

H52 437 cas 24 FR.ST25.txt
SEQUENCE LISTING

<110> Université de la méditerranée (Aix-Marseille II)

Assistance Publique - Hopitaux de Marseille

<120> Méthode de détermination moléculaire de la composition de la flore intestinale dans les selles

<130> H52 437 cas 24 FR

<160> 20

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 123

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 1
ccgggtatct aatccggttc gcgcccctag ctttcgtccc tcaccgtcag aatcggtcca 60
gtcagacgcc ttcgcaacag gcggtcctcc caggattaca gaatttcacc tctaccctgg 120
gag 123

<210> 2

<211> 20

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 2
ccgggtatct aatccggttc 20

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 3
ctcccagggt agaggtgaaa 20

<210> 4

<211> 22

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 4
ccgtcagaat cgttcagtc ag 22

<210> 5

<211> 71

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 5
aagggatttg cacccaacac aatttggtta gatttgtccg aatgaaacc cagaggggtcc 60

taactgtggt c 71

<210> 6

<211> 20

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 6
aagggatttg cacccaacac 20

<210> 7

<211> 22

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 7

H52 437 cas 24 FR.ST25.txt

gaccacagtt aggaccctct gg 22

<210> 8

<211> 23

<212> DNA

<213> Methanobrevibacter smithii

<400> 8

atttggttaag atttgtccga atg 23

<210> 9

<211> 15

<212> DNA

<213> Bacteroides sp.

<400> 9

agcagccgcg gtaat 15

<210> 10

<211> 19

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> Séquence consensus du phylum Bacteroidetes

<400> 10

ctahgcattt caccgctac 19

<210> 11

<211> 12

<212> DNA

<213> Bacteroides sp.

<400> 11

gggtttaag gg 12

<210> 12

<211> 184

<212> DNA

<213> Bacteroides fragilis

<400> 12

agcagccgcg gtaatacggg ggatccgagc gttatccgga tttattgggt ttaaagggag 60

cgtaggtgga ctggtaagtc agttgtgaaa gtttgccggt caaccgtaaa attgcagttg 120

atactgtcag tcttgagtac agtagagggt gccggaattc gtggtgtagc ggtgaaatgc 180

ttag 184

<210> 13

<211> 20

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> Séquence consensus de Lactobacillus sp.

<400> 13

tacatyccaa chccagaacg 20

<210> 14

<211> 20

<212> DNA

<213> Lactobacillus sp.

<400> 14

aagcaacagt accacgacca 20

<210> 15

<211> 24

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> Séquence consensus de Lactobacillus sp.

<400> 15
aagccattct tratgccagt tgaa 24

<210> 16

<211> 91

<212> DNA

<213> Lactobacillus sp.

<400> 16
tacatcccaa ctccagaacg tgatactgac aagccattct taatgccagt tgaagacgta 60
tttactatca ctggtcgtgg tactgttgct t 91

<210> 17

<211> 17

<212> DNA

<213> Clostridium difficile

<400> 17
gtcagctcgt gtcgtga 17

<210> 18

<211> 18

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> séquence consensus du phylum Firmicutes

<400> 18
ccattgtaky acgtgtgt 18

<210> 19

<211> 16

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> Séquence consensus du phylum Firmicutes

<220>

<221> misc_feature

<222> (6)..(6)

<223> n représente soit i, soit a, t, c ou g

<400> 19

gtcaantcat catgcc

16

<210> 20

<211> 178

<212> DNA

<213> Clostridium difficile

<400> 20

gtcagctcgt gtcgtgagat gttgggttaa gtcccgaac gagcgcaacc cttattgtta

60

gttgccatca tttagttggg cactctagcg agactgccgg tgacaaaccg gaggaagggtg

120

gggatgacgt caaatcatca tgccccttat gacctgggct acacacgtgc tacaatgg

178