcaggaa  cccgcacctg
960  ttcgacatcc  tgaacaacct  gaccatcttc  accgactggt  tctccgtggg  caggaaacttc
1020 tactggggcg  gccacagggt  gatctcctcc  ctgatcggcg  gcggcaacat  cacctccccg
      atctacggca  gggaggccaa  ccaggagccg  ccgaggtcct  tcaccttcaa  cggcccgggtg

```

1080	ttcaggaccc	tgtccaaccc	gaccctgagg	ctgctgcagc	agccgtggcc	ggccccgccg
1140	ttcaacctga	ggggcgtgga	gggcgtggag	ttctccaccc	cgaccaactc	cttcacctac
1200	aggggcaggg	gcaccgtgga	ctccctgacc	gagctgccgc	cggaggacaa	ctccgtgccg
1260	ccgagggagg	gctactccca	caggctgtgc	cacgccacct	tcgtgcagag	gtccggcacc
1320	ccgttcctga	ccaccggcgt	ggtgttctcc	tggaccacac	ggtccgcca	caacatcatc
1380	ccgtcctccc	agatcaccca	gatcccgtg	accaagtcca	ccaacctggg	ctccggcacc
1440	tccgtggtga	aggggccggg	cttcaccggc	ggcgacatcc	tgaggaggac	ctccccgggc
1500	cagatctcca	ccctgagggt	gaacatcacc	gccccgctgt	cccagaggta	cagggtgagg
1560	atcagggtacg	cctccaccac	caacctgcag	ttccacacct	ccatcgacgg	caggccgatc
1620	aaccagggca	acttctccgc	caccatgtcc	tccggctcca	acctgcagtc	cggctccttc
1680	aggaccgtgg	gcttcaccac	cccgttcaac	ttctccaacg	gctcctccgt	gttcaccctg
1740	tccgcccacg	tgttcaactc	cggcaacgag	gtgtacatcg	acaggatcga	gttcgtgccg
1800	gccgaggtga	ccttcgaggc	cgagtacgac	ctggagagg		
1839						

Número de secuencia (ID): 74

Longitud: 2016

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2016

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	ggggccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgatc	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg

540	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
600	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggcc	tgaacaacct	gccgaagtcc
660	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
720	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccggtgggc
780	accgtgtccc	agctgaccag	ggagatctac	accaacccgg	tgctggagaa	cttcgacggc
840	tccttcaggg	gctccgccc	gggcatcgag	ggctccatca	gggtccccgca	cctgatggac
900	atcctgaact	ccatcaccat	ctacaccgac	gcccacaggg	gcgagtacta	ctgggtccggc
960	caccagatca	tggcctcccc	gggtgggcttc	tccggcccgg	agttcacctt	cccgtgttac
1020	ggcaccatgg	gcaacgccgc	cccgcagcag	aggatcgtgg	cccagctggg	ccagggcgtg
1080	tacaggaccc	tgtcctccac	cctgtacagg	aggccgttca	acatcggcat	caacaaccag
1140	cagctgtccg	tgctggacgg	caccgagttc	gcctacggca	cctcctccaa	cctgccgtcc
1200	gccgtgtaca	ggaagtccgg	caccgtggac	tccctggacg	agatccccgc	gcagaacaac
1260	aacgtgccgc	cgaggcaggg	cttctccac	aggctgtccc	acgtgtccat	gttcaggtcc
1320	ggcttctcca	actcctccgt	gtccatcatc	agggccccga	tgttctcctg	gatccacagg
1380	tccgccgagt	tcaccctgac	caacaccatc	gaccgggaga	ggatcaacca	gatcccgtg
1440	gtgaagggct	tcagggtgtg	gggcggcacc	tccgtgatca	ccggcccggg	cttcaccggc
1500	ggcgacatcc	tgaggaggaa	caccttcggc	gacttcgtgt	ccctgcaggt	gaacatcaac
1560	tccccgatca	cccagaggta	caggctgagg	ttcaggtacg	cctcctccag	ggacgccagg
1620	gtgatcgtgc	tgaccggcgc	cgcctccacc	ggcgtgggcg	gccaggtgtc	cgtgaacatg
1680	ccgctgcaga	agaccatgga	gatcggcgag	aacctgacct	ccaggacctt	caggtacacc
1740	gacttctcca	acccgttctc	cttcagggcc	aaccggaca	tcacggcat	ctccgagcag
1800	ccgctgttcg	gcgccggctc	catctcctcc	ggcgagctgt	acatcgacaa	gatcgagatc
1860	atcctggccg	acgccacctt	cgaggccgag	tccgacctgg	agagggccca	gaaggccgtg
1920	aacgccctgt	tcacctctc	caaccagatc	ggcctgaaga	ccgacgtgac	cgactaccac
1980	atcgaccagg	tgtccaacct	gggtggactgc	ctgtcc		
2016						

Número de secuencia (ID): 75

Longitud: 1863

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1863

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgatc	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccggtgggc
840	accgtgtccc	agctgaccag	ggagatctac	accaacccgg	tgctggagaa	cttcgacggc
900	tccttcaggg	gctccgcccc	gggcatcgag	ggctccatca	ggtccccgca	cctgatggac
960	atcctgaact	ccatcaccat	ctacaccgac	gcccacaggg	gcgagtacta	ctggtcgggc
1020	caccagatca	tggcctcccc	ggtgggcttc	tccggcccgg	agttcacctt	cccgctgtac
1080	ggcaccatgg	gcaacgccgc	cccgcagcag	aggatcgtgg	cccagctggg	ccagggcgtg
1140	tacaggaccc	tgtcctccac	cctgtacagg	aggccgttca	acatcggcat	caacaaccag
1200	cagctgtccg	tgctggacgg	caccgagttc	gcctacggca	cctcctccaa	cctgccgtcc
1260	gccgtgtaca	ggaagtccgg	caccgtggac	tccctggacg	agatcccgcc	gcagaacaac
1320	aacgtgccgc	cgaggcaggg	cttctcccac	aggctgtccc	acgtgtccat	gttcaggtcc
1380	ggcttctcca	actcctccgt	gtccatcatc	agggccccga	tgttctcctg	gatccacagg

1440	tccgccgagt	tcaacaacat	catcccgtcc	tcccagatca	cccagatccc	gctgaccaag
1500	tccaccaacc	tgggctccgg	cacctccgtg	gtgaagggcc	cgggcttcac	cggcggcgac
1560	atcctgagga	ggacctcccc	gggccagatc	tccaccctga	gggtgaacat	caccgccccg
1620	ctgtcccaga	ggtacagggt	gaggatcagg	tacgcctcca	ccaccaacct	gcagttccac
1680	acctccatcg	acggcaggcc	gatcaaccag	ggcaacttct	ccgccaccat	gtcctccggc
1740	tccaacctgc	agtccggctc	cttcaggacc	gtgggcttca	ccaccccggt	caacttctcc
1800	aacggctcct	ccgtgttcac	cctgtccgcc	cacgtgttca	actccggcaa	cgaggtgtac
1860	atcgacagga	tcgagttcgt	gccggccgag	gtgaccttcg	aggccgagta	cgacctggag
1863	agg					

Número de secuencia (ID): 76

Longitud: 1986

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1986

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
120	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccc	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgtc	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgct	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
720	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
780	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggcagctg

840	accagggagg	tgtacaccga	cccgctgata	aacttcaacc	cgcagctgca	gtccgtggcc
900	cagctgccga	ccttcaacgt	gatggagtcc	tccgccatca	ggaacccgca	cctgttcgac
960	atcctgaaca	acctgaccat	cttcaccgac	tggttctccg	tgggcaggaa	cttctactgg
1020	ggcggccaca	gggtgatctc	ctccctgata	ggcggcggca	acatcacctc	cccgatctac
1080	ggcagggagg	ccaaccagga	gccgccgagg	tccttcacct	tcaacggccc	ggtgttcagg
1140	accctgtcca	acccgaccct	gaggctgctg	cagcagccgt	ggccggcccc	gccgttcaac
1200	ctgaggggcg	tggagggcgt	ggagttctcc	accccgacca	actccttcac	ctacaggggc
1260	aggggcaccg	tggactccct	gaccgagctg	ccgccggagg	acaactccgt	gccgccgagg
1320	gagggctact	cccacaggct	gtgccacgcc	accttcgtgc	agaggtccgg	caccccgttc
1380	ctgaccaccg	gcgtgggtgt	ctcctggacc	cacaggtccg	ccaccctgac	caacaccatc
1440	gacccggaga	ggatcaacca	gatcccgtg	gtgaagggct	tcaggggtgtg	gggcggcacc
1500	tccgtgatca	ccggcccggg	cttcaccggc	ggcgacatcc	tgaggaggaa	caccttcggc
1560	gacttcgtgt	ccctgcaggt	gaacatcaac	tccccgatca	cccagaggta	caggctgagg
1620	ttcaggtacg	cctcctccag	ggacgccagg	gtgatcgtgc	tgaccggcgc	cgcctccacc
1680	ggcgtgggcg	gccaggtgtc	cgtgaacatg	ccgctgcaga	agaccatgga	gatcggcgag
1740	aacctgacct	ccaggacctt	caggtacacc	gacttctcca	acccgttctc	cttcagggcc
1800	aacccggaca	tcatcggcat	ctccgagcag	ccgctgttcg	gcgccggctc	catctcctcc
1860	ggcgagctgt	acatcgacaa	gatcgagatc	atcctggccg	acgccacctt	cgaggccgag
1920	tccgacctgg	agagggccca	gaaggccgtg	aacgccctgt	tcacctctc	caaccagatc
1980	ggcctgaaga	ccgacgtgac	cgactaccac	atcgaccagg	tgtccaacct	ggtggactgc
1986	ctgtcc					

Número de secuencia (ID): 77

Longitud: 1833

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1833

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgata	actgcctgtc	caacccggag
------------	------------	------------	-----------	------------	------------

120	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccg	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgt	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgt	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
720	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
780	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggcagctg
840	accagggagg	tgtacaccga	cccgtgata	aacttcaacc	cgagctgca	gtccgtggcc
900	cagctgccga	ccttcaacgt	gatggagtcc	tccgccatca	ggaacccgca	cctgttcgac
960	atcctgaaca	acctgaccat	cttcaccgac	tggttctccg	tgggcaggaa	cttctactgg
1020	ggcggccaca	gggtgatctc	ctccctgata	ggcggcggca	acatcacctc	cccgatctac
1080	ggcagggagg	ccaaccagga	gccgccgagg	tccttcacct	tcaacggccc	ggtgttcagg
1140	accctgtcca	acccgaccct	gaggctgctg	cagcagccgt	ggccggcccc	gccgttcaac
1200	ctgaggggcg	tggagggcgt	ggagtctctc	accccgacca	actccttcac	ctacaggggc
1260	aggggcaccg	tggactccct	gaccgagctg	ccgccggagg	acaactccgt	gccgccgagg
1320	gagggctact	cccacaggct	gtgccacgcc	accttcgtgc	agaggtccgg	caccccgttc
1380	ctgaccaccg	gcgtggtgtt	ctcctggacc	cacaggtccg	ccaacaacat	catcccgtcc
1440	tcccagatca	cccagatccc	gtgaccaag	tccaccaacc	tgggctccgg	cacctccgtg
1500	gtgaagggcc	cgggcttcac	cggcggcgac	atcctgagga	ggacctcccc	gggccagatc
1560	tccaccctga	gggtgaacat	caccgccccg	ctgtcccaga	ggtacagggt	gaggatcagg
1620	tacgcctcca	ccaccaacct	gcagttccac	acctccatcg	acggcaggcc	gatcaaccag
	ggcaacttct	ccgccaccat	gtcctccggc	tccaacctgc	agtccggctc	cttcaggacc

1680	gtgggcttca	ccaccccgtt	caacttctcc	aacggctcct	ccgtgttcac	cctgtccgcc
1740	cacgtgttca	actccggcaa	cgaggtgtac	atcgacagga	tcgagttcgt	gccggccgag
1800	gtgaccttcg	aggccgagta	cgacctggag	agg		
1833						

Número de secuencia (ID): 78

Longitud: 2010

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2010

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggacaaca	acccgaacat	caacgagtgc	atcccgtaca	actgcctgtc	caacccggag
120	gtggaggtgc	tgggcggcga	gaggatcgag	accggctaca	ccccgatcga	catctccctg
180	tccctgaccc	agttcctgct	gtccgagttc	gtgccgggcg	ccggcttcgt	gctgggcctg
240	gtggacatca	tctggggcat	cttcggcccc	tcccagtggg	acgccttcct	ggtgcagatc
300	gagcagctga	tcaaccagag	gatcgaggag	ttcgccagga	accaggccat	ctccaggctg
360	gagggcctgt	ccaacctgta	ccagatctac	gccgagtcct	tcagggagtg	ggaggccgac
420	ccgaccaacc	cggccctgag	ggaggagatg	aggatccagt	tcaacgacat	gaactccgcc
480	ctgaccaccg	ccatcccgtc	gttcgccgtg	cagaactacc	aggtgccgct	gctgtccgtg
540	tacgtgcagg	ccgccaacct	gcacctgtcc	gtgctgaggg	acgtgtccgt	gttcggccag
600	aggtggggct	tcgacgccgc	caccatcaac	tccaggtaca	acgacctgac	caggctgata
660	ggcaactaca	ccgaccacgc	cgtgaggtgg	tacaacaccg	gcctggagag	ggtgtggggc
720	ccggactcca	gggactggat	caggtacaac	cagttcagga	gggagctgac	cctgaccgtg
780	ctggacatcg	tgtccctgtt	cccgaactac	gactccagga	cctacccgat	caggaccgtg
840	tcccagctga	ccagggagat	ctacaccaac	ccggtgctgg	agaacttcga	cggctccttc
900	aggggctccg	cccagggcat	cgagggctcc	atcaggtccc	cgcacctgat	ggacatcctg
960	aactccatca	ccatctacac	cgacgcccac	aggggagagt	actactggtc	cggccaccag
1020	atcatggcct	ccccggtggg	cttctccggc	ccggagttca	ccttcccgct	gtacggcacc
1080	atgggcaacg	ccgccccgca	gcagaggatc	gtggcccagc	tgggcccagg	cgtgtacagg
	accctgtcct	ccaccctgta	caggaggccg	ttcaacatcg	gcatcaacaa	ccagcagctg

1140	tccgtgctgg	acggcaccga	gttcgcctac	ggcacctcct	ccaacctgcc	gtccgccgtg
1200	tacaggaagt	ccggcaccgt	ggactcccctg	gacgagatcc	cgccgcagaa	caacaacgtg
1260	ccgccgaggc	agggcttctc	ccacagggtg	tcccacgtgt	ccatgttcag	gtccggcttc
1320	tccaactcct	ccgtgtccat	catcagggcc	ccgatgttct	cctggatcca	caggtccgcc
1380	gagttcaccc	tgaccaaacac	catcgacccg	gagaggatca	accagatccc	gctggtgaag
1440	ggcttcaggg	tgtggggcgg	cacctccgtg	atcaccggcc	cgggcttcac	cggcggcgac
1500	atcctgagga	ggaacacctt	cggcgacttc	gtgtccctgc	aggtgaacat	caactccccg
1560	atcacccaga	ggtacaggct	gagggttcagg	tacgcctcct	ccagggacgc	cagggtgatc
1620	gtgctgaccg	gcgccgcctc	caccggcgtg	ggcggccagg	tgtccgtgaa	catgccgctg
1680	cagaagacca	tggagatcgg	cgagaacctg	acctccagga	ccttcaggta	caccgacttc
1740	tccaacccgt	tctccttcag	ggccaacccg	gacatcatcg	gcatctccga	gcagccgctg
1800	ttcggcgccg	gctccatctc	ctccggcgag	ctgtacatcg	acaagatcga	gatcatcctg
1860	gccgacgcca	ccttcgaggc	cgagtccgac	ctggagaggg	cccagaaggc	cgtgaacgcc
1920	ctgttcacct	cctccaacca	gatcggcctg	aagaccgacg	tgaccgacta	ccacatcgac
1980	cagggtgtcca	acctggtgga	ctgcctgtcc			
2010						

Número de secuencia (ID): 79

Longitud: 1920

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1920

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgaagaaca	acatccagaa	ccagtgcgtg	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggtg
120	gagatcctgt	ccgaggagag	gtccaccggc	aggctgccgc	tggacatctc	cctgtccctg
180	accaggttcc	tgctgtccga	gttcgtgccg	ggcgtgggcg	tggccttcgg	cctgttcgac
240	ctgatctggg	gcttcatcac	cccgtccgag	tgggtccctgt	tcctgctgca	gatcgagcag
300	ctgatcgagc	agaggatcga	gaccctggag	aggaacaggg	ccatcaccac	cctgaggggc
360	ctggccgact	cctacgaggt	gtacctggag	gccctgaggg	agtgggagga	gaacccgaac
	aacgcccagc	tgagggagga	cgtgaggatc	aggttcgcca	acaccgacga	cgccctgatc

420	accgccatca	acaacttcac	cctgacctcc	ttcgagatcc	cgctgctgtc	cgtgtacgtg
480	caggccgcca	acctgcacct	gtccctgctg	agggacgccg	tgtccttcgg	ccagggctgg
540	ggcctggaca	tcgccaccgt	gaacaaccac	tacaacaggc	tgatcaacct	gatccacagg
600	tacaccgagc	actgcctgga	cacctacaac	cagggcctgg	agaacctgag	gggcaccaac
660	accaggcagt	gggccagggt	caaccagttc	aggaggggagc	tgacctgac	cgtgctggac
720	atcgtggccc	tggtcccgaa	ctacgacgcc	agggcctacc	cgatccagac	cgccaccag
780	ctgtccaggg	aggtgtacct	ggacctgccg	ttcatcaacg	agaacctgtc	cccggccgcc
840	tcctacccga	ccttctccgc	cgccgagtcc	gccatcatca	gggtcccgca	cctggtggac
900	ttcctgaaca	acttcacat	ctacaccgac	tccctggcct	cctacgccta	ctggggcggc
960	cacagggtga	ggtccttcag	gaccggcacc	accaccaacc	tgatccagtc	cccgtgtac
1020	ggcaggggagg	gcaacaccga	gaggccgggtg	accatctggg	cctcctcctc	cgtgccgatc
1080	ttcaggaccc	tgctctacgt	gaccggcctg	aacaacagga	acccggtggc	cggcatcgag
1140	ggcgtggagt	tccaggacac	caccggcagg	tccatctaca	ggaagtccgg	cccgatcgac
1200	tccttctccg	agctgccgcc	gcaggacgcc	aacatctccc	cgaccatcgg	ctactcccac
1260	aggctgtgcc	acgccacctt	cctggagagg	atctccggcc	cgaggatcgc	cggcgtggtg
1320	ttctcctgga	cccacaggtc	cgctccccg	accaacgagg	tgtccccgtc	caggatcacc
1380	cagatcccgt	gggtgaaggc	caacaccctg	gcctccggcg	cctccgtgat	caaggggccc
1440	ggcttcaccg	gcggcgacat	cctgaccagg	aactccatgg	gcgacctggg	ctccctgagg
1500	gtgaccttca	ccggcaggct	gccgcagtcc	tactacatca	ggttcaggta	cgctccgtg
1560	gccaacagg	ccggctcctt	cagggtactcc	cagccgccgt	cctacggcat	ctccttccc
1620	aagaccatgg	acgccggcga	gccgctgacc	tccaggctcct	tcgccctgac	caccctgttc
1680	accccgatca	ccttctccag	ggcccaggag	gagttcgacc	tgtacatcca	gaccggcgtg
1740	tacatcgaca	ggatcgagtt	catcccgggtg	accgccaccc	tggaggccga	gtacgacctg
1800	gagagggccc	aggaggccgt	gaacgccctg	ttcacctcct	ccaaccagct	gggcctgaag
1860	accgacgtga	ccgactacca	catcgaccag	gtgtccaacc	tggtggactg	cctgtcctag
1920						

Número de secuencia (ID): 80

Longitud: 1932

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1932

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatca	acaaccagaa	ccagtgcgtg	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccgaaggag
120	atcatcctgg	gcgaggagag	gctggagacc	ggcaacaccg	tggccgacat	ctccctgggc
180	ctgatcaact	tcctgtactc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcatcgt	gggcctgctg
240	gagctgatct	ggggcttcat	cggcccgtcc	cagtgggaca	tcttcctggc	ccagatcgag
300	cagctgatct	cccagaggat	cgaggagttc	gccaggaacc	aggccatctc	caggctggag
360	ggcctgtcca	acctgtacaa	ggtgtacgcc	agggccttct	ccgactggga	ggaggacccg
420	accaacccgg	ccctgaggga	ggagatgagg	atccagttca	acgacatgaa	ctccgccctg
480	atcaccgcca	tcccgctgtt	cagggtgcag	aactacgagg	tggccctgct	gtccgtgtac
540	gtgcaggccg	ccaacctgca	cctgtccatc	ctgagggaca	tctccgtgtt	cggcgagagg
600	tggggctacg	acaccgccac	catcaacaac	aggtactccg	acctgacctc	cctgatccac
660	gtgtacacca	accactgcgt	ggacacctac	aaccagggcc	tgaagctgct	ggagggcagg
720	ttcctgtccg	actggatcgt	gtacaacagg	ttcaggaggc	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcgtgg	ccttcttccc	gaactacgac	atcagggcct	acccgatcca	gaccgccacc
840	cagctgtcca	gggagggtga	cctggacctg	ccgttcatca	acgagaacct	gtccccggcc
900	gcctcctacc	cgaccttctc	cgccgccgag	tccgccatca	tcaggtcccc	gcacctggtg
960	gacttcctga	acaacttcac	catctacacc	gactccctgg	cctcctacgc	ctactggggc
1020	ggccacaggg	tgaggtcctt	caggaccggc	accaccacca	acctgatcca	gtccccgctg
1080	tacggcaggg	agggcaacac	cgagaggccg	gtgaccatct	gggcctcctc	ctccgtgccg
1140	atcttcagga	ccctgtccta	cgtgaccggc	ctgaacaaca	ggaacccggt	ggccggcatc
1200	gagggcgtgg	agttccagga	caccaccggc	aggtccatct	acaggaagtc	cggcccgatc
1260	gactccttct	ccgagctgcc	gccgcaggac	gccaacatct	ccccgaccat	cggctactcc
1320	cacaggctgt	gccacgccac	cttcctggag	aggatctccg	gcccgaggat	cgccggcgtg
1380	gtgttctcct	ggacccacag	gtccgcctcc	ccgaccaacg	aggtgtcccc	gtccaggatc

1440	acccagatcc	cggccgtgaa	ggcccacaac	ctgcactccg	gctccaccgt	ggtgaggggc
1500	ccgggcttca	ccggcggcga	cctgtctgagg	aggaccaaca	ccggcacctt	cgccgacatc
1560	agggtgaaca	tcaccggccc	gctgtcccag	aggtacaggg	tgaggatcag	gtacgcctcc
1620	accaccgacc	tgcagttctt	caccaggatc	aacggcacct	ccgtgaacca	gggcaacttc
1680	cagaggacca	tgaacagggg	cggcaacctg	gagtccggca	acttcaggac	cgccggcttc
1740	tccaccccgt	tctccttctc	caacgcccag	tccaccttca	ccctgggcac	ccaggccttc
1800	tccaaccagg	aggtgtacat	cgacaggatc	gagttcgtgc	cggccgaggt	gaccttcgag
1860	gccgagtccg	acctggagag	ggcccagaag	gccgtgaacg	ccctgttcac	ctccacctcc
1920	cagctgggcc	tgaagaccaa	cgtgaccggc	taccacatcg	accaggtgtc	caacctggtg
1932	gcctgcctgt	cc				

Número de secuencia (ID): 81

Longitud: 1935

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1935

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatca	acaaccagaa	ccagtgcgtg	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccgaaggag
120	atcatcctgg	gcgaggagag	gctggagacc	ggcaacaccg	tggccgacat	ctccctgggc
180	ctgatcaact	tcctgtactc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcatcgt	gggcctgctg
240	gagctgatct	ggggcttcat	cggcccgtcc	cagtgggaca	tcttcctggc	ccagatcgag
300	cagctgatct	cccagaggat	cgaggagttc	gccaggaacc	aggccatctc	caggctggag
360	ggcctgtcca	acctgtacaa	ggtgtacgcc	agggccttct	ccgactggga	ggaggacccg
420	accaacccgg	ccctgaggga	ggagatgagg	atccagttca	acgacatgaa	ctccgccctg
480	atcaccgcca	tcccgtgtgt	cagggtgcag	aactacgagg	tggccctgct	gtccgtgtac
540	gtgcaggccg	ccaacctgca	cctgtccatc	ctgagggaca	tctccgtgtt	cggcgagagg
600	tggggctacg	acaccgccac	catcaacaac	aggtactccg	acctgacctc	cctgatccac
660	gtgtacacca	accactgcgt	ggacacctac	aaccagggcc	tgaagctgct	ggagggcagg
720	ttcctgtccg	actggatcgt	gtacaacagg	ttcaggaggc	agctgaccat	ctccgtgctg

780	gacatcgtgg	ccttcttccc	gaactacgac	atcagggcct	acccgatcca	gacctcctcc
840	cagctgacca	gggagatcta	cacctcctcc	gtgatcgagg	actccccggt	gtccgccaac
900	atcccgaacg	gcttcaacag	ggccgagttc	ggcgtgaggc	cgccgcacct	gatggacttc
960	atgaactccc	tggtcgtgac	cgccgagacc	gtgaggtccc	agaccgtgtg	gggcgggccac
1020	ctgggtgtcct	ccaggaacac	cgccggcaac	ccgatcaact	tcccgatcta	cggcatcttc
1080	aacccgggcg	gcgccatctg	gacgcgccgac	gaggacccga	ggccgttcta	caggaccctg
1140	tccgacccgg	tggtcgtgag	gggcggttcc	ggcaaccgc	actacgtgct	gggcctgagg
1200	ggcgtggcct	tccagcagac	cggcaccaac	cacaccagga	ccttcaggaa	ctccggcacc
1260	atcgactccc	tggacgagat	cccgccgcag	gacaactccg	gcgccccgtg	gaacgactac
1320	tcccacgtgc	tgaaccacgt	gaccttcgtg	aggtggccgg	gcgagatcgc	cggctccgac
1380	tcctggaggg	ccccgatgtt	ctcctggacc	cacaggtccg	ccgacaggac	caacatcatc
1440	aacccgaaca	tcatcaccca	gatcccgtgg	gtgaaggcca	acaccctggc	ctccggcgcc
1500	tccgtgatca	aggggccggg	cttcaccggc	ggcgacatcc	tgaccaggaa	ctccatgggc
1560	gacctgggct	ccctgagggt	gaccttcacc	ggcaggctgc	cgcagtccta	ctacatcagg
1620	ttcagggtacg	cctccgtggc	caacaggtcc	ggctccttca	ggtactccca	gccgccgtcc
1680	tacggcatct	ccttcccgaa	gacatggac	gccggcgagc	cgctgacctc	caggtccttc
1740	gccctgacca	ccctgttcac	cccgatcacc	ttctccaggg	cccaggagga	gttcgacctg
1800	tacatccaga	ccggcgtgta	catcgacagg	atcgagttca	tcccggtgac	cgccaccctg
1860	gaggccgagt	acgacctgga	gagggcccag	gaggccgtga	acgccctgtt	cacctcctcc
1920	aaccagctgg	gcctgaagac	cgacgtgacc	gactaccaca	tcgaccaggt	gtccaacctg
1935	gtggactgcc	tgtcc				

Número de secuencia (ID): 82

Longitud: 1947

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1947

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

atggagatca	acaaccagaa	ccagtgcgtg	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccgaaggag
------------	------------	------------	------------	------------	------------

120	atcatcctgg	gcgaggagag	gctggagacc	ggcaacaccg	tggccgacat	ctccctgggc
180	ctgatcaact	tcctgtactc	caacttcgtg	ccgggcgggc	gcttcatcgt	gggcctgctg
240	gagctgatct	ggggcttcat	cggcccgtcc	cagtgggaca	tcttcctggc	ccagatcgag
300	cagctgatct	cccagaggat	cgaggagttc	gccaggaacc	aggccatctc	caggctggag
360	ggcctgtcca	acctgtacaa	ggtgtacgcc	agggccttct	ccgactggga	ggaggacccg
420	accaacccgg	ccctgaggga	ggagatgagg	atccagttca	acgacatgaa	ctccgccctg
480	atcaccgcca	tcccgtgttt	caggggtgcag	aactacgagg	tggccctgct	gtccgtgtac
540	gtgcaggccg	ccaacctgca	cctgtccatc	ctgagggaca	tctccgtgtt	cggcgagagg
600	tggggctacg	acaccgccac	catcaacaac	aggtactccg	acctgacctc	cctgatccac
660	gtgtacacca	accactgctg	ggacacctac	aaccagggcc	tgaagctgct	ggagggcagg
720	ttcctgtccg	actggatcgt	gtacaacagg	ttcaggaggc	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcgtgg	ccttcttccc	gaactacgac	atcagggcct	acccgatcca	gacctcctcc
840	cagctgacca	gggagatcta	cacctcctcc	gtgatcgagg	actccccggt	gtccgccaac
900	atcccgaacg	gcttcaacag	ggccgagttc	ggcgtgaggc	cgccgcacct	gatggacttc
960	atgaactccc	tgttcgtgac	cgccgagacc	gtgaggtccc	agaccgtgtg	gggcgggccac
1020	ctgggtgtcct	ccaggaacac	cgccggcaac	ccgatcaact	tcccgatcta	cggcatcttc
1080	aacccggggc	gcgccatctg	gatcgccgac	gaggacccga	ggccgttcta	caggaccctg
1140	tccgacccgg	tgttcgtgag	gggcggcttc	ggcaaccgc	actacgtgct	gggcctgagg
1200	ggcgtggcct	tccagcagac	cggcaccaac	cacaccagga	ccttcaggaa	ctccggcacc
1260	atcgactccc	tggacgagat	cccgccgag	gacaactccg	gcgccccgtg	gaacgactac
1320	ttccacgtgc	tgaaccacgt	gaccttcgtg	aggtggccgg	gcgagatcgc	cggctccgac
1380	tcctggaggg	ccccgatgtt	ctcctggacc	cacaggtccg	ccgacaggac	caacatcatc
1440	aacccgaaca	tcatcaccca	gatcccgcc	gtgaaggccc	acaacctgca	ctccggctcc
1500	accgtggtga	ggggcccggg	cttcaccggc	ggcgacctgc	tgaggaggac	caacaccggc
1560	accttcgccg	acatcagggt	gaacatcacc	ggcccgtgt	cccagaggta	cagggtgagg
1620	atcaggtacg	cctccaccac	cgacctgcag	ttcttcacca	ggatcaacgg	cacctccgtg
	aaccagggca	acttccagag	gaccatgaac	aggggcggca	acctggagtc	cggcaacttc

1680	aggaccgccc	gcttctccac	cccgttctcc	ttctccaacg	cccagtccac	cttcaccctg
1740	ggcaccacagg	ccttctccaa	ccaggaggtg	tacatcgaca	ggatcgagtt	cgtgccggcc
1800	gaggtgacct	tcgaggccga	gtccgacctg	gagagggccc	agaaggccgt	gaacgccctg
1860	ttcacctcca	cctcccagct	gggcctgaag	accaacgtga	ccggctacca	catcgaccag
1920	gtgtccaacc	tggtggcctg	cctgtcc			
1947						

Número de secuencia (ID): 83

Longitud: 1929

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1929

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgaagaaca	acatccagaa	ccagtgcgtg	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggtg
120	gagatcctgt	ccgaggagag	gtccaccggc	aggctgccgc	tggacatctc	cctgtccctg
180	accaggttcc	tgctgtccga	gttcgtgccg	ggcgtggggc	tggccttcgg	cctgttcgac
240	ctgatctggg	gcttcatcac	cccgtccgag	tggtccctgt	tcctgctgca	gatcgagcag
300	ctgatcgagc	agaggatcga	gaccctggag	aggaacaggg	ccatcaccac	cctgaggggc
360	ctggccgact	cctacgaggt	gtacctggag	gccctgaggg	agtgggagga	gaacccgaac
420	aacgcccagc	tgagggagga	cgtgaggatc	aggttcgcca	acaccgacga	cgccctgac
480	accgccatca	acaacttcac	cctgacctcc	ttcgagatcc	cgctgctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtcccctgtg	agggacgccg	tgtccttcgg	ccagggtctg
600	ggcctggaca	tcgccaccgt	gaacaaccac	tacaacaggc	tgatcaacct	gatccacagg
660	tacaccgagc	actgcctgga	cacctacaac	cagggcctgg	agaacctgag	gggcaccaac
720	accaggcagt	ggtccaggtt	caaccagttc	aggagggagc	tgaccctgac	cgtgctggac
780	atcgtggccc	tgttcccga	ctacgacgcc	agggcctacc	cgatccagac	cgccaccag
840	ctgtccaggg	aggtgtacct	ggacctgccg	ttcatcaacg	agaacctgtc	cccggccgcc
900	tcctacccga	ccttctccgc	cgccgagtcc	gccatcatca	ggtccccgca	cctggtggac
960	ttcctgaaca	acttcacat	ctacaccgac	tccctggcct	cctacgccta	ctggggcggc
	cacagggtga	ggtccttcag	gaccggcacc	accaccaacc	tgatccagtc	cccgtgttac

1020	ggcagggagg	gcaacaccga	gaggccggtg	accatctggg	cctcctcctc	cgtgccgatc
1080	ttcaggaccc	tgtcctacgt	gaccggcctg	aacaacagga	acccggtggc	cggcatcgag
1140	ggcgtggagt	tccaggacac	caccggcagg	tccatctaca	ggaagtccgg	cccgatcgac
1200	tccttctccg	agctgccgcc	gcaggacgcc	aacatctccc	cgaccatcgg	ctactcccac
1260	aggctgtgcc	acgccacctt	cctggagagg	atctccggcc	cgaggatcgc	cggcgtgggtg
1320	ttctcctgga	cccacaggtc	cgctccccg	accaacgagg	tgtccccgtc	caggatcacc
1380	cagatcccgg	ccgtgaaggc	ccacaacctg	cactccggct	ccaccgtggt	gaggggccccg
1440	ggcttcaccg	gcggcgacct	gctgaggagg	accaacaccg	gcaccttcgc	cgacatcagg
1500	gtgaacatca	ccggccccgct	gtcccagagg	tacagggtga	ggatcaggta	cgctccacc
1560	accgacctgc	agttcttcac	caggatcaac	ggcacctccg	tgaaccaggg	caacttcag
1620	aggaccatga	acagggggcgg	caacctggag	tccggcaact	tcaggaccgc	cggcttctcc
1680	accccgttct	ccttctccaa	cgcccagtcc	accttcaccc	tgggcaccca	ggccttctcc
1740	aaccaggagg	tgtacatcga	caggatcgag	ttcgtgccgg	ccgaggtgac	cttcgaggcc
1800	gagtcggacc	tggagagggc	ccagaaggcc	gtgaacgccc	tgttcacctc	cacctcccag
1860	ctgggcctga	agaccaacgt	gaccggctac	cacatcgacc	aggtgtccaa	cctggtggcc
1920	tgctgtcc					
1929						

Número de secuencia (ID): 84

Longitud: 1932

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1932

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgaagaaca	acatccagaa	ccagtgcgtg	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggagggtg
120	gagatcctgt	ccgaggagag	gtccaccggc	aggctgccgc	tggacatctc	cctgtccctg
180	accaggttcc	tgctgtccga	gttcgtgccg	ggcgtggggc	tggccttcgg	cctgttcgac
240	ctgatctggg	gcttcacac	cccgtccgag	tggctccctgt	tcctgctgca	gatcgagcag
300	ctgatcgagc	agaggatcga	gaccctggag	aggaacaggg	ccatcaccac	cctgaggggc
	ctggccgact	cctacgagggt	gtacctggag	gccctgaggg	agtgggagga	gaacccgaac

360	aacgcccagc	tgagggagga	cgtgaggatc	aggttcgcca	acaccgacga	cgccctgatac
420	accgccatca	acaacttcac	cctgacctcc	ttcgagatcc	cgctgctgtc	cgtgtacgtg
480	caggccgcca	acctgcacct	gtcccctgctg	aggggacgccg	tgtccttcgg	ccagggtctg
540	ggcctggaca	tcgccaccgt	gaacaaccac	tacaacaggc	tgatcaacct	gatccacagg
600	tacaccgagc	actgcctgga	cacctacaac	cagggcctgg	agaacctgag	gggcaccaac
660	accaggcagt	ggtccagggt	caaccagttc	aggaggagc	tgacctgac	cgtgctggac
720	atcgtggccc	tggtcccgaa	ctacgacgcc	agggcctacc	cgatccagac	ctcctcccag
780	ctgaccaggg	agatctacac	ctcctccgtg	atcgaggact	ccccggtgtc	cgccaacatc
840	ccgaacggct	tcaacagggc	cgagttcggc	gtgaggccgc	cgcacctgat	ggacttcatg
900	aactccctgt	tcgtgaccgc	cgagaccgtg	aggtcccaga	ccgtgtgggg	cggccacctg
960	gtgtcctcca	ggaacaccgc	cggcaaccgc	atcaacttcc	cgatctacgg	catcttcaac
1020	ccgggcggcg	ccatctggat	cgccgacgag	gacccgaggc	cgttctacag	gaccctgtcc
1080	gacccggtgt	tcgtgagggg	cggcttcggc	aacccgcact	acgtgctggg	cctgaggggc
1140	gtggccttcc	agcagaccgg	caccaaccac	accaggacct	tcaggaactc	cggcaccatc
1200	gactccctgg	acgagatccc	gccgcaggac	aactccggcg	ccccgtggaa	cgactactcc
1260	cacgtgctga	accacgtgac	cttcgtgagg	tggccgggcg	agatcgccgg	ctccgactcc
1320	tggaggggccc	cgatgttctc	ctggaccac	aggtccgccg	acaggaccaa	catcatcaac
1380	ccgaacatca	tcacccagat	cccgtgggtg	aaggccaaca	ccctggcctc	cggcgcctcc
1440	gtgatcaagg	gcccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ccaggaactc	catgggcgac
1500	ctgggctccc	tgagggtgac	cttcaccggc	aggctgccgc	agtcctacta	catcaggttc
1560	aggtacgcct	ccgtggccaa	caggtccggc	tccttcaggt	actcccagcc	gccgtcctac
1620	ggcatctcct	tcccgaagac	catggacgcc	ggcgagccgc	tgacctccag	gtccttcgcc
1680	ctgaccaccc	tgttcacccc	gatcaccttc	tccaggggccc	aggaggagtt	cgacctgtac
1740	atccagaccg	gcgtgtacat	cgacaggatc	gagttcatcc	cggtgaccgc	caccctggag
1800	gccgagtacg	acctggagag	ggcccaggag	gccgtgaacg	ccctgttcac	ctcctccaac
1860	cagctggggcc	tgaagaccga	cgtgaccgac	taccacatcg	accaggtgtc	caacctgggtg
1920						

gactgcctgt cc

1932

Número de secuencia (ID): 85

Longitud: 1983

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1983

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caacccggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagtctgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gacctcctcc
840	cagctgacca	gggaggtgta	caccgacccg	gtgatcaaca	tcaccgacta	cagggtgggc
900	ccgtccttcg	agaacatcga	gaactccgcc	atcagggtccc	cgcacctgat	ggacttcctg
960	aacaacctga	ccatcgacac	cgacctgatc	aggggcgtgc	actactgggc	cggccacagg
1020	gtgacctccc	acttcaccgg	ctcctcccag	gtgatcacca	ccccgcagta	cggcatcacc
1080	gccaacgccg	agccgaggag	gaccatcgcc	ccgtccacct	tcccgggcct	gaacctgttc
1140	tacaggaccc	tgtccaaccc	gttcttcagg	aggtccgaga	acatcacccc	gacctggggc
1200	atcaacgtgg	tgcagggcgt	gggcttcatc	cagccgaaca	acgccgaggt	gctgtacagg
1260	tccaggggca	ccgtggactc	cctgaacgag	ctgccgatcg	acggcgagaa	ctccctggtg

1320	ggctactccc	acaggctgtc	ccacgtgacc	ctgaccaggt	ccctgtacaa	caccaacatc
1380	acctccctgc	cgaccttcgt	gtggaccac	cactccgcca	ccctgaccaa	caccatcgac
1440	ccggagagga	tcaaccagat	cccgtggtg	aagggttca	gggtgtgggg	cggcacctcc
1500	gtgatcaccg	gcccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ggaggaacac	cttcggcgac
1560	ttcgtgtccc	tgcagggtgaa	catcaactcc	ccgatcacc	agaggtacag	gctgaggttc
1620	aggtacgcct	cctccaggga	cgccagggtg	atcgtgctga	ccggcgccgc	ctccaccggc
1680	gtgggcggcc	aggtgtccgt	gaacatgccg	ctgcagaaga	ccatggagat	cggcgagaac
1740	ctgacctcca	ggaccttcag	gtacaccgac	ttctccaacc	cgttctcctt	cagggccaac
1800	ccggacatca	tcggcatctc	cgagcagccg	ctgttcggcg	ccggctccat	ctcctccggc
1860	gagctgtaca	tcgacaagat	cgagatcatc	ctggccgacg	ccaccttcga	ggccgagtcc
1920	gacctggaga	gggcccagaa	ggccgtgaac	gccctgttca	cctcctccaa	ccagatcggc
1980	ctgaagaccg	acgtgaccga	ctaccacatc	gaccaggtgt	ccaacctggt	ggactgcctg
1983	tcc					

Número de secuencia (ID): 86

Longitud: 1944

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1944

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtgc	gtgccgtaca	actgcctgaa	caacccggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagttcgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg

600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gcagctgacc
840	agggagggtgt	acaccgaccc	gctgatcaac	ttcaaccgcg	agctgcagtc	cgtggcccag
900	ctgccgacct	tcaacgtgat	ggagtcctcc	gccatcagga	acccgcacct	gttcgacatc
960	ctgaacaacc	tgaccatctt	caccgactgg	ttctccgtgg	gcaggaactt	ctactggggc
1020	ggccacaggg	tgatctcctc	cctgatcggc	ggcggcaaca	tcacctcccc	gatctacggc
1080	agggaggcca	accaggagcc	gccgaggctc	ttcaccttca	acggcccggg	gttcaggacc
1140	ctgtccaacc	cgaccctgag	gctgctgcag	cagccgtggc	cggccccgcc	gttcaacctg
1200	aggggcgtgg	agggcgtgga	gttctccacc	ccgaccaact	ccttcaccta	caggggcagg
1260	ggcaccgtgg	actccctgac	cgagctgccg	ccggaggaca	actccgtgcc	gccgagggag
1320	ggctactccc	acaggctgtg	ccacgccacc	ttcgtgcaga	ggtccggcac	cccgttcctg
1380	accaccggcg	tggtgttctc	ctggaccac	aggtccgcca	ccaacaccaa	caccatcaac
1440	ccggacatca	tcaccagat	cccgtgggtg	aagggttca	ggctggggcg	cggcacctcc
1500	gtgatcaagg	gcccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ggaggaacac	catcggcgag
1560	ttcgtgtccc	tgcaggtgaa	catcaactcc	ccgatcacc	agaggtacag	gctgaggttc
1620	aggtacgcct	cctccaggga	cgccaggatc	accgtggcca	tcggcggcca	gatcagggtg
1680	gacatgaccc	tggagaagac	catggagatc	ggcgagtccc	tgacctccag	gaccttctcc
1740	tacaccaact	tctccaaccc	gttctccttc	agggccaacc	cggacatcat	caggatcgcc
1800	gaggagctgc	cgatcagggg	cggcgagctg	tacatcgaca	agatcgagct	gacacctggc
1860	gacgccacct	tcgaggagga	gtacgacctg	gagaggggcc	agaaggccgt	gaacgccctg
1920	ttcacctcca	ccaaccagct	gggcctgaag	accgacgtga	ccgactacca	catcgaccag
1944	gtgtccaacc	tggtggagtg	cctg			

Número de secuencia (ID): 87

Longitud: 1983

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1983

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggagatcg	tgaacaacca	gaaccagtg	gtgccgtaca	actgcctgaa	caaccgggag
120	aacgagatcc	tggacatcga	gaggtccaac	tccaccgtgg	ccaccaacat	cgccctggag
180	atctccaggc	tgctggcctc	cgccaccccg	atcggcggca	tcctgctggg	cctgttcgac
240	gccatctggg	gctccatcgg	cccgtcccag	tgggacctgt	tcctggagca	gatcgagctg
300	ctgatcgacc	agaagatcga	ggagtctgcc	aggaaccagg	ccatctccag	gctggagggc
360	atctcctccc	tgtacggcat	ctacaccgag	gccttcaggg	agtgggaggc	cgacccgacc
420	aacccggccc	tgaaggagga	gatgaggacc	cagttcaacg	acatgaactc	catcctggtg
480	accgccatcc	cgctgttctc	cgtgcagaac	taccaggtgc	cgttcctgtc	cgtgtacgtg
540	caggccgcca	acctgcacct	gtccgtgctg	agggacgtgt	ccgtgttcgg	ccaggcctgg
600	ggcttcgaca	tcgccaccat	caactccagg	tacaacgacc	tgaccaggct	gatcccgatc
660	tacaccgact	acgccgtgag	gtggtacaac	accggcctgg	acaggctgcc	gaggaccggc
720	ggcctgagga	actgggccag	gttcaaccag	ttcaggaggg	agctgaccat	ctccgtgctg
780	gacatcatct	ccttcttcag	gaactacgac	tccaggctgt	acccgatccc	gcagctgacc
840	agggaggtgt	acaccgaccc	gctgatcaac	ttcaaccgcg	agctgcagtc	cgtggcccag
900	ctgccgacct	tcaacgtgat	ggagtccctc	gccatcagga	acccgcacct	gttcgacatc
960	ctgaacaacc	tgaccatctt	caccgactgg	ttctccgtgg	gcaggaactt	ctactggggc
1020	ggccacaggg	tgatctcctc	cctgatcggc	ggcggcaaca	tcacctcccc	gatctacggc
1080	agggaggcca	accaggagcc	gccgaggtcc	ttcaccttca	acggcccggg	gttcaggacc
1140	ctgtccaacc	cgaccctgag	gctgctgcag	cagccgtggc	cggccccgcc	gttcaacctg
1200	aggggcgtgg	agggcgtgga	gttctccacc	ccgaccaact	ccttcaccta	caggggcagg
1260	ggcaccgtgg	actccctgac	cgagctgccg	ccggaggaca	actccgtgcc	gccgagggag
1320	ggctactccc	acaggctgtg	ccacgccacc	ttcgtgcaga	ggcctggcac	cccgttcctg
1380	accaccggcg	tggtgttctc	ctggaccac	aggtccgcca	ccctgaccaa	caccatcgac
1440	ccggagagga	tcaaccagat	cccgtggtg	aagggttca	gggtgtgggg	cggcacctcc
	gtgatcaccg	gcccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ggaggaacac	cttcggcgac

1500	ttcgtgtccc	tgcaggtgaa	catcaactcc	ccgatcacc	agaggtacag	gctgaggttc
1560	aggtacgcct	cctccaggga	cgccagggtg	atcgtgctga	ccggcgccgc	ctccaccggc
1620	gtgggcggcc	aggtgtccgt	gaacatgccg	ctgcagaaga	ccatggagat	cggcgagAAC
1680	ctgacctcca	ggaccttcag	gtacaccgac	ttctccaacc	cgttctcctt	caggGCCAAC
1740	ccggacatca	tcggcatctc	cgagcagccg	ctgttcggcg	ccggctccat	ctcctccggc
1800	gagctgtaca	tcgacaagat	cgagatcatc	ctggccgacg	ccaccttcga	ggccgagtcc
1860	gacctggaga	gggcccagaa	ggccgtgaac	gccctgttca	cctcctccaa	ccagatcggc
1920	ctgaagaccg	acgtgaccga	ctaccacatc	gaccaggtgt	ccaacctggt	ggactgcctg
1980	tcc					
1983						

Número de secuencia (ID): 88

Longitud: 1944

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1944

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatccc	gacctcctcc

```

780      cagctgacca gggagggtgta caccgacccg gtgatcaaca tcaccgacta cagggtgggc
840      ccgtccttcg agaacatcga gaactccgcc atcaggtccc cgcacctgat ggacttcctg
900      aacaacctga ccatcgacac cgacctgatc aggggctgtc actactgggc cggccacagg
960      gtgacctccc acttcaccgg ctctctccag gtgatcacca ccccgagta cggcatcacc
1020     gccaacgccg agccgaggag gaccatcgcc ccgtccacct tcccgggcct gaacctgttc
1080     tacaggaccc tgtccaaccc gttcttcagg aggtccgaga acatcacccc gaccctgggc
1140     atcaacgtgg tgcagggcgt gggcttcac cagccgaaca acgccgaggt gctgtacagg
1200     tccaggggca ccgtggactc cctgaacgag ctgccgatcg acggcgagaa ctccctggtg
1260     ggctactccc acaggctgtc ccacgtgacc ctgaccaggt ccctgtacaa caccaacatc
1320     acctccctgc cgaccttcgt gtggaccac cactccgcca ccaacaccaa caccatcaac
1380     ccggacatca tcaccagat cccgctggtg aagggttca ggctgggcgg cggcacctcc
1440     gtgatcaagg gcccgggctt caccggcggc gacatcctga ggaggaacac catcggcgag
1500     ttcgtgtccc tgcaggtgaa catcaactcc ccgatcacc agaggtacag gctgaggttc
1560     aggtacgcct cctccaggga cgccaggatc accgtggcca tcggcggcca gatcagggtg
1620     gacatgaccc tggagaagac catggagatc ggcgagtccc tgacctccag gaccttctcc
1680     tacaccaact tctccaaccc gttctcctt agggccaacc cggacatcat caggatcgcc
1740     gaggagctgc cgatcagggg cggcgagctg tacatcgaca agatcgagct gatcctggcc
1800     gacgccacct tcgaggagga gtacgacctg gagagggcc agaaggccgt gaacgcctg
1860     ttcacctcca ccaaccagct gggcctgaag accgacgtga ccgactacca catcgaccag
1920     gtgtccaacc tgggtggagt cctg
1944

```

Número de secuencia (ID): 89

Longitud: 1992

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1992

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

```

60      atggaggaga acaaccagaa ccagtgcac ccgtacaact gcctgtccaa cccggaggag
      gtgctgctgg acggcgagag gatctccacc ggcaactcct ccatcgacat ctccctgtcc

```

120	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcgggcg	gcttcctggt	gggcctgata
180	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
240	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
300	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
360	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
420	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
480	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggaat	ccgtgatctt	cggcgagagg
540	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
600	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
660	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
720	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccggtgggc
780	acctcctccc	agctgaccag	ggaggtgtac	accgaccggg	tgatcaacat	caccgactac
840	agggtggggc	cgtccttcga	gaacatcgag	aactccgcca	tcaggtcccc	gcacctgatg
900	gacttcctga	acaacctgac	catcgacacc	gacctgatca	ggggcgtaga	ctactggggc
960	ggccacaggg	tgacctccca	cttcaccggc	tcctcccagg	tgatcaccac	cccgcagtac
1020	ggcatcaccg	ccaacgccga	gccgaggagg	accatcgccc	cgtccacctt	cccgggcctg
1080	aacctgttct	acaggacctt	gtccaacccg	ttcttcagga	ggtccgagaa	catcaccccg
1140	accctgggca	tcaacgtggt	gcagggcgtg	ggcttcatcc	agccgaacaa	cgccgaggtg
1200	ctgtacaggt	ccaggggcac	cgtggactcc	ctgaacgagc	tgccgatcga	cggcgagaac
1260	tccctggtgg	gctactccca	caggctgtcc	cacgtgacct	tgaccaggtc	cctgtacaac
1320	accaacatca	cctccctgcc	gaccttcgtg	tggaccacc	actccgccac	cctgaccaac
1380	accatcgacc	cggagaggat	caaccagatc	ccgctggtga	agggccttcag	ggtgtggggc
1440	ggcacctccg	tgatcaccgg	cccgggcttc	accggcgggc	acatcctgag	gaggaacacc
1500	ttcggcgact	tcgtgtccct	gcaggtgaac	atcaactccc	cgatcaccca	gaggtacagg
1560	ctgaggttca	ggtacgcctc	ctccagggac	gccagggtga	tcgtgctgac	cggcgccgcc
1620	tccaccggcg	tgggcggcca	ggtgtccgtg	aacatgccgc	tgagaagac	catggagatc
1680						

1740	ggcgagaacc	tgacctccag	gaccttcagg	tacaccgact	tctccaaccc	gttctccttc
1800	agggccaacc	cggacatcat	cggcatctcc	gagcagccgc	tgttcggcgc	cggctccatc
1860	tcctccggcg	agctgtacat	cgacaagatc	gagatcatcc	tggccgacgc	caccttcgag
1920	gccgagtccg	acctggagag	ggcccagaag	gccgtgaacg	ccctgttcac	ctcctccaac
1980	cagatcggcc	tgaagaccga	cgtgaccgac	taccacatcg	accaggtgtc	caacctgggtg
1992	gactgcctgt cc					

Número de secuencia (ID): 90

Longitud: 1953

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1953

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgatc	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccggtgggc
840	cagctgacca	gggaggtgta	caccgacccg	ctgatcaact	tcaacccgca	gctgcagtcc
900	gtggcccagc	tgccgacctt	caacgtgatg	gagtcctccg	ccatcaggaa	cccgcacctg
960	ttcgacatcc	tgaacaacct	gaccatcttc	accgactggt	tctccgtggg	caggaacttc

1020	tactggggcg	gccacagggt	gatctcctcc	ctgatcggcg	gcggcaacat	cacctccccg
1080	atctacggca	gggaggccaa	ccaggagccg	ccgaggtcct	tcaccttcaa	cggcccgggtg
1140	ttcaggaccc	tgtccaaccc	gacctgagg	ctgctgcagc	agccgtggcc	ggccccgccg
1200	ttcaacctga	ggggcgtgga	gggcgtggag	ttctccaccc	cgaccaactc	cttcacctac
1260	aggggcaggg	gcaccgtgga	ctccctgacc	gagctgccgc	cggaggacaa	ctccgtgccg
1320	ccgagggagg	gctactccca	caggctgtgc	cacgccacct	tcgtgcagag	gtccggcacc
1380	ccgttcctga	ccaccggcgt	ggtgttctcc	tggaccaca	ggtccgccac	caacaccaac
1440	accatcaacc	cggacatcat	caccagatc	ccgctgggtga	agggcttcag	gctgggcggc
1500	ggcacctccg	tgatcaaggg	cccgggcttc	accggcggcg	acatcctgag	gaggaacacc
1560	atcggcgagt	tcgtgtccct	gcaggatgaac	atcaactccc	cgatcaccca	gaggtacagg
1620	ctgaggttca	ggtacgcctc	ctccagggac	gccaggatca	ccgtggccat	cggcggccag
1680	atcagggtgg	acatgaccct	ggagaagacc	atggagatcg	gcgagtcctc	gacctccagg
1740	accttctcct	acaccaactt	ctccaacccg	ttctccttca	gggccaaccc	ggacatcatc
1800	aggatcgccg	aggagctgcc	gatcaggggc	ggcgagctgt	acatcgacaa	gatcgagctg
1860	atcctggccg	acgccacctt	cgaggaggag	tacgacctgg	agagggccca	gaaggccgtg
1920	aacgccctgt	tcacctccac	caaccagctg	ggcctgaaga	ccgacgtgac	cgactaccac
1953	atcgaccagg	tgtccaacct	ggtggagtgc	ctg		

Número de secuencia (ID): 91

Longitud: 2103

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2103

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgaactccg	tgctgaactc	cggcaggacc	accatctgcg	acgcctacaa	cgtggtggcc
120	cacgacccgt	tctccttcga	gcacaagtcc	ctggacacca	tccagaagga	gtggatggag
180	tggaagagga	ccgaccactc	cctgtacgtg	gccccgggtg	tgggcaccgt	gtcctccttc
240	ctgctgaaga	aggtgggctc	cctgatcggc	aagaggatcc	tgtccgagct	gtggggcatc
300	atcttcccgt	ccggctccac	caacctgatg	caggacatcc	tgaggagagac	cgagcagttc

360	ctgaaccaga	ggctgaacac	cgacaccctg	gccagggtga	acgccgagct	gatcggcctg
420	caggccaaca	tcagggagtt	caaccagcag	gtggacaact	tcctgaaccc	gaccagaac
480	ccggtgccgc	tgtccatcac	ctcctccgtg	aacaccatgc	agcagctgtt	cctgaacagg
540	ctgccgcagt	tccagatcca	gggctaccag	ctgctgctgc	tgccgctgtt	cgcccaggcc
600	gccaacatgc	acctgtcctt	catcaggga	gtgatcctga	acgccgacga	gtggggcatc
660	tccgccgcca	ccctgaggac	ctacaggga	tacctgagga	actacaccag	ggactactcc
720	aactactgca	tcaacaccta	ccagaccgcc	ttcagggggc	tgaacaccag	gctgcacgac
780	atgctggagt	tcaggaccta	catgttcctg	aacgtgttcg	agtacgtgtc	catctggtcc
840	ctgttcaagt	accagtcctt	gatggtgtcc	tccggcgcca	acctgtacgc	ctccggctcc
900	ggcccgcagc	agaccagtc	cttcaccgcc	cagaactggc	cgttcctgta	ctccctgttc
960	caggtgaact	ccaactacat	cctgtccggc	atctccggca	ccaggctgtc	catcaccttc
1020	ccgaacatcg	gcggcctgcc	gggctccacc	accaccact	ccctgaactc	cgccagggtg
1080	aactactccg	gcggcgtgtc	ctccggcctg	atcggcgcca	ccaacctgaa	ccacaacttc
1140	aactgctcca	ccgtgctgcc	gccgctgtcc	accccgttcg	tgaggtcctg	gctggactcc
1200	ggcaccgaca	gggagggcgt	ggccacctcc	accaactggc	agaccgagtc	cttcagacc
1260	accctgtccc	tgaggtgcgg	cgcttctcc	gccaggggca	actccaacta	cttcccggac
1320	tacttcatca	ggaacatctc	cggcgtgccg	ctggtgatca	ggaacgagga	cctgaccagg
1380	ccgctgcact	acaaccagat	caggaacatc	gagtccccgt	ccggcacccc	gggcggcgcc
1440	agggcctacc	tggtgtccgt	gcacaacagg	aagaacaaca	tctacgccgc	caacgagaac
1500	ggcaccatga	tccacctggc	cccggaggac	tacaccggca	ccctgaccaa	caccatcgac
1560	ccggagagga	tcaaccagat	cccgtggtg	aagggttca	gggtgtgggg	cggcacctcc
1620	gtgatcaccg	gcccgggctt	caccggcggc	gacatcctga	ggaggaacac	cttcggcgac
1680	ttcgtgtccc	tgcaggtgaa	catcaactcc	ccgatcacc	agaggtacag	gctgaggttc
1740	aggtacgcct	cctccaggga	cgccagggtg	atcgtgctga	ccggcgccgc	ctccaccggc
1800	gtgggcggcc	aggtgtccgt	gaacatgccg	ctgcagaaga	ccatggagat	cggcgagaac
1860	ctgacctcca	ggaccttcag	gtacaccgac	ttctccaacc	cgttctcctt	cagggccaac
	ccggacatca	tcggcatctc	cgagcagccg	ctgttcggcg	ccggctccat	ctcctccggc

1920 gagctgtaca tcgacaagat cgagatcatc ctggccgacg ccaccttcga ggccgagtcc
 1980 gacctggaga gggcccagaa ggccgtgaac gccctgttca cctcctccaa ccagatcggc
 2040 ctgaagaccg acgtgaccga ctaccacatc gaccaggtgt ccaacctggg ggactgcctg
 2100 tcc
 2103

Número de secuencia (ID): 92

Longitud: 1869

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1869

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60 atgaactccg tgctgaactc cggcaggacc accatctgcg acgcctacaa cgtggtggcc
 120 cacgacccgt tctccttcga gcacaagtcc ctggacacca tccagaagga gtggatggag
 180 tggaagagga ccgaccactc cctgtacgtg gccccgggtg tgggcaccgt gtcctccttc
 240 ctgctgaaga aggtgggctc cctgatcggc aagaggatcc tgtccgagct gtggggcatc
 300 atcttcccgt ccggctccac caacctgatg caggacatcc tgagggagac cgagcagttc
 360 ctgaaccaga ggctgaacac cgacaccctg gccaggggtga acgccgagct gatcggcctg
 420 caggccaaca tcaggaggtt caaccagcag gtggacaact tcctgaaccc gaccagaac
 480 ccggtgccgc tgtccatcac ctctccgtg aacaccatgc agcagctgtt cctgaacagg
 540 ctgccgcagt tccagatcca gggctaccag ctgctgctgc tgccgctgtt cgcccaggcc
 600 gccaacatgc acctgtcctt catcagggac gtgatcctga acgccgacga gtggggcatc
 660 tccgccgcca ccctgaggac ctacagggac tacctgagga actacaccag ggactactcc
 720 aactactgca tcaacaccta ccagaccgcc ttcaggggcc tgaacaccag gctgcacgac
 780 atgctggagt tcaggaccta catgttcctg aacgtgttcg agtacgtgtc catctggtcc
 840 ctgttcaagt accagtccca gctgaccagg gaggtgtaca ccgaccgct gatcaacttc
 900 aacccgcagc tgcagtccgt ggcccagctg ccgaccttca acgtgatgga gtcctccgcc
 960 atcaggaacc cgcacctgtt cgacatcctg aacaacctga ccatcttcac cgactggttc
 1020 tccgtgggca ggaacttcta ctggggcggc cacagggtga tctcctccct gatcggcggc
 ggcaacatca cctccccgat ctacggcagg gaggccaacc aggagccgcc gaggtccttc

1080	accttcaacg	gcccgggtgtt	caggaccctg	tccaacccga	ccctgaggct	gctgcagcag
1140	ccgtggccgg	ccccgccgtt	caacctgagg	ggcgtggagg	gcgtggagtt	ctccaccccg
1200	accaactcct	tcacctacag	gggcaggggc	accgtggact	ccctgaccga	gctgccgccg
1260	gaggacaact	ccgtgccgcc	gagggagggc	tactcccaca	ggctgtgcca	cgccaccttc
1320	gtgcagaggt	ccggcacccc	gttcctgacc	accggcgtgg	tgttctcctg	gaccacaggg
1380	tccgccaaca	tctacgccgc	caacgagaac	ggcaccatga	tccacctggc	cccggaggag
1440	tacaccggct	tcaccatctc	cccgatccac	gccacccagg	tgaacaacca	gaccaggacc
1500	ttcatctccg	agaagttcgg	caaccagggc	gactccctga	ggttcgagca	gtccaacacc
1560	accgccaggt	acaccctgag	gggcaacggc	aactcctaca	acctgtacct	gagggtgtcc
1620	tccatcggca	actccaccat	cagggtgacc	atcaacggca	gggtgtacac	cgtgtccaac
1680	gtgaacacca	ccaccaacaa	cgacggcgtg	aacgacaacg	gcgccagggt	ctccgacatc
1740	aacatcggca	acatcgtggc	ctccgacaac	accaacgtga	ccctggacat	caacgtgacc
1800	ctgaactccg	gcaccccggt	cgacctgatg	aacatcatgt	tcgtgccgac	caacctgccg
1860	ccgctgtac					
1869						

Número de secuencia (ID): 93

Longitud: 2010

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2010

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atgaactccg	tgctgaactc	cggcaggacc	accatctgcg	acgcctacaa	cgtggtggcc
120	cacgaccgt	tctccttcga	gcacaagtcc	ctggacacca	tccagaagga	gtggatggag
180	tggaagagga	ccgaccactc	cctgtacgtg	gccccgggtg	tgggcaccgt	gtcctccttc
240	ctgctgaaga	aggtgggctc	cctgatcggc	aagaggatcc	tgtccgagct	gtggggcatc
300	atcttcccgt	ccggctccac	caacctgatg	caggacatcc	tgagggagac	cgagcagttc
360	ctgaaccaga	ggctgaacac	cgacaccctg	gccaggggtga	acgccgagct	gatcggcctg
420	caggccaaca	tcagggagtt	caaccagcag	gtggacaact	tcctgaaccc	gacccagaac
	ccggtgccgc	tgtccatcac	ctcctccgtg	aacaccatgc	agcagctgtt	cctgaacagg

480	ctgccgcagt	tccagatcca	gggctaccag	ctgctgctgc	tgccgctgtt	cgcccaggcc
540	gccaacatgc	acctgtcctt	catcagggac	gtgacacctga	acgccgacga	gtggggcatc
600	tccgccgcca	ccctgaggac	ctacagggac	tacctgagga	actacaccag	ggactactcc
660	aactactgca	tcaacaccta	ccagaccgcc	ttcagggggc	tgaacaccag	gctgcacgac
720	atgctggagt	tcaggaccta	catgttcctg	aacgtgttcg	agtacgtgtc	catctggtcc
780	ctgttcaagt	accagtccca	gctgaccagg	gaggtgtaca	ccgacccgct	gatcaacttc
840	aacccgcagc	tgcagtcctg	ggcccagctg	ccgaccttca	acgtgatgga	gtcctccgcc
900	atcaggaacc	cgcacctgtt	cgacatcctg	aacaacctga	ccatcttcac	cgactggttc
960	tccgtgggca	ggaacttcta	ctggggcggc	cacagggtga	tctcctccct	gatcggcggc
1020	ggcaacatca	cctccccgat	ctacggcagg	gaggccaacc	aggagccgcc	gaggtccttc
1080	accttcaacg	gcccgggtgtt	caggaccctg	tccaaccgga	ccctgaggct	gctgcagcag
1140	ccgtggccgg	ccccgccgtt	caacctgagg	ggcgtggagg	gcgtggagt	ctccaccccg
1200	accaactcct	tcacctacag	gggcaggggc	accgtggact	ccctgaccga	gctgccgccg
1260	gaggacaact	ccgtgccgcc	gagggagggc	tactcccaca	ggctgtgcca	cgccaccttc
1320	gtgcagaggt	ccggcacccc	gttcctgacc	accggcgtgg	tgttctcctg	gaccacagg
1380	tccgccaccc	tgaccaacac	catcgacccg	gagaggatca	accagatccc	gctggtgaag
1440	ggcttcaggg	tgtggggcgg	cacctccgtg	atcaccggcc	cgggcttcac	cggcggcgac
1500	atcctgagga	ggaacacctt	cggcgacttc	gtgtccctgc	aggtgaacat	caactccccg
1560	atcacccaga	ggtacaggct	gaggttcagg	tacgcctcct	ccagggacgc	caggggtgatc
1620	gtgctgaccg	gcgccgcctc	caccggcgtg	ggcggccagg	tgtccgtgaa	catgccgctg
1680	cagaagacca	tggagatcgg	cgagaacctg	acctccagga	ccttcaggta	caccgacttc
1740	tccaacccgt	tctccttcag	ggccaacccg	gacatcatcg	gcatctccga	gcagccgctg
1800	ttcggcgccg	gctccatctc	ctccggcgag	ctgtacatcg	acaagatcga	gatcatcctg
1860	gccgacgcca	ccttcgaggc	cgagtccgac	ctggagaggg	cccagaaggc	cgtgaacgcc
1920	ctgttcacct	cctccaacca	gatcggcctg	aagaccgacg	tgaccgacta	ccacatcgac
1980	caggtgtcca	acctggtgga	ctgcctgtcc			
2010						

Número de secuencia (ID): 94

Longitud: 1881

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1881

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgtgt
480	gagagggaca	tcccgctcct	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccata	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgtgt
780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccggtgggc
840	ctgatggtgt	cctccggcgc	caacctgtac	gcctccggct	ccggcccgca	gcagaccag
900	tccttcaccg	cccagaactg	gccgttcctg	tactccctgt	tccaggtgaa	ctccaactac
960	atcctgtccg	gcatctccgg	caccaggctg	tccatcacct	tcccgaacat	cggcggcctg
1020	ccgggctcca	ccaccaccca	ctccctgaac	tccgccaggg	tgaactactc	cggcggcgtg
1080	tcctccggcc	tgatcggcgc	caccaacctg	aaccacaact	tcaactgctc	caccgtgtgt
1140	ccgccgtgtg	ccaccccgtt	cgtgagggtc	tggctggact	ccggcaccga	cagggagggc
1200	gtggccacct	ccaccaactg	gcagaccgag	tccttcagaa	ccaccctgtc	cctgagggtc
1260	ggcgccttct	ccgccagggg	caactccaac	tacttcccgg	actacttcat	caggaacatc
1320	tccggcgtgc	cgctggtgat	caggaacgag	gacctgacca	ggccgctgca	ctacaaccag

1380	atcaggaaca	tcgagtcccc	gtccggcacc	ccgggcgggcg	ccagggccta	cctggtgtcc
1440	gtgcacaaca	ggaagaacaa	catctacgcc	gccaacgaga	acggcaccat	gatccacctg
1500	gccccggagg	actacaccgg	cttcaccatc	tccccgatcc	acgccacca	ggtgaacaac
1560	cagaccagga	ccttcatctc	cgagaagttc	ggcaaccagg	gcgactccct	gaggttcgag
1620	cagtccaaca	ccaccgccag	gtacaccctg	aggggcaacg	gcaactccta	caacctgtac
1680	ctgagggtgt	cctccatcgg	caactccacc	atcagggtga	ccatcaacgg	cagggtgtac
1740	accgtgtcca	acgtgaacac	caccaccaac	aacgacggcg	tgaacgacaa	cggcgccagg
1800	ttctccgaca	tcaacatcgg	caacatcgtg	gcctccgaca	acaccaacgt	gaccctggac
1860	atcaacgtga	ccctgaactc	cggcaccccg	ttcgacctga	tgaacatcat	gttcgtgccg
1881	accaacctgc	cgccgctgta	c			

Número de secuencia (ID): 95

Longitud: 2085

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..2085

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcata	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcgggcg	gcttcctggt	gggcctgata
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	gggcccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgata	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgctgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccata	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg

780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggaggt	acccgatcca	gccggtgggc
840	ctgatgggtgt	cctccggcgc	caacctgtac	gcctccggct	ccggcccgca	gcagaccag
900	tccttcaccg	cccagaactg	gccgttcctg	tactccctgt	tccaggtgaa	ctccaactac
960	atcctgtccg	gcatctccgg	caccagggtg	tccatcacct	tcccgaacat	cggcggcctg
1020	ccgggctcca	ccaccacca	ctccctgaac	tccgccaggg	tgaactactc	cggcggcgtg
1080	tcctccggcc	tgatcggcgc	caccaacctg	aaccacaact	tcaactgctc	caccgtgctg
1140	ccgccgtgt	ccaccccgtt	cgtgaggtcc	tggtctggact	ccggcaccga	cagggagggc
1200	gtggccacct	ccaccaactg	gcagaccgag	tccttcaga	ccaccctgtc	cctgaggtgc
1260	ggcgccttct	ccgccagggg	caactccaac	tacttcccgg	actacttcat	caggaacatc
1320	tccggcgtgc	cgctggtgat	caggaacgag	gacctgacca	ggccgctgca	ctacaaccag
1380	atcaggaaca	tcgagtcccc	gtccggcacc	ccgggcggcg	ccagggccta	cctggtgtcc
1440	gtgcacaaca	ggaagaacaa	catctacgcc	gccaacgaga	acggcaccat	gatccacctg
1500	gccccggagg	actacaccgg	caccctgacc	aacaccatcg	acccggagag	gatcaaccag
1560	atcccgtgg	tgaagggtt	caggggtgtg	ggcggcacct	ccgtgatcac	cggcccgggc
1620	ttcaccggcg	gcgacatcct	gaggaggaac	accttcggcg	acttcgtgtc	cctgcaggtg
1680	aacatcaact	ccccgatcac	ccagaggtag	aggctgaggt	tcaggtacgc	ctcctccagg
1740	gacgccaggg	tgatcgtgct	gaccggcgcc	gcctccaccg	gcgtgggcgg	ccaggtgtcc
1800	gtgaacatgc	cgctgcagaa	gaccatggag	atcggcgaga	acctgacctc	caggaccttc
1860	aggtagaccg	acttctccaa	cccgttctcc	ttcagggccca	acccggacat	catcggcatc
1920	tccgagcagc	cgctgttcgg	cgccggctcc	atctcctccg	gcgagctgta	catcgacaag
1980	atcgagatca	tcctggccga	cgccaccttc	gaggccgagt	ccgacctgga	gagggccag
2040	aaggccgtga	acgccctgtt	cacctcctcc	aaccagatcg	gcctgaagac	cgacgtgacc
2085	gactaccaca	tcgaccaggt	gtccaacctg	gtggactgcc	tgtcc	

Número de secuencia (ID): 96

Longitud: 1788

Tipo de Molécula: ADN

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..1788

> tipo de molécula, otro ADN

> organismo, construcción sintética

Residuos:

60	atggaggaga	acaaccagaa	ccagtgcac	ccgtacaact	gcctgtccaa	cccggaggag
120	gtgctgctgg	acggcgagag	gatctccacc	ggcaactcct	ccatcgacat	ctccctgtcc
180	ctggtgcagt	tcctggtgtc	caacttcgtg	ccgggcggcg	gcttcctggt	gggcctgac
240	gacttcgtgt	ggggcatcgt	ggggccgtcc	cagtgggacg	ccttcctggt	gcagatcgag
300	cagctgatca	acgagaggat	cgccgagttc	gccaggaacg	ccgccatcgc	caacctggag
360	ggcctgggca	acaacttcaa	catctacgtg	gaggccttca	aggagtggga	ggaggacccg
420	aacaacccgg	ccaccaggac	cagggtgatc	gacaggttca	ggatcctgga	cggcctgctg
480	gagagggaca	tcccgtcctt	caggatctcc	ggcttcgagg	tgccgtgct	gtccgtgtac
540	gcccaggccg	ccaacctgca	cctggccatc	ctgagggact	ccgtgatctt	cggcgagagg
600	tggggcctga	ccaccatcaa	cgtgaacgag	aactacaaca	ggctgatcag	gcacatcgac
660	gagtacgccg	accactgcgc	caacacctac	aacagggggc	tgaacaacct	gccgaagtcc
720	acctaccagg	actggatcac	ctacaacagg	ctgaggaggg	acctgaccct	gaccgtgctg
780	gacatcgccg	ccttcttccc	gaactacgac	aacaggagggt	acccgatcca	gccgggtgggc
840	cagctgacca	gggagggtga	caccgacccg	ctgatcaact	tcaacccgca	gctgcagtcc
900	gtggcccagc	tgccgacctt	caacgtgatg	gagtcctccg	ccatcaggaa	cccgcacctg
960	ttcgacatcc	tgaacaacct	gaccatcttc	accgactggt	tctccgtggg	caggaacttc
1020	tactggggcg	gccacagggt	gatctcctcc	ctgatcggcg	gcggcaacat	cacctccccg
1080	atctacggca	gggaggccaa	ccaggagccg	ccgaggtcct	tcaccttcaa	cggcccgggtg
1140	ttcaggaccc	tgtccaaccc	gaccctgagg	ctgctgcagc	agccgtggcc	ggccccgccg
1200	ttcaacctga	ggggcgtgga	gggcgtggag	ttctccaccc	cgaccaactc	cttcacctac
1260	aggggcaggg	gcaccgtgga	ctccctgacc	gagctgccgc	cggaggacaa	ctccgtgccg
1320	ccgagggagg	gctactccca	caggctgtgc	cacgccacct	tcgtgcagag	gtccggcacc
1380	ccgttcctga	ccaccggcgt	ggtgttctcc	tggaccacac	ggtccgcctt	caccatctcc
1440	ccgatccacg	ccaccaggt	gaacaaccag	accaggacct	tcattctccga	gaagttcggc
1500	aaccagggcg	actccctgag	gttcgagcag	tccaacacca	ccgccaggta	caccctgagg
	ggcaacggca	actcctacaa	cctgtacctg	agggtgtcct	ccatcggcaa	ctccaccatc

```

1560   aggggtgacca   tcaacggcag   ggtgtacacc   gtgtccaacg   tgaacaccac   caccaacaac
1620   gacggcgtga   acgacaacgg   cgccagggttc   tccgacatca   acatcggcaa   catcgtggcc
1680   tccgacaaca   ccaacgtgac   cctggacatc   aacgtgaccc   tgaactccgg   caccgccgttc
1740   gacctgatga   acatcatgtt   cgtgccgacc   aacctgccgc   cgctgtac
1780

```

Número de secuencia (ID): 97

Longitud: 664

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..664

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

```

60   MEENNQNQCI   PYNCLSNPEE   VLLDGERIST   GNSSIDISLS   LVQFLVSNFV   PGGGFLVGLI
120   DFVWGIVGPS   QWDAFLVQIE   QLINERIAEF   ARNAAIANLE   GLGNNFNIYV   EAFKEWEEDP
180   NNPATRTRVI   DRFRILDGLL   ERDIPSFRIS   GFEVPLLSVY   AQAANLHLAI   LRDSVIFGER
240   WGLTTINVNE   NYNRLIRHID   EYADHCANTY   NRGLNNLPKS   TYQDWITYNR   LRRDLTLTVL
300   DIAAFFPNYD   NRRYPIQPVG   QLTREVTYDP   LINFNPQLQS   VAQLPTFNVN   ESSAIRNPHL
360   FDILNNLTIF   TDWFSVGRNF   YWGGHRSVIS   LIGGGNITSP   IYGREANQEP   PRSFTFNGPV
420   FRTLSNPTLR   LLQQPWPAPP   FNLRGVEGVE   FSTPTNSFTY   RGRGTVDSL T   ELPPEDNSVP
480   PREGYSHRLC   HATFVQRSQT   PFLT TG VVFS   WTHRSATLTN   TIDPERINQI   PLVKGFRVWG
540   GTSVITGPGF   TGGDILRRNT   FGDFVSLQVN   INSPITQRYR   LRFYASSRD   ARVIVLTGAA
600   STGVGGQVSV   NMPLQKTMEI   GENLTSRTFR   YTDFSNPFSF   RANPDIIGIS   EQPLFGAGSI
660   SSGELYIDKI   EIILADATFE   AESDLERAQK   AVNALFTSSN   QIGLKT DVT D   YHIDQVSNLV
664   DCLS

```

Número de secuencia (ID): 98

Longitud: 260

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..260

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

```

60   MEENNQNQCI   PYNCLSNPEE   VLLDGERIST   GNSSIDISLS   LVQFLVSNFV   PGGGFLVGLI

```

120	DFVWGIVGPS	QWDAFLVQIE	QLINERIAEF	ARNAAIANLE	GLGNNFNIYV	EAFKEWEEDP
180	NNPATRTRVI	DRFRILDGLL	ERDIPSFRIS	GFEVPLLSVY	AQAANLHLAI	LRDSVIFGER
240	WGLTTINVNE	NYNRLIRHID	EYADHCANTY	NRGLNNLPKS	TYQDWITYNR	LRRDLTLTVL
260	DIAAFFPNYD	NRRYPPIQVG				

Número de secuencia (ID): 99

Longitud: 196

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..196

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60	QLTREVYTD	LINFNPQLQS	VAQLPTFNVM	ESSAIRNPHL	FDILNNLTIF	TDWFSVGRNF
120	YWGGHRISS	LIGGGNITSP	IYGREANQEP	PRSFTFNGPV	FRTLSNPTLR	LLQQPWPAPP
180	FNLRGVEGVE	FSTPTNSFTY	RGRGTVDSLT	ELPPEDNSVP	PREGYSHRLC	HATFVQRSQT
196	PFLTGTGVFS	WTHRSA				

Número de secuencia (ID): 100

Longitud: 208

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..208

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60	TLTNTIDPER	INQIPLVKGF	RVWGGTSVIT	GPGFTGGDIL	RRNTFGDFVS	LQVNINSPIIT
120	QRYRLRFRIA	SSRDARVIVL	TGAASTGVGG	QVSVNMPLQK	TMEIGENLTS	RTFRYTDFSN
180	PFSFRANPDI	IGISEQPLFG	AGSISSGELY	IDKIEIILAD	ATFEAESDLE	RAQKAVNALF
208	TSSNQIGLKT	DVTDYHIDQV	SNLVDCLS			

Número de secuencia (ID): 101

Longitud: 690

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..690

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60	MTSNRKNENE	IINALSIPTV	SNPSTQMMLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
----	------------	------------	------------	------------	------------	------------

120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
300	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	INTSAQLTRE	IYTDPIGRTN
360	APSGFASTNW	FNNNAPSFS	IEAAIIRPPH	LLDFPEQLTI	YSASSRWSST	QHMIYWVGHR
420	LNFRPIGGTL	NTSTQGLTNN	TSINPVTLQF	TSRDVYRTES	YAGTNILFTT	PVNGVPWARF
480	NFINPQNIYE	RGTTTYSQPY	QGVGIQLFDS	ETELPPETTE	RPNYESYSHR	LSHIGLIIGN
540	TLRAPVYSWT	HRSADRTNTI	GPNRITQIPL	VKALNLHSGV	TGVRGPGFTG	GDILRRTNTG
600	TFGDIRLNIN	VPLSQRYRVR	IRYASTTDLQ	FFTRINGTTV	NIGNFSRTMN	RGDNLEYRSF
660	RTAGFSTPFN	FLNAQSTFTL	GAQSFSNQEV	YIDRVEFVPA	EVTFEAEYDL	ERAQKAVNAL
690	FTSTNPRRLK	TDVTDYHIDQ	VSNMVACLS			

Número de secuencia (ID): 102

Longitud: 282

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..282

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60	MTSNRKNENE	IINALSIPTV	SNPSTQMNLS	PDARIEDSLC	VAEVNNIDPF	VSASTVQTGI
120	NIAGRILGVL	GVPFAGQLAS	FYSFLVGELW	PSGRDPWEIF	LEHVEQLIRQ	QVTENTRNTA
180	IARLEGLGRG	YRSYQQALET	WLDNRNDARS	RSIILERYVA	LELDITTAIP	LFRIRNQEVP
240	LLMVYAQAAN	LHLLLLRDAS	LFGSEWGMAS	SDVNQYYQEQ	IRYTEEYSNH	CVQWYNTGLN
282	NLRGTNAESW	LRYNQFRRDL	TLGVLDLVAL	FPSYDTRTYP	IN	

Número de secuencia (ID): 103

Longitud: 213

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..213

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60	TSAQLTREIY	TDPIGRTNAP	SGFASTNWFN	NNAPSFS	AAIIRPPHLL	DFPEQLTIYS
	ASSRWSSTQH	MIYWVGHR	LNFRPIGGTL	NTSTQGLTNN	TSINPVTLQF	TSRDVYRTESYA

120 GTNILFTTPV NGVPWARFNF INPQNIYERG TTTYSQPYQG VGIQLFDSET ELPPEPPER
 180 NYESYSHRLS HIGLIIGNTL RAPVYSWTHR SAD
 213

Número de secuencia (ID): 104

Longitud: 195

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..195

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60 RTNTIGPNRI TQIPLVKALN LHSGVTGVRG PGFTGGDILR RTNTGTFGDI RLNINVPLSQ
 120 RYRVRIRYAS TTDLQFFTRI NGTTVNIGNF SRTMNRGDNL EYRSFRTAGF STPFNFLNAQ
 180 STFTLGAQSF SNQEVYIDRV EFVPAEVTFE AEYDLERAQK AVNALFTSTN PRRLKTDVTD
 195 YHIDQVSNMV ACLSD

Número de secuencia (ID): 105

Longitud: 657

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..657

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60 MDNNPNINEC IPYNCLSNPE VEVLGGERIE TGYTPIDISL SLTQFLLSEF VPGAGFVLGL
 120 VDIIWGIFGP SQWDAFLVQI EQLINQRIEE FARNQAISRL EGLSNLYQIY AESFREWEAD
 180 PTNPALREEM RIQFNDMNSA LTTAIPLFAV QNYQVPLLSV YVQAANLHLS VLRDVSFVGQ
 240 RWGFDAATIN SRYNDLTRLI GNYTDHAVRW YNTGLERVWG PDSRDWIRYN QFRRELTTLV
 300 LDIVSLFPNY DSRTYPIRTV SQLTREIYTN PVLENFDGSF RGSAQGIEGS IRSPHLM DIL
 360 NSITIYTD AH RGEYYWSGHQ IMASPVGFSG PEFTFPLYGT MGNAAPQQRI VAQLGQGVYR
 420 TLSSTLYRRP FNIGINNQQL SVLDGTEFAY GTSSNLPSAV YRKSGTVDSL DEIPPQNNNV
 480 PPRQGFSHRL SHVSMFRSGF SNSSVSIIRA PMFSWIHRSA EFNNIIPSSQ ITQIPLTKST
 540 NLGSGTSVVK GPGFTGGDIL RRTSPGQIST LRVNITAPLS QRYRVRIRYA STTNLQFHTS
 600 IDGRPINQGN FSATMSSGSN LQSGSFRTVG FTTPFNFSNG SSVFTLSAHV FNSGNEVYID
 657 RIEFVPAEVT FEA EYDLERA QKAVNELFTS SNQIGLKT DV TDYHIDQVSN LVECLSD

Número de secuencia (ID): 106

Longitud: 258

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..258

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	MDNNPNINEC	IPYNCLSNPE	VEVLGGERIE	TGYTPIDISL	SLTQFLLSEF	VPGAGFVLGL
120	VDIIWGIFGP	SQWDAFLVQI	EQLINQRIEE	FARNQAISRL	EGLSNLYQIY	AESFREWEAD
180	PTNPALREEM	RIQFNDMNSA	LTTAIPLFAV	QNYQVPLLSV	YVQAANLHLS	VLRDVSFVGQ
240	RWGFDAATIN	SRYNDLTRLI	GNYTDHAVRW	YNTGLERVWG	PDSRDWIRYN	QFRRELTTLV
258	LDIVSLFPNY	DSRTYPIR				

Número de secuencia (ID): 107

Longitud: 204

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..204

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	TVSQLTREIY	TNPVLENFDG	SFRGSAQGIE	GSIRSPHLM	ILNSITIYTD	AHRGEYYWSG
120	HQIMASPVGF	SGPEFTFPLY	GTMGNAAPQQ	RIVAQLGQGV	YRTLSSSTLYR	RPFNIGINNQ
180	QLSVLDGTEF	AYGTSSNLPS	AVYRKSGTVD	SLDEIPPQNN	NVPPRQGFSH	RLSHVSMFRS
204	GFSNSSVSII	RAPMFSWIHR	SAEF			

Número de secuencia (ID): 108

Longitud: 195

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..195

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	NNIIPSSQIT	QIPLTKSTNL	SGGTSVVKGP	GFTGGDILRR	TSPGQISTLR	VNITAPLSQR
120	YRVRIRYAST	TNLQFHTSID	GRPINQGNFS	ATMSSGSNLQ	SGSFRTVGFT	TPFNFSNGSS
180	VFTLSAHVFN	SGNEVYIDRI	EFVPAEVTFE	AEYDLERAQK	AVNELFTSSN	QIGLKTDVTD
195	YHIDQVSNLV	ECLSD				

Número de secuencia (ID): 109

Longitud: 157

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..157

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	NNIIPSSQIT	QIPLTKSTNL	GSGETSVVKGP	GFTGGDILRR	TSPGQISTLR	VNITAPLSQR
120	YRVIRIRYAST	TNLQFHTSID	GRPINQGNFS	ATMSSGSNLQ	SGSFRTVGFT	TPFNFSNGSS
157	VFTLSAHVFN	SGNEVYIDRI	EFVPAEVTFE	AEYDLER		

Número de secuencia (ID): 110

Longitud: 648

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..648

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	MEIVNNQNC	VPYNCLNNPE	NEILDIERSN	STVATNIALE	ISRLLASATP	IGGILLGLFD
120	AIWGSIGPSQ	WDLFLEQIEL	LIDQKIEEFA	RNQAISRLEG	ISSLYGIYTE	AFREWEADPT
180	NPALKEEMRT	QFNDMNSILV	TAIPLFSVQN	YQVPFLSVYV	QAANLHLSVL	RDVSVFGQAW
240	GFDIATINSR	YNDLTRLIPI	YTDYAVRWYN	TGLDRLPRTG	GLRNWARFNQ	FRRELTISVL
300	DIISFFRNYD	SRLYPIPTSS	QLTREVYTD	VINITDYRVG	PSFENIENSA	IRSPHLMDFL
360	NNLTIDTDLI	RGVHYWAGHR	VTSHFTGSSQ	VITTPQYGIT	ANAEPRTIA	PSTFPGLNLF
420	YRTLSNPFFR	RSENITPTLG	INVVQGVGFI	QPNNAEVLYR	SRGTVDLSNE	LPIDGENSLV
480	GYSHRLSHVT	LTRSLYNTNI	TSLPTFVWTH	HSATNTNTIN	PDIITQIPLV	KGFRLGGGTS
540	VIKGPFGFTG	DILRRNTIGE	FVSLQVNINS	PITQRYRLRF	RYASSRDARI	TVAIGGQIRV
600	DMTLEKTMEI	GESLTSRTFS	YTNFSNPFSF	RANPDIIRIA	EELPIRGGEL	YIDKIELILA
648	DATFEEEEYDL	ERAQKAVNAL	FTSTNQLGLK	TDVTDYHIDQ	VSNLVECL	

Número de secuencia (ID): 111

Longitud: 257

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..257

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 MEIVNNQNQC VPYNCLNNPE NEILDIERSN STVATNIALE ISRLLASATP IGGILLGLFD
120 AIWGSIGPSQ WDLFLEQIEL LIDQKIEEFA RNQAISRLEG ISSLYGIYTE AFREWEADPT
180 NPALKEEMRT QFNDMNSILV TAIPLFSVQN YQVPFLSVYV QAANLHLSVL RDVSVFGQAW
240 GFDIATINSR YNDLTRLIPI YTDYAVRWYN TGLDRLPRTG GLRNWARFNQ FRRELTISVL
257 DIISFFRNYD SRLYPIP

Número de secuencia (ID): 112

Longitud: 196

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..196

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 TSSQLTREVV TDPVINITDY RVGPSFENIE NSAIRSPHLM DFLNNLTIDT DLIRGVHYWA
120 GHRVTSHTFG SSQVITTPQY GITANAEP RR TIAPSTFPGL NLFYRTLSNP FFRRSENITP
180 TLGINVVQGV GFIQPNNAEV LYRSRGTVDS LNELPIDGEN SLVGYSHRLS HVTLTRSLYN
196 TNITSLPTFV WTHHSA

Número de secuencia (ID): 113

Longitud: 195

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..195

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 TNTNTINPDI ITQIPLVKGF RLGGGTSVIK GPGFTGGDIL RRNTIGEFVS LQVNINSPIT
120 QRYRLRFRYA SSRDARITVA IGGQIRVDMT LEKTMEIGES LTSRTFSYTN FSNPFSTRAN
180 PDIIRIAEEL PIRGGELYID KIELILADAT FEEEDLERA QKAVNALFTS TNQLGLKTDV
195 TDYHIDQVSN LVECL

Número de secuencia (ID): 114

Longitud: 640

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..640

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

```
MEINNQNQCV PYNCLSNPKE IILGEERLET GNTVADISLG LINFLYSNFV PGGGFIVGLL
60
ELIWGFIGPS QWDIFLAQIE QLISQRIEEF ARNQAIRLE GLSNLYKVYA RAFSDWEEDP
120
TNPALREEMR IQFNDMNSAL ITAIPFRVQ NYEVALLSVY VQAANLHLSI LRDISVFGER
180
WGYDTATINN RYSDLTSLIH VYTNHCVDY NQGLKLLEGR FLSDWIVYNR FRRQLTISVL
240
DIVAFFPNYD IRAYPIQTAT QLSREVYLDL PFINENLSPA ASYPTFSAAE SAIIRSPHLV
300
DFLNNFTIYT DSLASYAYWG GHRVRSFRTG TTTNLIQSPL YGREGNTERP VTIWASSSVP
360
IFRTLSYVTG LNNRNPVAGI EGVEFQDTTG RSIYRKSGPI DSFSELPPQD ANISPTIGYS
420
HRLCHATFLE RISGPRIAGV VFSWTHRSAS PTNEVSPSRI TQIPWVKANT LASGASVIK
480
PGFTGGDILT RNSMGDLGSL RVTFTGRLPQ SYIIRFRYAS VANRSGSFRY SQPPSYGISF
540
PKTMDAGEPL TSRSFALTTL FTPITFSRAQ EEFDLYIQTG VYIDRIEFIP VTATLEAEYD
600
LERAQEAVNA LFTSSNQLGL KTDVTDYHID QVSNLVDCLS
640
```

Número de secuencia (ID): 115

Longitud: 254

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..254

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

```
MEINNQNQCV PYNCLSNPKE IILGEERLET GNTVADISLG LINFLYSNFV PGGGFIVGLL
60
ELIWGFIGPS QWDIFLAQIE QLISQRIEEF ARNQAIRLE GLSNLYKVYA RAFSDWEEDP
120
TNPALREEMR IQFNDMNSAL ITAIPFRVQ NYEVALLSVY VQAANLHLSI LRDISVFGER
180
WGYDTATINN RYSDLTSLIH VYTNHCVDY NQGLKLLEGR FLSDWIVYNR FRRQLTISVL
240
DIVAFFPNYD IRAY
254
```

Número de secuencia (ID): 116

Longitud: 205

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..205

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

```
PIQTATQLSR EVYLDLPFIN ENLSPAASYP TFSAAESAI RSPHLVDFLN NFTIYTDSL
```

60 SYAYWGGHRV RSFRTGTTTN LIQSPLYGRE GINTERPVTIW ASSSVPIFRT LSYVTGLNNR
 120 NPVAGIEGVE FQDTTGRSIY RKSGPIDSFS ELPPQDANIS PTIGYSHRLC HATFLERISG
 180 PRIAGVVFWSW THRSASPTNE VSPSR
 205

Número de secuencia (ID): 117

Longitud: 181

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..181

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 ITQIPWVKAN TLASGASVIK GPGFTGGDIL TRNSMGDLGS LRVFTGRLP QSYIIRFRYA
 120 SVANRSGSFR YSQPPSYGIS FPKTMDAGEP LTRSFSALTT LFTPITFSRA QEEFDLYIQT
 180 GVIDRIEFI PVTATLEAEY DLERAQEAVN ALFTSSNQLG LKTDVTDYHI DQVSNLVDCL
 181 S

Número de secuencia (ID): 118

Longitud: 648

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..648

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 MKNNIQNQCV PYNCLSNPEV EILSEERSTG RLPLDISLSL TRFLLSEFVP GVGVAFLFD
 120 LIWGFITPSE WSLFLLQIEQ LIEQRIETLE RNRAITTLRG LADSYEVYLE ALREWEENPN
 180 NAQLREDVRI RFANTDDALI TAINNFTLTS FEIPLLSVYV QAANLHLSLL RDAVSFGQGW
 240 GLDIATVNNH YNRLINLIHR YTEHCLDTYN QGLENLRGTN TRQWSRFNQF RRELTTLTVLD
 300 IVALFPNYDA RAYPIQTSSQ LTREIYTSSV IEDSPVSANI PNGFNRAEFG VRPPHLMDFM
 360 NSLFVTAETV RSQTVWGGHL VSSRNTAGNP INFPIYGIFN PGGAIWIADE DPRPFYRTLS
 420 DPVFVRGGFG NPHYVLGLRG VAFQQTGTNH TRTFRNSGTI DSLDEIPPQD NSGAPWWDYS
 480 HVLNHVTFVR WPGEIAGSDS WRAPMFSWTH RSADRTNIIN PNIITQIPAV KAHNLHSGST
 540 VVRGPGFTGG DLLRRTNTGT FADIRVNITG PLSQRYRVRI RYASTTDLQF FTRINGTSVN
 600 QGNFQRTMNR GGNLESGNFR TAGFSTPFSF SNAQSTFTLG TQAFSNQEVY IDRIEFVPAE

648 VTFEAESDLE RAQKAVNALF TSTSGLGLKT NVTGYHIDQV SNLVACL

Número de secuencia (ID): 119

Longitud: 253

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..253

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 MKNNIQNQCV PYNCLSNPEV EILSEERSTG RLPLDISLSL TRFLLSEFVP GVGVAFLFD
120 LIWGFITPSE WSLFLLQIEQ LIEQRIETLE RNRAITTLRG LADSYEVYLE ALREWEENPN
180 NAQLREDEVRI RFANTDDALI TAINNFTLTS FEIPLLSVYV QAANLHLSLL RDAVSFGQGW
240 GLDIATVNNH YNRLINLIHR YTEHCLDTYN QGLENLRGTN TRQWSRFNQF RRELTTLTVLD
253 IVALFPNYDA RAY

Número de secuencia (ID): 120

Longitud: 202

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..202

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 PIQTSSQLTR EIYTSSVIED SPVSANIPNG FNRAEFGVRP PHLMDFMNSL FVTAETVRSQ
120 TVWGGHLVSS RNTAGNPINF PIYGIFNPGG AIWIADEDPR PFYRTLSDPV FVRGGFGNPH
180 YVLGLRGVAF QQTGTNHTRT FRNSGTIDSL DEIPPQDNSG APWWDYSHVL NHVTFVRWPG
202 EIAGSDSWRA PMFSWTHRSA DR

Número de secuencia (ID): 121

Longitud: 193

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..193

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

60 TNIINPNIIT QIPAVKAHNL HSGSTVVRGP GFTGGDLLRR TNTGTAFDIR VNITGPLSQR
120 YRVIRIRYAST TDLQFFTRIN GTSVNQGNFQ RTMNRGGNLE SGNFRTAGFS TPFSSNAQS
180 TFTLGTQAFS NQEVYIDRIE FVPAEVTFEA ESDLERAQKA VNALFTSTSQ LGLKTNVTGY

HIDQVSNLVA CLS

193

Número de secuencia (ID): 122

Longitud: 633

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..633

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	MNSVLNSGRT	TICDAYNVVA	HDPFSFEHKS	LDTIQKEWME	WKRTDHSLYV	APVVGTVSSF
120	LLKKVGSLIG	KRILSELWGI	IFPSGSTNLM	QDILRETEQF	LNQRLNTDTL	ARVNAELIGL
180	QANIREFNQQ	VDNFLNPTQN	PVPLSITSSV	NTMQQLFLNR	LPQFQIQGYQ	LLLLPLFAQA
240	ANMHLSFIRD	VILNADEWGI	SAATLRITYRD	YLRNYTRDYS	NYCINTYQTA	FRGLNTRLHD
300	MLEFRTYMFL	NVFEYVSIWS	LFKYQSLMVS	SGANLYASGS	GPQQTQSFTA	QNWPFYLSLF
360	QVNSNYILSG	ISGTRLSITF	PNIGGLPGST	TTHSLNSARV	NYSGGVSSGL	IGATNLNHNH
420	NCSTVLPPLS	TPFVRSWLDS	GTDREGVATS	TNWQTESFQT	TLSLRCGAFS	ARGNSNYFPD
480	YFIRNISGVP	LVIRNEDLTR	PLHYNQIRNI	ESPSGTPGGA	RAYLVSVHNR	KNNIYAANEN
540	GTMIHLAPED	YTGFTISPIH	ATQVNNQTRT	FISEKFGNQG	DSLRFEQSNT	TARYTLRGNG
600	NSYNLYLRVS	SIGNSTIRVT	INGRVYTVSN	VNTTTNNDGV	NDNGARFSDI	NIGNIVASDN
633	TNVTLDINVT	LNSGTPFDLM	NIMFVPTNLP	PLY		

Número de secuencia (ID): 123

Longitud: 266

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..266

> tipo de molécula, proteína

> organismo, *Bacillus thuringiensis*

Residuos:

60	MNSVLNSGRT	TICDAYNVVA	HDPFSFEHKS	LDTIQKEWME	WKRTDHSLYV	APVVGTVSSF
120	LLKKVGSLIG	KRILSELWGI	IFPSGSTNLM	QDILRETEQF	LNQRLNTDTL	ARVNAELIGL
180	QANIREFNQQ	VDNFLNPTQN	PVPLSITSSV	NTMQQLFLNR	LPQFQIQGYQ	LLLLPLFAQA
240	ANMHLSFIRD	VILNADEWGI	SAATLRITYRD	YLRNYTRDYS	NYCINTYQTA	FRGLNTRLHD
266	MLEFRTYMFL	NVFEYVSIWS	LFKYQS			

Número de secuencia (ID): 124

Longitud: 227

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..227

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

```
60  LMVSSGANLY  ASGSGPQQTQ  SFTAQNPFL  YSLFQVNSNY  ILSGISGTRL  SITFPNIGGL
120 PGSTTTHSLN  SARVNYSGGV  SSSLIGATNL  NHNFNCSVL  PPLSTPFVRS  WLDSGTDREG
180 VATSTNWQTE  SFQTTLSLRC  GAFSARGNSN  YFPDYFIRNI  SGVPLVIRNE  DLTRPLHYNQ
227 IRNIESPSGT  PGGARAYLVS  VHNKRNNIYA  ANENGTMIHL  APEDYTG
```

Número de secuencia (ID): 125

Longitud: 140

Tipo de Molécula: AA

Características Ubicación/Clasificatorios:

- fuente, 1..140

> tipo de molécula, proteína

> organismo, Bacillus thuringiensis

Residuos:

```
60  FTISPIHATQ  VNNQTRTFIS  EKFGNQGDSL  RFEQSNTTAR  YTLRGNGNSY  NLYLRVSSIG
120 NSTIRVTING  RVYTVSNVNT  TTNNDGVNDN  GARFSDINIG  NIVASDNTNV  TLDINVTLNS
140 GTPFDLMNIM  FVPTNLPPLY
END
```