

H 3537WO_ST25
SEQUENCE LISTING

<110> Universität Heidelberg

<120> Method for the quantitative analysis of nucleic acid
fragmentation and amplifiability

<130> H 3537WO - k1

<150> EP 13 004 857.2

<151> 09.10.2013

<160> 13

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 1

ccaggtgagc atctgaaca

19

<210> 2

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 2

acttcctgca cacaccctct

20

<210> 3

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 3

gggctaata gactacttct aatc

24

H 3537W0_ST25

<210> 4
 <211> 24
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 4
 tctcttgaag gaaatgcccc atta

24

<210> 5
 <211> 15
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 5
 agcagatccc tggac

15

<210> 6
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 6
 ggctgagaac gggaagcttg

20

<210> 7
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 7
 atcctagttg cctccccaaa

20

<210> 8
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 8

gaattcccat ctgtgggttg

20

<210> 9

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 9

cacgtgttcc tgctgttcat

20

<210> 10

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 10

aggtgagaca ttcttgctgg

20

<210> 11

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 11

tccactaacc agtcagcgtc

20

<210> 12

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

H 3537W0_ST25

<400> 12

tgaatgggca gccgttagga aagc

24

<210> 13

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 13

agacacccaa tcctcccggt gaca

24