

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE MEDICINA



GENÓMICA COMPARATIVA DE BACILOS GRAM-
NEGATIVOS RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS
RECOLECTADOS ANTES Y DURANTE LA
PANDEMIA DE COVID-19

Por

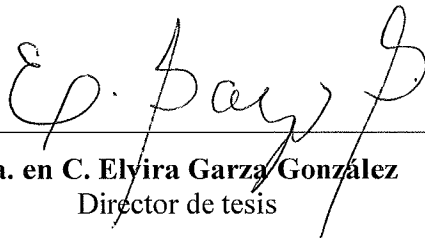
Q. F. B. CHRISTOPHER JOSÉ ALONSO HERNÁNDEZ

Como requisito parcial para obtener el grado de
MAESTRO EN CIENCIAS CON ORIENTACIÓN EN BIOLOGÍA MOLECULAR E
INGENIERÍA GENÉTICA.

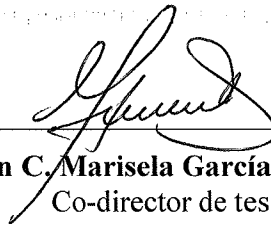
Agosto, 2023

**GENÓMICA COMPARATIVA DE BACILOS GRAM-NEGATIVOS
RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS RECOLECTADOS ANTES Y
DURANTE LA PANDEMIA DE COVID-19**

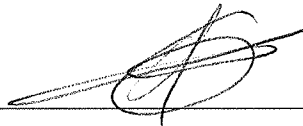
Comité de tesis:




Dra. en C. Elyra Garza González
Director de tesis



Dra. en C. Marisela García Hernández
Co-director de tesis



Dra. en C. Aurora de Jesús Garza Juárez
Miembro de la comisión



Dr. Med. Felipe Arturo Morales Martínez
Subdirector de Estudios de Posgrado

GENÓMICA COMPARATIVA DE BACILOS GRAM-NEGATIVOS RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS RECOLECTADOS ANTES Y DURANTE LA PANDEMIA DE COVID-19

Aprobado por el comité de ética de la Facultad de Medicina, bajo el número de proyecto B123-00005.

Presentado por: Q.F.B. Christopher José Alonso Hernández

Este trabajo se realizó en el Laboratorio de Microbiología Molecular de la Facultad de Medicina de la Universidad Autónoma de Nuevo León, bajo la dirección de la Dra. Elvira Garza González, y en el Laboratorio de Resistencia Bacteriana del Centro de Investigación Sobre Enfermedades Infecciosas del Instituto Nacional de Salud Pública, bajo la supervisión de los doctores Jesús Ulises Garza Ramos Martínez y Nadia Nayeli Rodríguez Medina.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, por proporcionar los fondos necesarios para llevar a cabo este proyecto y brindarme apoyo económico durante mis estudios de maestría, y a Alexandra Elbakyan, sin la cual no habría tenido acceso a la mayoría de los artículos utilizados para esta tesis. *Conocimiento para todos*.

A la Facultad de Medicina de la Universidad Autónoma de Nuevo León, en especial al Departamento de Bioquímica y Medicina Molecular, al Centro de Investigación sobre Enfermedades Infecciosas del Instituto Nacional de Salud Pública, y a cada uno de los centros de atención hospitalaria miembros de la Red Temática de Investigación y Vigilancia de la Farmacorresistencia, por facilitar los recursos y las instalaciones necesarias para realizar este proyecto de posgrado.

A los doctores Jesús Ulises Garza Ramos y Nadia Nayeli Rodríguez Medina, por haberme acompañado, guiado y aconsejado durante mi periodo de estancia en el Centro de Investigación sobre Enfermedades Infecciosas. Aprecio bastante desde su asesoramiento comprensivo en bioinformática, hasta la convivencia y trato bienvenido que me brindaron en un mes donde viví tantas cosas tanto de estudiante como persona.

A mi comisión de tesis, por el tiempo, atención y asesoramiento brindado para el cumplimiento de este trabajo y mi evolución como estudiante de posgrado. Agradezco especialmente a mi directora de tesis, la Dra. Elvira Garza González, por permitirme entrar a este posgrado y trabajar en su línea de investigación, aconsejarme desde la perspectiva personal profesional e inspirarme para mejorar como académico. Gracias por recordar mi gusto por la investigación y sugerirme ingresar a esta maestría. Como una vez me dijo: "Uno debe de hacer lo que lo hace feliz en ese momento", y yo fui feliz realizando la maestría.

A mis ex-compañeros de licenciatura y amigos que me motivaron y nunca se olvidaron ni perdieron la fé en mí, en momentos donde yo sí lo hice. Con el perdón de posiblemente olvidar algunos nombres: al grupo que me gusta recordar como "Colegio Excelsior", Karen, Andrés, Mariana, Ángel Ordoñez, Séptimo, Miguel, Macario, Moreno, Padilla, Rubí, Edgar y David, así como a la Dra. María del Rosario González González. Ustedes que vieron la evolución de un Christopher novato y siguieron cerca, gracias.

A mis colegas del departamento de Bioquímica y Medicina Molecular, especialmente a Sofía, Samuel, Martín, Daniel, Luis y Caba, por brindar sus consejos y vivencias conmigo y hacer de mi estadía de maestría una época más agradable todos los días. Gracias también a mis compañeros de generación superior, Daira, Pablo y Rea, por su apoyo físico y moral en puntos clave de esta maestría, así como a Lucy Acevedo por asesorarme para trabajar en el laboratorio de Microbiología Molecular.

A mis compañeros de generación de maestría, por ser mi familia académica y acompañarme durante estos 2 años compartiendo experiencias, risas e infortunios. Agradecimientos especiales a César y Amairani, por tantas tazas de café compartidas para aliviar el estrés del posgrado. ¿Quién iba a pensar que el químico podría llevarse tan bien con dos médicos? Agradecimientos SÚPER especiales a mis dos amigas, prácticamente mis hermanas, Michelle Santoyo y Paola Carrión, por estar presentes en primera fila para escucharnos y ayudarnos como compañeros de supervivencia.

Agradezco también a Javier Juárez, por acompañarme en paralelo en los estudios de posgrado. Ambos somos aventureros por una pasión por la investigación que nos arrojamos a lo que pocos se atrevieron: continuar la maestría después de la licenciatura. Gracias por hacerme sentir acompañado, me tranquiliza saber que hay personas como yo cerca.

A Mónica Marroquín, Constanza Velquén y Diego Ambríz, amigos cercanos de distintas épocas pero con la contribución en común de darme fuerza para mantenerme adelante, escucharme y ser estrellas que llegaron en el momento oportuno y siguen aquí.

A dos personas para las cuales no tengo las suficientes palabras para agradecerles: Diana Carolina Flores Martínez, quien a pesar de tantas cosas y obstáculos me ha demostrado su amistad en máximo grado de sinceridad, y Gabriela Monreal Rivera, dibujante de sonrisas, creadora de espacios seguros, emérita brindadora de bienestar para este individuo y aquella que vio y apoyó la idea de este proyecto de inicio a fin.

A mi familia, por seguir funcionando como el principal pilar que sostiene mi vida. Gracias, en general, por todo lo que hacen por mí día con día, literalmente hacerme crecer y madurar y tolerar mi persona.

Por último, quiero agradecerme a mí mismo, de parte de varios Christopher del pasado, por demostrarnos que el potencial, la chispa, la llama de la motivación sigue ardiendo en nuestro interior, y que se necesitará más agua de la que existe en el universo para poder apagarla.

DEDICATORIA

A mi madre, Karla Carolina Hernández Rivas,

y a mi abuela, María de Jesús Rivas.

*Dedicar su vida a darme la mía es un esfuerzo que va a rendir frutos
y el mayor sacrificio que puedo apreciar en mi vida.*

ÍNDICE

1. INTRODUCCIÓN	1
1.1. Importancia de la resistencia antimicrobiana y de <i>Acinetobacter baumannii</i> y <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1
1.2. Factores de virulencia de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	2
1.3. Resistencia a antibióticos de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	4
1.4. Incremento de la resistencia antimicrobiana durante las últimas décadas	7
1.5. Impacto de la pandemia de COVID-19 en la resistencia antimicrobiana de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	8
1.6. La secuenciación de genoma completo como herramienta de vigilancia epidemiológica.....	9
2. JUSTIFICACIÓN.....	11
3. HIPÓTESIS	12
4. OBJETIVOS	13
4.1. Objetivo general.....	13
4.2. Objetivos específicos	13
5. ESTRATEGIA EXPERIMENTAL.....	14
6. MATERIAL Y MÉTODOS	15
6.1. Selección de aislamientos.	15
6.2. Confirmación de la identificación mediante espectrometría de masas.	15
6.3. Evaluación del perfil de susceptibilidad a antibióticos de los aislamientos seleccionados.	16
6.3.1. Paneles de antibióticos seleccionados para la evaluación.	16
6.4. Ensayos de motilidad en <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	17
6.4.1. Motilidad por contracción de <i>A. baumannii</i>	17
6.4.2. Motilidad por contracción de <i>P. aeruginosa</i>	18
6.4.3. Motilidad por nado de <i>P. aeruginosa</i>	19
6.5. Medición de la producción de biopelícula en <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	19
6.6. Secuenciación de genoma completo.	20
6.6.1. Extracción de ADN genómico y plasmídico.	20
6.6.2. Secuenciación.	21
6.6.3. Evaluación de calidad y limpieza de lecturas.	21
6.6.4. Ensamble de genomas y plásmidos y anotación de genomas.	22
6.7. Tipificación de secuencias multilocus (MLST).	22
6.8. Análisis filogenético.	22

6.9.	Análisis de genómica comparativa.	22
6.10.	Análisis estadístico.	23
7.	RESULTADOS	24
7.1.	Selección de cepas.	24
7.2.	Perfil de susceptibilidad a antibióticos de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	25
7.3.	Motilidad por contracción de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	26
7.3.1.	<i>A. baumannii</i>	26
7.3.2.	<i>P. aeruginosa</i>	26
7.4.	Motilidad por nado de <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	27
7.5.	Producción de biopelícula de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	27
7.6.	Secuenciación de genoma completo.	28
7.6.1.	Control de calidad de archivos fastq de <i>A. baumannii</i>	29
7.6.2.	Control de calidad de archivos fastq de <i>P. aeruginosa</i>	31
7.6.3.	Análisis de calidad de genomas ensamblados de <i>A. baumannii</i>	33
7.7.	Tipificación de secuencias multilocus y árbol filogenético.	34
7.8.	Análisis de genómica comparativa.	36
7.8.1.	Viruloma de <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	36
7.8.2.	Viruloma de <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	37
7.8.3.	Resistoma de <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	40
7.8.4.	Resistoma de <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	46
7.8.5.	Análisis de plásmidos de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	51
8.	DISCUSIÓN	54
9.	CONCLUSIONES	65
10.	PERSPECTIVAS	66
11.	REFERENCIAS	67
12.	ANEXOS.....	81

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla	Página
1. Panel de antibióticos seleccionados para la evaluación de la susceptibilidad a antibióticos de <i>A. baumannii</i> .	16
2. Panel de antibióticos seleccionados para la evaluación de la susceptibilidad a antibióticos de <i>P. aeruginosa</i> .	16
3. Clasificación de cepas con base en la producción de biopelícula.	20
4. Cepas de <i>A. baumannii</i> resistente a carbapenémicos seleccionadas de los periodos antes y durante la pandemia.	24
5. Cepas de <i>P. aeruginosa</i> resistente a carbapenémicos seleccionadas de los periodos antes y durante la pandemia.	24
6. Susceptibilidad a antibióticos de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i> .	25
7. Análisis de calidad con FastQC de las lecturas de secuenciación de genomas de <i>A. baumannii</i> .	29
8. Análisis de calidad con FastQC de las lecturas de secuenciación de genomas de <i>P. aeruginosa</i> .	31
9. Estadísticas de los ensamblajes de genomas de <i>A. baumannii</i> .	33
10. Estadísticas de los ensamblajes de genomas de <i>P. aeruginosa</i> .	33
11. Genes relacionados con la producción de biopelícula en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	36
12. Genes involucrados en la producción de pilis de tipo IV en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	37
13. Genes relacionados con la producción de biopelícula en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	38
14. Genes involucrados en la producción de pilis de tipo IV en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	39
15. Genes involucrados en la producción del flagelo en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	39
16. Genes de resistencia a aminoglucósidos en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	40
17. Perfiles genéticos de resistencia a aminoglucósidos detectados en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	41
18. Genes codificadores de β -lactamasas de clase A en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	41
19. Genes codificadores de β -lactamasas de clase C (cefalosporinasa intrínseca ADC) en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	42
20. Genes codificadores de β -lactamasas de clase D en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	43
21. Perfiles genéticos de resistencia a carbapenémicos mediante oxacilinasas detectados en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	43
22. Genes de resistencia a fluoroquinolonas, tetraciclinas y desinfectantes en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	44

23.	Genes de resistencia a macrólidos y múltiples clases de antibióticos en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	45
24.	Genes de resistencia a otras clases de antibióticos en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	46
25.	Genes de resistencia a aminoglucósidos en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	47
26.	Perfiles genéticos de resistencia a aminoglucósidos detectados en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	47
27.	Genes codificadores de β -lactamasas de clase A y clase B en <i>P. aeruginosa</i> , antes y durante la pandemia.	48
28.	Genes de resistencia: bombas de eflujo de la familia RND con la proteína de membrana OprM en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	49
29.	Genes de resistencia: bombas de eflujo RND con otras proteínas de membrana en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	49
30.	Genes de resistencia: otras familias de bombas de eflujo en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	50
31.	Genes de resistencia a otras clases de antibióticos en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	50
32.	Plásmidos detectados en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	51
33.	Linajes de plásmidos detectados en <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	52
34.	Plásmidos detectados en <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	53

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
1.	Factores de virulencia de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	2
2.	Familias de bombas de eflujo de <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i>	5
3.	Motilidad por contracción de <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	26
4.	Motilidad por nado de <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	27
5.	Producción de biopelícula de <i>A. baumannii</i> antes y durante la pandemia.	28
6.	Producción de biopelícula de <i>P. aeruginosa</i> antes y durante la pandemia.	28
7.	Árbol filogenético de máxima verosimilitud mediante el modelo de sustitución GTR de distribución clonal de las cepas de <i>A. baumannii</i> .	34
8.	Árbol filogenético de máxima verosimilitud mediante el modelo de sustitución GTR (G + I) de distribución clonal de las cepas de <i>A. baumannii</i> .	35

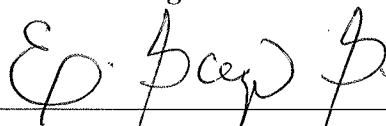
LISTA DE ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS

bp	Pares de bases
°C	Grados Celsius
CA	Contenido de adaptadores
CARD	Comprehensive Antibiotic Resistance Database
CGCPS	Contenido de GC por secuencia
CGE	Center for Genomic Epidemiology
CHDLs	β -lactamasas de clase D que hidrolizan carbapenémicos
CLSI	Clinical and Laboratory Standards Institute
CMI	Concentración Mínima Inhibitoria
CNPB	Contenido de N por base
CoSPB	Contenido de secuencia por base
CSPB	Calidad de secuencia por base
CSPC	Calidad de secuencia por cuadro
d	Diámetro
DLS	Distribución de longitud de secuencias
EB	Estadísticas base
g	Gramos
GTR	General Time Reversible
h	Horas
HCCA	Ácido 4-bromo- α -cianocinámico
L	Litros
LB	Luria-Bertani
LOS	Lipooligosacárido
LPS	Lipopolisacárido
MATE	Extrusión de compuestos tóxicos y de múltiples fármacos
Mbp	Megapares de bases
MFS	Superfamilia del facilitador mayor
mL	Mililitros
MLST	Tipificación de secuencias multilocus

mm	Milímetros
N50	Longitud del contig donde se alcanza el 50% del genoma
NCBI	National Center for Biotechnology Information
NDS	Nivel de duplicación de secuencias
OD	Densidad óptica
OMP	Proteína de membrana externa
OMS	Organización Mundial de la Salud
PBS	Buffer de fosfatos salino
PCPS	Puntuación de calidad por secuencia
PG	Perfil genético
PNAG	Poli-(n-acetilglucosamina)
INVIFAR	Red Temática de Investigación y Vigilancia de la Farmacorresistencia
r	Radio
RAM	Resistencia antimicrobiana
RGI	Resistance Gene Identifier
RND	Resistencia-Nodulación-División
s	Segundos
SMR	Resistencia pequeña a múltiples fármacos
SS	Secuencias sobrerrepresentadas
ST	Secuencia tipo
T2SS	Sistema de secreción de tipo II
T3SS	Sistema de secreción de tipo III
T6SS	Sistema de secreción de tipo VI
T.E.S.T.	Tigecycline Evaluation and Surveillance Trial
UFC	Unidades formadoras de colonias
v/v	Volumen/volumen
µg	Microgramos
µL	Microlitros

RESUMEN

Acinetobacter baumannii y *Pseudomonas aeruginosa* son bacilos Gram-negativos con múltiples factores de virulencia y mecanismos de resistencia antimicrobiana (RAM). Se sospecha que el aumento en la RAM se potenció durante la pandemia de COVID-19, asociado al aumento en el uso de antibióticos. Para comprender el impacto que la pandemia pudo tener en la resistencia y virulencia de estas especies a nivel genómico, se requiere utilizar tecnologías de secuenciación de genoma completo. El objetivo de este estudio fue determinar las diferencias en el resistoma, el viruloma, el fenotipo y la distribución clonal entre cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos antes y durante la pandemia. Se obtuvieron aislamientos clínicos de centros de atención COVID-19 de México antes (Enero-Marzo 2020) y durante la pandemia (Enero-Agosto 2021), con una $n = 8$ en cada grupo de *A. baumannii* y $n = 7$ para *P. aeruginosa*. Se realizaron pruebas fenotípicas de susceptibilidad a antibióticos y virulencia (producción de biopelícula y motilidad por contracción y por nado). Se extrajo el ADN genómico y plasmídico de cada cepa y se secuenció su genoma completo mediante Illumina Miseq. Se tipificó por secuencias multilocus y se identificaron los genes del viruloma, resistoma y los plásmidos. En ambas especies no hubo diferencia estadísticamente significativa en la expresión fenotípica de los factores de virulencia entre ambos periodos. *A. baumannii* fue generalmente resistente a todos los antibióticos evaluados, excepto colistina. *P. aeruginosa* mostró niveles intermedios de resistencia a aminoglucósidos, fluoroquinolonas, β -lactámicos y colistina. La distribución clonal fue igual entre ambos periodos; ST2 fue la secuencia tipo más frecuente en *A. baumannii* (6/8 antes, 4/8 durante) y *P. aeruginosa* tuvo carácter no-clonal. En cada especie, en ambos periodos se observaron los mismos perfiles genéticos de resistencia a antibióticos y de virulencia. En ambos periodos, la resistencia a carbapenémicos se explicó por genes *bla_{OXA}* en *A. baumannii* y genes de bombas de eflujo en *P. aeruginosa*. Se detectaron los mismos tipos de linajes de plásmidos de *A. baumannii* en ambos periodos. No se detectaron plásmidos con genes de resistencia en *P. aeruginosa*.



Dra. en C. Elvira Garza González
Director de tesis

ABSTRACT

Acinetobacter baumannii and *Pseudomonas aeruginosa* are Gram-negative bacilli with multiple virulence factors and antimicrobial resistance (AMR) mechanisms. It is suspected that the increase in AMR was enhanced during the COVID-19 pandemic, associated with increased antibiotic consumption. To understand the impact of the pandemic on the AMR and resistance of these species at the genomic level, it is necessary to use whole genome sequencing technologies. The objective of this study was to determine the differences in the resistome, virulome, phenotype and clonal distribution between strains of carbapenem-resistant *A. baumannii* and *P. aeruginosa* before and during the pandemic. Clinical isolates collected in COVID-19 clinical centers from Mexico during pre-pandemic (January-March 2020) and pandemic (January-August 2021) periods were obtained: *A. baumannii*, n = 8 for each period and *P. aeruginosa*, n = 7 for each period. Antibiotic susceptibility and virulence (biofilm production, twitching, and swimming motility) phenotypical tests were performed. Genomic and plasmidic DNA from each strain and WGS was performed using Illumina Miseq. Multilocus sequence typing was done, and virulome and resistome genes and plasmids were identified for each strain. In both species, no statistically significant difference was observed between the phenotypical expression of virulence factors of both periods. *A. baumannii* was mainly resistant to all evaluated antibiotics except colistin. *P. aeruginosa* showed lower levels of resistance to aminoglycosides, fluoroquinolones, β -lactams and colistin. Clonal distribution during both periods was the same: ST2 was the most frequent sequence type of *A. baumannii* (6/8 before, 4/8 during the pandemic), and non-clonal behavior was observed in *P. aeruginosa*. The same genetic profiles for antibiotic resistance and virulence were observed on each species during the two periods. In both periods, carbapenem resistance was explained by the presence of *bla_{OXA}* genes in *A. baumannii* and efflux pump genes in *P. aeruginosa*. The same lineages of plasmids of *A. baumannii* were detected in both periods. No plasmids carrying AMR genes were detected in *P. aeruginosa*.



Dra. en C. Elyra Garza González
Director de tesis

1. INTRODUCCIÓN

1.1. Importancia de la resistencia antimicrobiana y de *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa*.

La resistencia antimicrobiana es una de las principales preocupaciones de la salud a nivel mundial en el siglo XXI. Una gran variedad de especies bacterianas causantes de infecciones asociadas con el cuidado de la salud ha alcanzado niveles alarmantes de resistencia a múltiples clases de antibióticos, lo cual ha dificultado el tratamiento de las infecciones que estas causan. En el año 2019, alrededor de 1.27 millones de muertes en el mundo fueron atribuibles a la resistencia antimicrobiana bacteriana (1), y se prevé que esta cifra de muertes anuales incremente a 10 millones para el año 2050 (2).

En el 2017, la Organización Mundial de la Salud (OMS) publicó una lista en la cual estableció los patógenos resistentes a antibióticos de prioridad en el desarrollo e investigación de nuevos antibióticos. Entre los microorganismos clasificados como prioridad crítica, máximo nivel de prioridad, se encuentran las bacterias *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a carbapenémicos (3). *A. baumannii* y *P. aeruginosa* son bacilos Gram-negativos no fermentadores, considerados como patógenos oportunistas. Anteriormente, estas especies eran consideradas bacterias encontradas en sitios naturales, como suelos y cuerpos de agua. Sin embargo, durante las últimas décadas su distribución ha cambiado a ambientes nosocomiales, como centros del cuidado de la salud y hospitales, siendo de especial preocupación en las unidades de cuidados intensivos.

Las infecciones causadas por estas especies son diversas. Entre las más frecuentes se encuentran neumonía (tanto asociada a ventilación mecánica como asociada a la estancia en el hospital), bacteriemia, infecciones en quemaduras (en las cuales *P. aeruginosa* es el principal agente causal), meningitis e infecciones en pacientes con fibrosis quística, especialmente asociada a *P. aeruginosa* (4–6).

1.2. Factores de virulencia de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*

A. baumannii y *P. aeruginosa* poseen diversos factores de virulencia, los cuales son características que les permiten establecer una infección, persistir durante periodos extendidos de tiempo en superficies hospitalarias, evadir al sistema inmune del hospedero, adaptarse a condiciones de estrés, entre otras capacidades de supervivencia y de patogenicidad.

Ambas especies son capaces de producir biopelícula (7–9), cuentan con diversos tipos de sistemas de secreción: de tipo II (T2SS) y VI (T6SS) en *A. baumannii* (10), y de tipo II, III (T3SS) y VI en *P. aeruginosa* (6,11)], producen lipopolisacárido (LPS) o lipooligosacárido (LOS) de membrana (12,13) y pueden llevar a cabo motilidad por contracción por medio de un sistema de pilis de tipo IV (14,15). Además, *P. aeruginosa* tiene un flagelo polar con diversos roles en la motilidad, en la formación de biopelícula, en la actividad del sistema de secreción de tipo VI y en la quimiotaxis (16,17). *A. baumannii* tiene motilidad asociada a superficies (18,19) y produce un polisacárido capsular que le confiere resistencia al complemento (20) y a la fagocitosis (21), entre otros factores de virulencia (Figura 1).

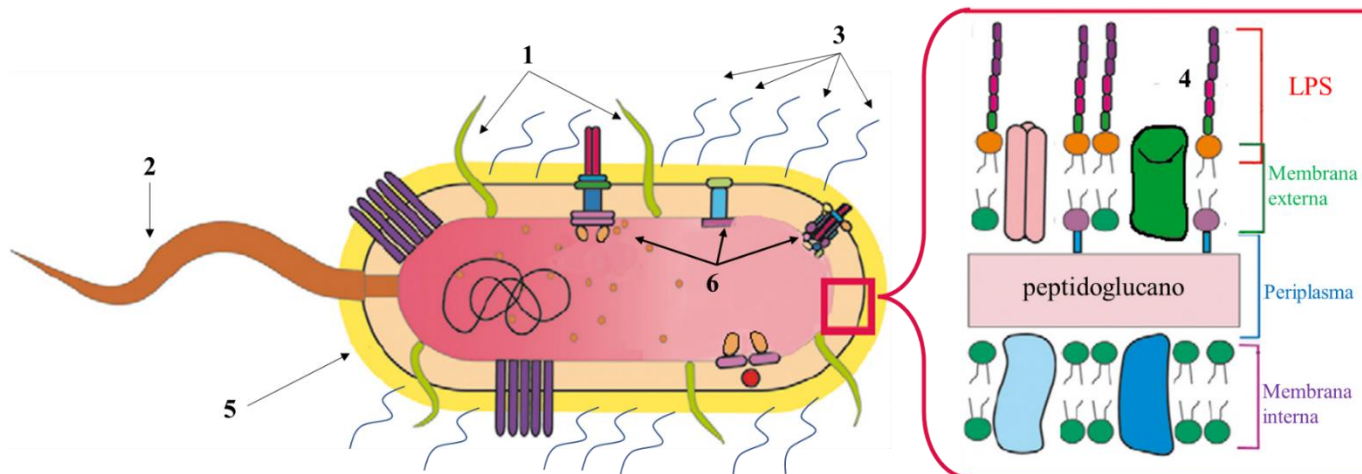


Figura 1. Principales factores de virulencia de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*. 1: Pilis de tipo IV involucrados en la motilidad por nado; 2: Flagelo (solo en *P. aeruginosa*) involucrado en la motilidad por nado; 3: Proteína asociada a biopelícula (Bap) de *A. baumannii*. En *P. aeruginosa*, la formación de biopelícula se ve asociada a la producción del polisacárido alginato, no representado en la figura; 4: Lipopolisacárido (*P. aeruginosa*) o lipooligosacárido (*A. baumannii*) de membrana; 5: Polisacárido capsular (solo en *A. baumannii*); 6: Sistemas de secreción de varios tipos. Imagen obtenida de: Wu, H.-J., Wang, A. H.-J., & Jennings, M. P. (2008). Discovery of virulence factors of pathogenic bacteria. *Current Opinion in Chemical Biology*, 12(1), 93–101. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2008.01.023>

La producción de biopelícula es un factor de virulencia que una gran variedad de especies microbianas es capaz de realizar. La biopelícula es una organización estructural tridimensional de células bacterianas adheridas a una superficie, dando como resultado la formación de microcolonias que actúan como comunidades bacterianas encapsuladas en una matriz extracelular que se ven beneficiadas con mayor persistencia frente a condiciones de estrés oxidativo, evasión del sistema inmune del hospedero y producción incrementada de efectores patogénicos.

Existen múltiples estudios en los que se ha evidenciado que la formación de biopelícula juega un rol importante principalmente en la patogénesis de infecciones crónicas en diferentes sistemas del cuerpo humano (22), la cual puede involucrar tanto superficies bióticas como abióticas para la adhesión de la biopelícula: *A. baumannii* es capaz de establecer biopelícula sobre tejido epitelial, adhiriéndose con facilidad a células bronquiales y pulmonares (19,23,24); en *P. aeruginosa*, los aislamientos clínicos provenientes de pacientes con queratitis ocular que utilizan lentes de contacto de diversos materiales tienden a ser fuertes productores de biopelícula, logrando así una mejor adhesión a la lente (25–27) y se ha establecido que en las infecciones pulmonares por este patógeno en pacientes con fibrosis quística, *P. aeruginosa* genera una biopelícula con fenotipo mucóide sobre el tejido pulmonar (28); así mismo, ambas especies suelen formar biopelícula en catéteres, lo cual facilita el desarrollo de bacteriemia por estas bacterias en las unidades de cuidados intensivos (29,30). La producción de biopelícula también contribuye a la alta persistencia durante espacios prolongados de tiempo en superficies abióticas del ambiente, siendo esta característica de vital importancia para la supervivencia de estas especies en los hospitales y otros recintos del cuidado de la salud: *A. baumannii* y *P. aeruginosa* son capaces de formar biopelícula en la superficie de instrumentos y dispositivos médicos, además de vidrio, plásticos de diversos polímeros y acero inoxidable (31,32).

La motilidad por contracción es un mecanismo de motilidad independiente de flagelo que se lleva a cabo sobre superficies con un contenido de humedad ya sea alto o bajo, principalmente en la interfase entre las superficies de un gel y un material rígido como el plástico o vidrio de cajas de Petri. Este mecanismo consiste en la extensión de pilis de tipo IV localizados en

uno de los polos de la célula y su consecuente retracción, resultando en el movimiento de la bacteria, el cual se asemeja a una contracción celular (33).

A pesar de ser considerada un factor de virulencia en ambas especies, la motilidad por contracción tiene un rol directo limitado en la patogenicidad de *A. baumannii*, especie en la cual no se ha encontrado que la motilidad por contracción tenga alguna correlación con la producción de biopelícula ni con el desarrollo de resistencia antimicrobiana (34) y en la que se ha observado que la motilidad asociada a superficies tiene un mayor impacto en los resultados de ensayos de citotoxicidad (35). En contraste, en *P. aeruginosa* se ha encontrado evidencia de la importancia de varias proteínas que componen a los pilis de tipo IV en la citotoxicidad y virulencia en estudios *in vivo* (36,37). No obstante, en ambas especies se ha determinado que algunos de los elementos estructurales de los pilis de tipo IV, así como genes involucrados en la regulación de su producción, tienen roles importantes en la regulación de otros factores de virulencia, como la formación de biopelícula (38,39), los cuales pueden ser incluso fundamentales, como es el caso de la función de los pilis de tipo IV en la adhesión de la biopelícula en superficies abióticas (40).

Además de la motilidad por contracción, *P. aeruginosa* cuenta con un flagelo que le permite llevar a cabo motilidad por nado. Este tipo de motilidad consiste en el movimiento de la célula bacteriana a través de un medio líquido, haciendo uso de un flagelo largo que realiza movimientos helicoidales para impulsarla hacia una dirección. Además de otorgarle a la célula bacteriana la capacidad de difundirse y explorar el medio con mayor facilidad, este factor de virulencia se ve involucrado en diferentes interacciones de la bacteria con el sistema inmune del hospedero de diversas maneras; es gracias al flagelo de *P. aeruginosa* que se inician procesos de la respuesta inmune, como la formación de trampas extracelulares de neutrófilos (41). Por ello, en determinados fenotipos, *P. aeruginosa* es capaz de adquirir un fenotipo de pérdida de la motilidad por nado, el cual le permite evadir la fagocitosis en la respuesta inmune del hospedero (42).

1.3. Resistencia a antibióticos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*

El principal factor que dificulta el tratamiento de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* es su alta resistencia a los antibióticos. Estas especies tienen una gran variedad de mecanismos de resistencia a los antibióticos que pueden ser tanto intrínsecos como adquiridos mediante la

acumulación de genes de resistencia en elementos móviles genéticos, como secuencias de inserción, transposones, plásmidos, islas genómicas, entre otros (43).

A. baumannii y *P. aeruginosa* tienen resistencia intrínseca a múltiples antibióticos, debido a la baja permeabilidad de su membrana externa, la cual es hasta 100 veces menos permeable que la de *Escherichia coli* (44,45). La baja capacidad de permeabilidad de la membrana externa se ha atribuido a la presencia de proteínas conocidas como proteínas de membrana externa (OMPs). La subexpresión o la pérdida total de OMPs, como CarO, OprD-like, OmpW, Omp25 y una proteína de 33-36 kDa en *A. baumannii* (46–55), y OprD en *P. aeruginosa* (56–58) ha sido asociada con resistencia a antibióticos.

Otro de los mecanismos asociados a resistencia antimicrobiana de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* es la expresión y producción de bombas de eflujo, las cuales son proteínas de la membrana plasmática de la bacteria que se encargan de expulsar sustancias nocivas del citoplasma o periplasma al exterior del organismo (59). Las bombas de eflujo se suelen clasificar en varias familias, como los sistemas de múltiples componentes de la familia de resistencia-nodulación-división (RND), la superfamilia del facilitador mayor (MFS), la de extrusión de compuestos tóxicos y de múltiples fármacos (MATE) y la de resistencia pequeña a múltiples fármacos (SMR) (Figura 2).

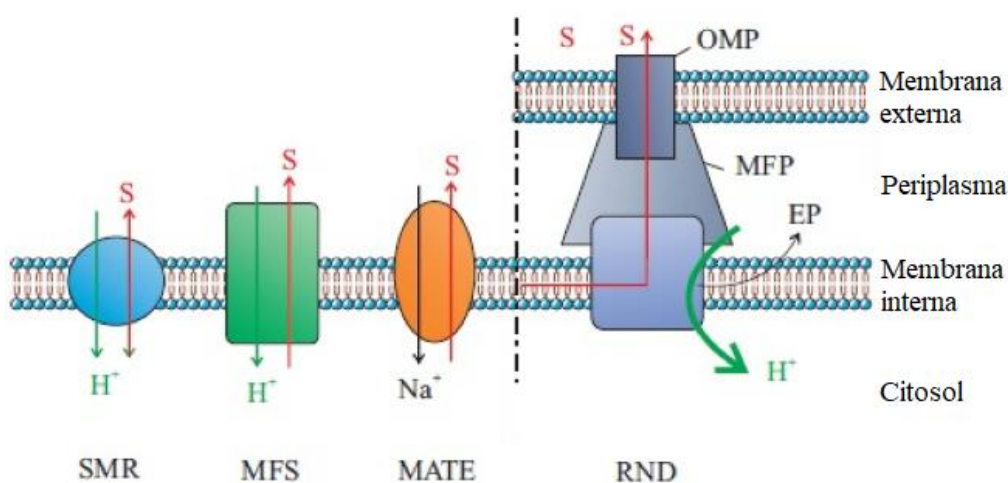


Figura 2. Familias de bombas de eflujo de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*. EP: Bomba de eflujo, MFP: Proteína de fusión de membrana, OMP: Proteína de membrana externa, S: Sustratos. SMR: Familia de resistencia pequeña a múltiples fármacos, MFS: Superfamilia del facilitador mayor, MATE: Familia de extrusión de compuestos tóxicos y de múltiples fármacos, RND: Familia de resistencia-nodulación-división. Imagen obtenida de: Abdi, S. N., Ghotaslou, R., Ganbarov, K., Mobed, A.,

Tanomand, A., Yousefi, M., Asgharzadeh, M. & Kafil, H. S. (2020). *Acinetobacter baumannii* Efflux Pumps and Antibiotic Resistance. *Infection and Drug Resistance*, 13, 423–434. <https://doi.org/10.2147/idr.s228089>

El principal grupo de bombas de eflujo involucrado en el desarrollo de resistencia a antibióticos en *A. baumannii* es la familia RND. *A. baumannii* tiene varias bombas de eflujo de esta familia, principalmente AdeABC, la cual confiere resistencia a aminoglucósidos, fluoroquinolonas, tetraciclinas, entre otros antibióticos (60,61) y AdeIJK, que posee el rango más amplio de sustratos y cuya inactivación resulta en la más alta potenciación de la actividad de los antibióticos de todas las bombas estudiadas de *A. baumannii* (62,63). En *P. aeruginosa*, cada una de las bombas de eflujo de tipo RND expulsa uno o más grupos moleculares de antibióticos, como es el caso del sistema MexAB-OprM, que expulsa β -lactámicos y fluoroquinolonas (64,65), los sistemas MexGHI-OpmD, MexPQ-OpmE y MexEF-OprN, cuyos sustratos son únicamente fluoroquinolonas (57), MexJK-OprM, la cual expulsa tetraciclina y eritromicina (66), o MexXY-OprM, la cual contribuye a la resistencia a aminoglucósidos, β -lactámicos y fluoroquinolonas de *P. aeruginosa* (67–69), entre otras. *A. baumannii* puede tener dos bombas de eflujo de la familia MFS, las cuales son Tet(A), que confiere resistencia a tetraciclina, y Tet(B), que confiere resistencia a tetraciclina y minociclina (70).

Uno de los mecanismos de resistencia a los antibióticos β -lactámicos es la producción de β -lactamasas, la cual puede ser intrínseca o adquirida mediante elementos móviles genéticos como transposones o plásmidos (71). *A. baumannii* produce de forma intrínseca dos tipos de β -lactamasas. La primera es una cefalosporinasa perteneciente a la clase C de Ambler, también conocida como ADC, la cual le confiere resistencia a múltiples cefalosporinas que no son de espectro extendido (72). Sin embargo, cuando la secuencia de inserción IS*Aba1* se encuentra presente en posición río arriba con respecto al gen que codifica a ADC (*bla*_{ADC}), esta actúa como un promotor de *bla*_{ADC} y puede llevar a la sobreexpresión de ADC, resultando en resistencia a cefalosporinas de espectro extendido (73,74). El otro tipo de β -lactamasas presentes de forma intrínseca en *A. baumannii* son las betalactamasas de clase D, también conocidas como oxacilinasas. Algunas de estas betalactamasas de clase D son capaces de hidrolizar carbapenémicos (CHDLs), y se clasifican en 4 principales grupos:

OXA-23-like, OXA-24-like, OXA-58-like y OXA-69-like. Todos los grupos de CHDLs se han encontrado en aislamientos clínicos de *A. baumannii* resistente a carbapenémicos (75).

Al igual que *A. baumannii*, *P. aeruginosa* también produce de forma intrínseca una cefalosporinasa de la clase C de Ambler conocida como PDC (76). La sobreexpresión de PDC puede llegar a conferir resistencia a un espectro extendido de cefalosporinas, tal como sucede con ADC, pero esta suele deberse a mutaciones en genes reguladores del reciclaje de peptidoglucano (77). Otro tipo de β -lactamasas que se han encontrado en *P. aeruginosa* son las pertenecientes a las clases A y B de Ambler. Algunas de estas enzimas son β -lactamasas de espectro extendido, como PER, TEM y SVH, y otras presentan actividad carbapenemasas, como KPC (perteneciente a la clase A de Ambler) y las metalo- β -lactamasas de la clase B, como NDM y VIM. *A. baumannii* también puede adquirir la capacidad de producir β -lactamasas de clase A y B con actividad carbapenemasa, pero la principal clase de β -lactamasa asociado a resistencia a carbapenémicos siguen siendo las CHDLs (78,79).

1.4. Incremento de la resistencia antimicrobiana durante las últimas décadas

Durante las últimas décadas, los porcentajes de resistencia a antibióticos en diversos patógenos han incrementado de manera significativa, lo cual se ha evidenciado en numerosos estudios de vigilancia epidemiológica en distintas partes del mundo. Existe una gran cantidad de factores que pueden contribuir al incremento de la resistencia antimicrobiana durante este periodo de tiempo, como lo son el uso de antibióticos en la industria ganadera y agricultora y el consecuente desecho de estos como residuos industriales en cuerpos de agua (80,81) y el cambio climático, asociado al aumento de la temperatura global del planeta (82). Sin embargo, el principal factor asociado con el incremento de la resistencia a antibióticos es el uso desmedido e innecesario de antibióticos en la terapia clínica (83), en conjunto con el establecimiento de microambientes hospitalarios que facilitan la transmisión de información y genes de resistencia a antibióticos entre patógenos por medio de elementos móviles genéticos (84).

La resistencia a carbapenémicos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* ha seguido esta tendencia: algunos de estos ejemplos son el estudio realizado en Italia, donde el porcentaje de resistencia a carbapenémicos de *A. baumannii* incrementó del 51% al 92% en el periodo 2008-2018 (85); en Zimbabwe, del año 2012 al 2017, se observó un incremento en la resistencia a

carbapenémicos de *A. baumannii* del 2% al 15.4% (86); en Arabia Saudita, los porcentajes de resistencia a carbapenémicos de *P. aeruginosa* incrementaron del 25% al 40%, mientras que los de *A. baumannii* se mantuvieron entre 60% y 80% (87); por último, en un estudio del 2010 al 2019 de un hospital terciario en China también se detectó un incremento de la resistencia a carbapenémicos de *A. baumannii* del 79% al 91.3% y de *P. aeruginosa* del 13.5% al 23% (88).

Son de destacar los estudios realizados por el grupo de trabajo en México del Tigecycline Evaluation and Surveillance Trial (T.E.S.T.) y por la Red Temática de Investigación y Vigilancia de la Farmacorresistencia (INVIFAR), los cuales han monitoreado los niveles de resistencia a antibióticos de patógenos comunes en México; el primero observó un aumento de la resistencia a carbapenémicos de *A. baumannii* del 24% al 37% entre los años 2005 y 2012, mientras el segundo demostró un incremento de la resistencia a carbapenémicos de *P. aeruginosa* del 20% al 60%, y que los niveles de resistencia de *A. baumannii* eran mayores al 80% entre los años 2009 y 2018 (89,90).

1.5. Impacto de la pandemia de COVID-19 en la resistencia antimicrobiana de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*.

En marzo del 2020, la OMS declaró un estado de pandemia de COVID-19 (91). Durante el transcurso de la pandemia, se ha observado un incremento en el uso de antibióticos tanto en la comunidad (92) como en los hospitales (93), prescritos en casos desde cuadros severos hasta infecciones que no requerían del uso de antibióticos. Debido al abuso de antibióticos, existe el riesgo de un incremento en la resistencia antimicrobiana de infecciones bacterianas (94), por lo que el monitoreo de los niveles de resistencia durante la pandemia por COVID-19 ha cobrado mayor importancia (95).

Si bien existen estudios que demuestran un incremento de los niveles de resistencia durante la pandemia de COVID-19, como uno realizado en México por la red INVIFAR donde se encontró un aumento en los porcentajes de resistencia a carbapenémicos de *A. baumannii*, del 80% en 2019 al 89% en 2020, y *P. aeruginosa*, del 35% en 2019 al 45% en 2020 (96), existen otros estudios que llegan a detectar una disminución de los niveles de resistencia; un ejemplo es el realizado en Grecia con datos del Greek Electronic System for the Surveillance of Antimicrobial Resistance obtenidos entre 2018 y 2021, donde la resistencia a

carbapenémicos de *P. aeruginosa* estaba incrementando en el periodo 2018-2020 del 45% al 63%, pero disminuyó al 37% en el periodo 2020-2021 (97). Además, son pocos los estudios que se han realizado donde se comparan los niveles de resistencia entre un periodo pre-pandemia y durante la pandemia; han sido más comunes aquellos que comparan la incidencia de infecciones por bacterias resistentes de alta prioridad, como el de Pascale et al (2022), en el cual se demostró un incremento en la incidencia de infecciones por *A. baumannii* resistente a carbapenémicos en Italia de hasta 5.5 veces. Estos estudios se enfrentan a la limitante de que existen una gran cantidad de factores que pueden afectar los niveles de resistencia antimicrobiana que se manifiestan de forma fenotípica.

1.6. La secuenciación de genoma completo como herramienta de vigilancia epidemiológica.

Debido al potencial de estas bacterias de causar brotes en los hospitales y al riesgo creciente de la diseminación de infecciones resistentes a múltiples fármacos, es necesario mantener una correcta vigilancia epidemiológico sobre ellas. Para poder estudiar a mayor profundidad los mecanismos involucrados en la resistencia a antibióticos, se requiere utilizar de nuevas tecnologías genómicas que permitan comprender el impacto de la pandemia de COVID-19 en el genoma de las bacterias.

Una de las herramientas más útiles para el monitoreo de las infecciones bacterianas es la secuenciación de genoma completo (WGS). La información obtenida mediante WGS puede utilizarse para i) la clasificación de los aislamientos bacterianos de una especie determinada en base al perfil genotípico encontrado en la secuencia de su genoma, ii) para estudios de genómica comparativa entre diferentes aislamientos y iii) para análisis filogenéticos que permitan establecer la relación genética entre aislamientos y proponer una red que describa la transmisión de una cepa bacteriana durante un brote, hasta establecer la cepa de la cual se originó, así como elucidar nuevos mecanismos de resistencia a los antibióticos (99).

La WGS se ha utilizado eficazmente en estudios de vigilancia epidemiológica de bacilos gram-negativos a lo largo del mundo. En el continente americano, en el 2020, el estudio de Camargo et al estableció una relación entre los principales grupos clonales de *A. baumannii* aislamientos en hospitales de Brasil y su fenotipo de resistencia a antibióticos. En Europa, destacan los estudios de Quick et al (101) realizado en un hospital del Reino Unido en el

2014, donde se obtuvo evidencia de la transmisión de *P. aeruginosa* en pacientes de quemaduras de una fuente de agua específica del hospital, de Magalhães et al (102) en el 2020, en el cual se empleó WGS en conjunto con tipificación de secuencias doble locus para investigar la epidemiología de cepas de *P. aeruginosa* luego de un incremento en la incidencia de la especie en la UCI de un hospital de Lausana, Suiza, y de Kostyanev et al (103) en el 2021, donde se estudiaron las características fenotípicas y genotípicas de aislamientos de *A. baumannii* resistente a carbapenémicos utilizados en el estudio EURECA que comprendió varios países del sureste de Europa. En África, se caracterizaron genómicamente diversas cepas de *A. baumannii* productoras de NDM en un hospital de El Cairo, Egipto, en el estudio realizado por Zafer et al (104) realizado en el 2021.

En Asia, principalmente en su región Sureste, están como ejemplos los estudios de Tada et al (105) en el 2019, en el cual se caracterizaron molecularmente 45 aislamientos de *P. aeruginosa* resistente a múltiples fármacos obtenidos en 7 hospitales de Myanmar, de Wareth et al (106) en el 2021, que permitió comparar los genes de resistencia antimicrobiana y secuencias tipo de varios aislamientos de *A. baumannii* obtenidos en Vietnam, uno de los países de la región con mayor incidencia de *A. baumannii* resistente a múltiples fármacos, con los encontrados en genomas de cepas de la misma especie obtenidas en otros países del sureste asiático, y el estudio reciente del 2022 de Chukamnerd et al (107), donde se analizaron los genes de resistencia y elementos genéticos móviles encontrados en los genomas secuenciados y caracterizados de aislamientos de *A. baumannii* en hospitales de Tailandia.

Por último, en Oceanía, múltiples estudios en Australia han usado la WGS como herramienta para el monitoreo epidemiológico, como el realizado por Meumann et al (108) en el 2019, en el cual se describió la epidemiología molecular y caracterización de aislamientos de *A. baumannii* adquirido en la comunidad en el país, y el de Roberts et al (109) en el 2021, donde se rastreó el origen y se monitoreó y caracterizó la propagación de un brote polimicrobiano de infecciones multirresistentes, entre las cuales se encontraban cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*. Hasta el momento, sin embargo, estos trabajos se han limitado a comparar información obtenida de los genotipos bacterianos sin analizar el impacto que pueda tener sobre rasgos fenotípicos excluyendo el perfil de susceptibilidad a antibióticos de la bacteria.

2. JUSTIFICACIÓN

Las infecciones por *A. baumannii* y *P. aeruginosa* son difíciles de tratar por la alta resistencia antimicrobiana (RAM).

Se ha reportado un incremento en la RAM durante la pandemia de COVID-19 asociada a un aumento en el uso de antibióticos. Se han realizado estudios para comparar la RAM antes y durante la pandemia. Sin embargo, existen pocos estudios que caractericen el genotipo y las diferencias en sus genomas.

Se requiere realizar estudios de secuenciación de genoma completo de cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* obtenidas antes y durante la pandemia de COVID-19 que permitan comprender el impacto que esta pandemia ha tenido en el resistoma, el viruloma, el fenotipo y la distribución clonal de estas especies bacterianas resistentes a múltiples fármacos.

3. HIPÓTESIS

Existen diferencias en el resistoma, el viruloma, la expresión fenotípica y la distribución clonal entre las cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* recolectadas antes y durante la pandemia de COVID-19.

4. OBJETIVOS

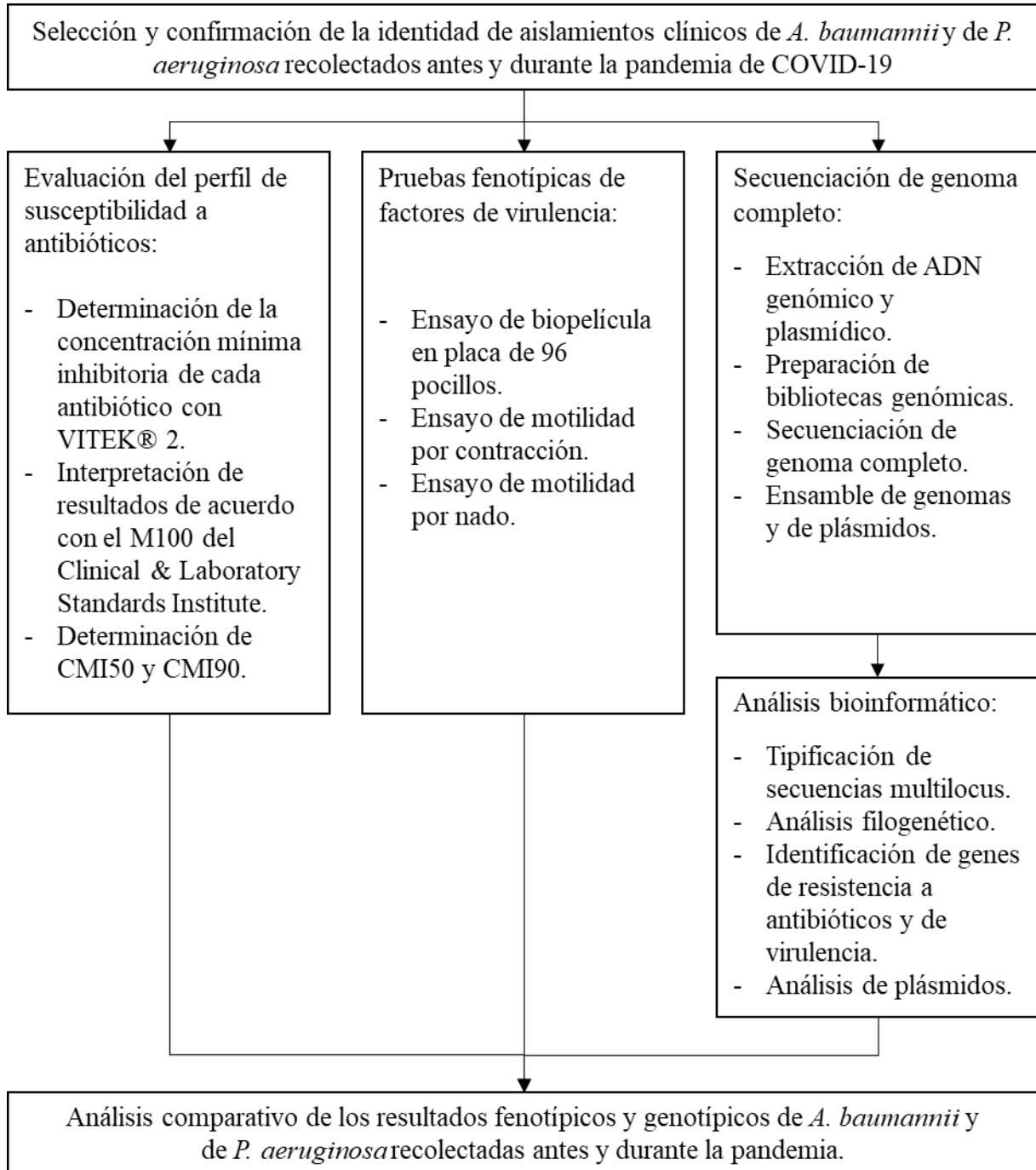
4.1. Objetivo general

Determinar las diferencias intraespecies en el resistoma, el viruloma, la expresión fenotípica y la distribución clonal de aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* recolectadas antes y durante la pandemia de COVID-19 mediante estudios de genómica comparativa.

4.2. Objetivos específicos

1. Realizar pruebas fenotípicas de resistencia a antibióticos y de virulencia a aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* recolectados antes y durante la pandemia de COVID-19.
2. Secuenciar el genoma completo de aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* recolectados antes y durante la pandemia de COVID-19.
3. Llevar a cabo estudios de genómica comparativa para establecer la relación clonal, las diferencias en el resistoma y viruloma, y su relación con el fenotipo de aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* recolectadas antes y durante la pandemia de COVID-19.

5. ESTRATEGIA EXPERIMENTAL



6. MATERIAL Y MÉTODOS

6.1. Selección de aislamientos.

Se seleccionaron diversos aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos (susceptibilidad disminuida a por lo menos un carbapenémico) que hubieran sido recolectados en centros hospitalarios de atención a COVID-19 en México, los cuales se encuentran almacenados en el cepario del laboratorio de Procesos Moleculares Microbiológicos del Departamento de Bioquímica y Medicina Molecular, obtenidos de muestras de aspirado traqueal, lavado broncoalveolar y sangre periférica.

Se definieron dos grupos de estudio de acuerdo con periodo de recolección del aislamiento: aquellos aislamientos recolectados en periodo enero-marzo 2020 fueron considerados del periodo antes de la pandemia de COVID-19, mientras que aquellos aislamientos recolectados en el periodo enero-agosto 2021 fueron considerados del periodo durante la pandemia de COVID-19. El tamaño de la muestra de ambos periodos para *A. baumannii* fue de $n = 8$, mientras que para *P. aeruginosa* fue de $n = 7$, para un total de 16 y 14 aislamientos para *A. baumannii* y *P. aeruginosa*, respectivamente.

6.2. Confirmación de la identificación mediante espectrometría de masas.

Para cada aislamiento, a partir de un cultivo en placa de agar sangre de 24 h a 37 °C, se tomó 1 colonia bacteriana y se colocó con un aplicador de madera en un pocillo de una placa de acero inoxidable del equipo de análisis. A cada pocillo de la placa se le añadió 1 μL de ácido fórmico al 70% (v/v) y se dejó secar completamente a temperatura ambiente. Una vez seco, se adicionó 1 μL de la matriz HCCA (ácido 4-bromo- α -cianocinámico) y se dejó secar por segunda vez a temperatura ambiente. Una vez seca, la placa fue introducida en el equipo Bruker MALDI-TOF Biotyper (Bruker Daltonics GmbH & Co. KG, Bremen, Alemania), el cual fue controlado mediante el software flexControl 3.4. Finalmente, mediante el software MALDI Biotyper 4.0, se compararon los espectros de análisis proteómico de cada aislamiento con la base de datos del equipo y solo se tomaron en cuenta las identificaciones con puntuación mayor a 2000 (110).

6.3. Evaluación del perfil de susceptibilidad a antibióticos de los aislamientos seleccionados.

6.3.1. Paneles de antibióticos seleccionados para la evaluación.

Se evaluó el perfil de susceptibilidad a antibióticos de cada aislamiento por medio de una variante del método de microdilución en caldo utilizando el equipo VITEK 2®. Los antibióticos que conformaron el panel de evaluación de la susceptibilidad de cada especie se muestran en las Tablas 1 y 2, los cuales fueron seleccionados siguiendo la guía M100 del CLSI (111). El rango de concentraciones a evaluar comprende desde el punto de corte para clasificar a un aislamiento como “susceptible” hasta el punto de corte para clasificarlo como “resistente” al antibiótico en cuestión. Se calculó la CMI₅₀ y CMI₉₀ para la totalidad de las cepas de cada especie, indistintamente del periodo en el que se recolectaron.

Tabla 1. Panel de antibióticos seleccionados para la evaluación de la susceptibilidad a antibióticos de *A. baumannii*.

Clase de antibiótico	Antibióticos	Concentración (µg/mL)
β-lactámicos	Ampicilina-sulbactam	8(4)– 32(16)
	Ceftazidima, cefepime	8 – 32
	Ceftriaxona	8 – 64
	Piperacilina-tazobactam	16(4) – 128(4)
Carbapenémicos	Imipenem, meropenem, doripenem	2 – 8
Fluoroquinolonas	Ciprofloxacino	1 – 4
Aminoglucósidos	Gentamicina	4 – 16
Polimixinas	Colistina	2 – 4

Tabla 2. Panel de antibióticos seleccionados para la evaluación de la susceptibilidad a antibióticos de *P. aeruginosa*.

Clase de antibiótico	Antibióticos	Concentración (µg/mL)
β-lactámicos	Piperacilina-tazobactam	16(4) – 128(4)
	Ceftazidima, cefepime	8 – 32
Carbapenémicos	Imipenem, meropenem, doripenem	2 – 8
Fluoroquinolonas	Ciprofloxacino	0.5 – 2
Aminoglucósidos	Gentamicina	4 – 16
	Amikacina	16 – 64
Polimixinas	Colistina	2 – 4

6.4. Ensayos de motilidad en *A. baumannii* y *P. aeruginosa*.

Se evaluó la motilidad por contracción (twitching) en los aislamientos seleccionados de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* y la motilidad por nado (swimming) exclusivamente en los aislamientos de *P. aeruginosa*.

6.4.1. Motilidad por contracción de *A. baumannii*.

El ensayo de motilidad por contracción de *A. baumannii* se llevó a cabo por duplicado utilizando el método de contracción sub-superficie de Biswas et al (112).

Cada aislamiento fue sembrado en placas con agar Luria-Bertani (LB) de Miller al 1.5% (10 g NaCl, 5 g extracto de levadura, 10 g triptona y 15 g de agar en 1 L de agua) y se dejaron incubando durante toda la noche. A partir de este cultivo, se seleccionaron y recolectaron de 4 a 6 colonias para luego ser resuspendidas en 100 μ L de caldo LB en un tubo Eppendorf de 1.5 mL, el cual se mezcló por vórtex gentilmente durante 5 s.

En una caja de Petri con agar LB sin cloruro de sodio al 1%, estéril y de no más de 24 h, se generó un pozo retirando agar del centro de la caja, de manera que permitiera la inoculación de suspensión bacteriana en la interfase entre la superficie basal del agar y la caja Petri. Se llevó a cabo la estandarización del proceso utilizando 3 diferentes instrumentos estériles a manera de sacabocados para la formación de pozos de diferente diámetro: una pipeta Pasteur de vidrio de 5 mm de diámetro, un tubo para toma de muestra sanguínea de 10 mm de diámetro y un tubo de ensayo de 15 mm de diámetro. Se dispensaron 3 diferentes volúmenes de suspensión bacteriana dentro del pozo: 5, 10 y 20 μ L. Se tapó la caja de Petri y se selló con parafilm, para luego colocarla en posición boca arriba dentro de una incubadora durante 24 h a 37 °C.

Una vez terminada la incubación, se retiró el parafilm de la caja y la totalidad del agar fue removido pasando una puntilla de 1 mL alrededor del borde interno de la caja, hasta haberlo despegado por completo. Una vez despegado el agar, se añadieron 5 mL de cristal violeta al 0.1% y se incubó a temperatura ambiente durante 1 h. El colorante fue removido con una pipeta de 10 mL, y se lavó la caja por lo menos 2 veces con 10 mL de PBS para remover el exceso de colorante, para luego dejarla secar en posición invertida sobre papel absorbente. Posteriormente, se registró la formación y morfología del área teñida.

6.4.2. Motilidad por contracción de *P. aeruginosa*.

La motilidad por contracción de *P. aeruginosa* se midió por duplicado mediante el método macroscópico de Turnbull y Whitchurch (113).

Cada aislamiento se sembró por estría cruzada, a partir del cultivo stock, en placas con agar LB de Lennox al 1.5% (5 g NaCl, 5 g extracto de levadura, 10 g triptona y 15 g de agar en 1 L de agua) y se incubó a 37 °C durante toda la noche. Tras la incubación, se seleccionó una colonia y se tomó una pequeña porción de su borde con un palillo mondadientes estéril, con el cual la porción tomada se homogenizó gentilmente en un área estéril del agar. Una vez homogenizada, se inoculó en el centro de una caja Petri con 10 mL de agar LB al 1%, estéril, mediante punción perpendicular al agar, asegurándose de llegar hasta el fondo de la caja. Se incluyó un control positivo (cepa PS20490) y uno negativo en cada ensayo. La caja inoculada se colocó dentro de una incubadora con depósito de agua para en pilas de no más de 3 cajas de alto, y se incubó por 24 h a 37 °C.

Tras la incubación, se verificó el crecimiento de una pequeña colonia sobre la superficie alrededor del punto de inoculación. A cada cultivo en caja de Petri se le agregó una pequeña cantidad de solución reveladora fría (Agua 40%, ácido acético glacial 10%, metanol 50%. Guardar a 4 °C), suficiente para cubrir todo el agar, y se dejó reposar por 30 min. Posteriormente, el líquido fue decantado en un recipiente de residuos y las placas se dejaron reposar bajo flujo laminar hasta que la mayoría del líquido se hubiera secado.

Cada placa fue observada a contraluz para confirmar la presencia de un halo tenue blanquecino, denominado colonia intersticial, que corresponde al área de motilidad por contracción entre el fondo del agar y el plástico de la caja de Petri. Utilizando un marcador permanente de punta fina, se delineó el borde de la colonia intersticial y se midieron 2 diámetros de la colonia perpendiculares entre sí (d_1 y d_2) que pasaran sobre el punto de punción, con los cuales se obtuvo el diámetro promedio ($d\bar{x}$) y el radio de la colonia ($r = \frac{d\bar{x}}{2}$). Finalmente, a partir de las mediciones, el área de la colonia intersticial fue calculada mediante la fórmula $\text{Área} = \pi r^2$.

6.4.3. Motilidad por nado de *P. aeruginosa*.

La motilidad por nado de *P. aeruginosa* se midió por duplicado mediante el ensayo basado en placa de Gon-Ha et al (113).

Para cada aislamiento, se tomó un inóculo del cultivo stock con un asa bacteriológica, el cual se inoculó en un tubo con caldo LB de Lennox y se incubó por toda la noche a 37 °C.

Una vez terminada la incubación, se sumergió la punta de un palillo mondadientes estéril dentro del cultivo y se inoculó por punción en el centro de una caja con una capa gruesa (~25 mL/caja) de agar enriquecido (Agar 0.3%, NaH₂PO₄ 0.6%, KH₂PO₄ 0.3%, glucosa 0.2%, hidrolizado de caseína 0.5%, MgSO₄ 1 mM) estéril, asegurándose de no puncionar hasta la base de la caja. Las cajas se incubaron a 37 °C por 24 h, en posición boca arriba.

Una vez transcurrida la incubación, se confirmó el crecimiento y se observó la morfología de la colonia superficial alrededor del sitio de inoculación. Se realizaron las mismas mediciones correspondientes al ensayo de motilidad por contracción para la colonia superficial (d_1 , d_2 , \bar{d}_x y r) y se calculó el área de motilidad por nado utilizando la fórmula $\text{Área} = \pi r^2$.

6.5. Medición de la producción de biopelícula en *A. baumannii* y *P. aeruginosa*

Se midió la producción de biopelícula de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* mediante una variante del método de formación de biopelícula en placa microtituladora de 96 pocillos de Stepanovic y colaboradores (114).

Para cada aislamiento, a partir del cultivo stock, se sembró por estría cruzada un inóculo bacteriano en una caja de Petri con agar sangre y esta se dejó incubar por 24 h a 37 °C. Tras la incubación se tomaron varias colonias, las cuales fueron suspendidas en solución salina fisiológica estéril hasta alcanzar una turbidez equivalente al estándar de 0.5 en la escala de McFarland ($\sim 1 \times 10^8$ UFC/mL). La suspensión se homogenizó por vórtex durante 30 s.

En una placa de microtitulación de 96 pocillos de fondo plano, no tratada, se depositaron 180 μ L de caldo soya tripticasa adicionado con glucosa al 1% y 20 μ L de la suspensión bacteriana en cada pocillo, realizando cada aislamiento por triplicado e incluyendo un triplicado correspondiente al control negativo (200 μ L de caldo soya tripticasa + glucosa 1%). La placa se tapó y se incubó por 24 h a 37 °C bajo condiciones estáticas.

Una vez transcurrido este tiempo, se decantó el contenido de los pocillos en un recipiente de residuos y se lavó cada pocillo con 300 μ L de PBS, 3 veces, descartando el PBS de cada lavado por inversión de la placa y golpes ligeros a cada pocillo. La biopelícula fue fijada agregando 150 μ L de metanol absoluto a cada pocillo y dejando reposar durante 20 min a temperatura ambiente. Se retiró el metanol por pipeteo y posteriormente se dejó secar la placa durante 1 h a 60 °C. Luego del tiempo de secado a alta temperatura, se agregaron 150 μ L de cristal violeta al 0.1% en cada pocillo y se dejó reposar durante 15 min a temperatura ambiente para que se tiñera la biopelícula. El colorante fue removido por pipeteo y se realizaron 5 lavados con 200 μ L de agua destilada estéril a cada pocillo para remover el exceso de colorante. La placa se dejó secar toda la noche, a temperatura ambiente.

Al día siguiente, se agregaron 150 μ L de ácido acético al 30% lentamente por las paredes a cada pocillo, y se dejó solubilizar sin agitación por 30 min. Por último, se midió la densidad óptica (OD) a 570 nm en el equipo Biotek Cytation 1. Cada aislamiento fue clasificado comparando el promedio de sus OD con el parámetro OD_c, el cual corresponde al promedio de las OD del control negativo más 3 desviaciones estándar, siguiendo el criterio de la siguiente tabla:

Tabla 3. Clasificación de cepas con base en la producción de biopelícula.

Categoría	Criterio
No-productor	OD < OD _c
Productor débil	OD _c < OD < 2OD _c
Productor moderado	2OD _c < OD < 4OD _c
Productor fuerte	4OD _c < OD

6.6. Secuenciación de genoma completo.

6.6.1. Extracción de ADN genómico y plasmídico.

El ADN genómico y plasmídico de los aislamientos fue extraído por el método de extracción con fenol-cloroformo. Se recolectaron colonias de bacterias a partir de cultivos bacterianos jóvenes en agar sangre, las cuales se suspendieron en 200 μ L de buffer Tris-HCl en un tubo Eppendorf estéril y se incubaron a 37 °C durante 2 h. Se les añadió 200 μ L de buffer TE 1X con SDS al 1% y 6 μ L de proteinasa K (10 mg/mL) y se incubaron a 55 °C durante 2 h en

baño maría. Tras la incubación se añadieron, en el siguiente orden, 250 µL de fenol saturado, 250 µL de SEVAG (cloroformo:alcohol isoamílico) y 100 µL de TE 1X, mezclando por inversión entre cada adición, por una duración de 5 min en la adición de TE 1X. Las muestras se centrifugaron por a 14,000 rpm durante 8 min.

Se recuperó la fase acuosa a un tubo nuevo libre de nucleasas en donde se repitieron los pasos anteriores de adición de fenol saturado, SEVAG y TE 1X y mezclado, tras los cuales se volvió a centrifugar a 14,000 rpm durante 8 min. La fase acuosa fue transferida a otro tubo libre de nucleasas y se le añadieron 2.33 volúmenes equivalentes de etanol absoluto frío, mezclando por inversión hasta haber observado la formación de una hebra de ADN. La mezcla se dejó precipitar a – 20 °C durante 1 h y se centrifugó a 14,000 rpm por 5 min. Se decantó el líquido y el sedimento fue lavado 2 veces con 500 µL de etanol al 70% frío, centrifugando y decantando entre cada lavado. La mezcla se colocó en un concentrador durante 5 min hasta que el sedimento estuviera completamente seco. Finalmente, el sedimento de ADN fue resuspendido en 100 µL de TE 1X, se incubó en un baño de agua a 65 °C durante 15 min y se llevó a almacenamiento a 4 °C. La concentración y la calidad del ADN extraído se midieron utilizando un NanoDrop (ThermoScientific).

6.6.2. Secuenciación.

Se prepararon las bibliotecas genómicas de cada aislamiento utilizando el kit Nextera XT y se secuenciaron los genomas completos mediante la plataforma Illumina MiSeq, vía 2x250 bp, utilizando una celda de flujo B2 de 300 ciclos.

6.6.3. Evaluación de calidad y limpieza de lecturas.

Una vez obtenidos los archivos fastq de cada aislamiento, se evaluó la calidad de las lecturas utilizando la herramienta FastQC v0.11.7. Se utilizó la herramienta Trim Galore v0.4.4_dev para eliminar las secuencias correspondientes a lecturas de calidad no-óptima (definidas como aquellas lecturas con un puntaje de calidad Phred menor a 30) y a adaptadores de secuenciación.

6.6.4. Ensamble de genomas y plásmidos y anotación de genomas.

Las lecturas limpias de secuenciación se ensamblaron *de novo* utilizando la herramienta Unicycler v0.4.9b para obtener el genoma de cada cepa. A cada genoma ensamblado se le midieron los siguientes parámetros: tamaño (Mbp), número total de contigs, N50, número de contig de N50 y profundidades mínima, promedio y máxima, estas últimas por medio de la herramienta weeSAM v1.6. También se ensamblaron las secuencias de posibles plásmidos detectados con la herramienta plasmidSPAdes v3.12.0, y se realizó la anotación rápida de los genomas con la herramienta Prokka v1.14.6.

6.7. Tipificación de secuencias multilocus (MLST).

Se utilizó la herramienta MLST 2.0 del Center for Genomic Epidemiology (CGE) para la asignación de secuencias tipo (STs) a cada genoma obtenido. Para la tipificación de los genomas de *A. baumannii* se seleccionó el sistema de tipificación Pasteur.

6.8. Análisis filogenético.

Para cada genoma, las secuencias obtenidas por la tipificación multilocus de los genes housekeeping fueron concatenadas siguiendo el siguiente orden: *cpn60*, *fusA*, *gltA*, *pyrG*, *recA*, *rplB* y *rpoB* para *A. baumannii* (longitud = 2976 nt), y *acsA*, *aroE*, *guaA*, *mutL*, *nuoD*, *ppsA*, *trpE* para *P. aeruginosa* (longitud = 2882 nt).

Para cada una de las dos especies, se construyó un árbol filogenético de máxima verosimilitud y 2000 repeticiones de bootstrap mediante el software MEGA v11.0, utilizando las secuencias concatenadas obtenidas e incluyendo también las secuencias concatenadas de cada ST detectada y la ST1 de cada especie con el fin de enraizar los árboles, estas últimas obtenidas de la base de datos de PubMLST. Para la construcción de los árboles, se utilizaron los modelos de sustitución GTR para *A. baumannii* y GTR + G + I para *P. aeruginosa*.

6.9. Análisis de genómica comparativa.

Una vez obtenidos los ensamblados de genoma, estos se utilizaron para obtener el resistoma y el viruloma de los aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* recolectados antes y durante la pandemia.

Para el análisis de resistoma, los genes de resistencia antimicrobiana fueron identificados utilizando las herramientas en línea ResFinder 4.1 del CGE (115,116) y Resistance Gene Identifier (RGI) de The Comprehensive Antibiotic Resistance Database (CARD), utilizando la configuración predeterminada de ambas herramientas (117). Una vez identificados los genes de resistencia de todas las cepas, se establecieron perfiles genéticos de resistencia, considerándose cepas del mismo perfil a aquellas cuyo conjunto de genes de resistencia a una determinada clase de antibióticos fuera exactamente igual.

Para el análisis de viruloma, se generó una base de datos con las secuencias de genes de virulencia registradas en la Virulence Factor Database (118) para cada especie, utilizando las cepas *Acinetobacter baumannii* ACICU, *Pseudomonas aeruginosa* PA01 y *Pseudomonas aeruginosa* PA7 como referencias. Los genes de virulencia de los genomas se identificaron mediante blastn v2.11.0 frente a las bases de datos generadas.

Para el análisis de plásmidos, se utilizó la herramienta blastn del NCBI para alinear los ensamblados obtenidos por plasmidSPAdes frente a las secuencias de la base de datos de GenBank y seleccionar el plásmido detectado de mayor similitud.

6.10. Análisis estadístico.

Todos los análisis estadísticos serán realizados mediante el software IBM SPSS Statistics versión 25. Los resultados de las pruebas fenotípicas de susceptibilidad a antibióticos y de virulencia serán analizados con la prueba de normalidad de Shapiro o Kolmogorov-Smirnov para establecer la distribución de los datos, y en base a su distribución se determinará si existe diferencia entre las medias o medianas de los resultados con la prueba de t de Student o U de Mann-Whitney, según corresponda. Se consideraron como estadísticamente significativos aquellos valores de $p < 0.05$.

7. RESULTADOS

7.1. Selección de cepas.

Se seleccionaron las siguientes cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* provenientes de múltiples centros de atención a COVID-19 miembros de la red INVIFAR, las cuales se muestran en las Tablas 4 y 5.

Tabla 4. Cepas de *A. baumannii* resistente a carbapenémicos seleccionadas de los periodos antes y durante la pandemia.

Cepa	Periodo de recolección	Lugar de procedencia
A20511	Antes de la pandemia	Laboratorio Clínico Louis Pasteur, Toluca, Estado de México.
A20912		Centro Médico “Dr. Ignacio Chávez” ISSSTE, Hermosillo, Sonora.
A20997		Hospital General del Estado “Dr. Ernesto Ramos Bours”, Hermosillo, Sonora.
A201742		Hospital Regional de Alta Especialidad “Bicentenario de la Independencia”, Tultitlán de Mariano Escobedo, Estado de México.
A201836		Hospital General “Dr. Miguel Silva”, Morelia, Michoacán.
A201863		Hospital Centenario Miguel Hidalgo, Aguascalientes, Aguascalientes.
A201884		Centro Médico Dr. Ignacio Chávez ISSSTE, Hermosillo, Sonora.
A202386		Hospital Infantil “Eva Samano de López Mateo”, Morelia, Michoacán.
A2112	Durante la pandemia	Hospital Civil de Guadalajara “Fray Antonio Alcalde”, Guadalajara, Jalisco.
A21273		Instituto Nacional de Cardiología Ignacio Chávez, Tlalpan, Ciudad de México.
A21315		Hospital General de Zona No.21 IMSS, Tepatitlán de Morelos, Jalisco.
A21329		Hospital General de Zona No. 1 Nueva Frontera, Tapachula, Chiapas.
A21621		Hospital Regional de Alta Especialidad de Oaxaca, San Bartolo Coyotepec, Oaxaca.
A21668		Hospital Centenario Miguel Hidalgo, Aguascalientes, Aguascalientes.
A21671		Hospital Centenario Miguel Hidalgo, Aguascalientes, Aguascalientes.
A21841		Hospital Universitario Dr. José Eleuterio González, Monterrey, Nuevo León.

Tabla 5. Cepas de *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos seleccionadas de los periodos antes y durante la pandemia.

Cepa	Periodo de recolección	Lugar de procedencia
PS2098	Antes de la pandemia	Hospital General Juan María de Salvatierra, La Paz, Baja California Sur.
PS20215		Hospital de Especialidades Materno Infantil de León, León, Guanajuato.
PS20294		Hospital General de Chetumal, Chetumal, Quintana Roo.
PS20412		Hospital General de Zona No. 1 Nueva Frontera, Tapachula, Chiapas.
PS20490		Hospital de Alta Especialidad de Veracruz, Veracruz, Veracruz.
PS20503		Hospital de Alta Especialidad de Veracruz, Veracruz, Veracruz.
PS201139		Hospital de Especialidades Pediátricas, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas.
PS201267		Hospital de la Madre y del Niño Guerrerense, Chilpancingo, Guerrero.

Cepa	Periodo de recolección	Lugar de procedencia
PS21222	Durante la pandemia	Laboratorio Clínico del Hospital Galenia, Cancún, Quintana Roo
PS21572		Hospital Civil de Guadalajara “Fray Antonio Alcalde”, Guadalajara, Jalisco.
PS21575		Hospital Civil de Guadalajara “Fray Antonio Alcalde”, Guadalajara, Jalisco.
PS21632		Hospital General del Estado “Dr. Ernesto Ramos Bours”, Hermosillo, Sonora.
PS21634		Hospital General del Estado “Dr. Ernesto Ramos Bours”, Hermosillo, Sonora.
PS21804		Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición “Salvador Zubirán”, Tlalpan, Ciudad de México.
PS21817		Hospital General “Dr. Agustín O’ Horan”, Mérida, Yucatán.
PS21832		Hospital General “Dr. Miguel Silva”, Morelia, Michoacán.

7.2. Perfil de susceptibilidad a antibióticos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

En *A. baumannii*, tanto la CMI₅₀ como la CMI₉₀ de todos los antibióticos evaluados indicó un fenotipo de resistencia, con la excepción de colistina, cuyas CMI₅₀ y CMI₉₀ indicaron un fenotipo intermedio. En *P. aeruginosa*, por otra parte, se obtuvo una CMI₉₀ indicadora de un fenotipo de resistencia para todos los antibióticos excepto colistina. La CMI₅₀ de los 3 carbapenémicos, piperacilina-tazobactam y ciprofloxacino también indicaron un fenotipo de resistencia. Sin embargo, las CMI₅₀ correspondientes a ceftazidime, cefepime, amikacina, gentamicina y colistina (incluyendo la CMI₉₀ de esta última) indicaron fenotipos intermedios o incluso de susceptibilidad a dichos antibióticos (Tabla 6).

Tabla 6. Susceptibilidad a antibióticos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*.

Clase de antibiótico	Antibiótico	<i>A. baumannii</i> (n = 16)				<i>P. aeruginosa</i> (n = 14)			
		CMI ₅₀ (µg/mL)	Fenotipo	CMI ₉₀ (µg/mL)	Fenotipo	CMI ₅₀ (µg/mL)	Fenotipo	CMI ₉₀ (µg/mL)	Fenotipo
Carbapenémicos	Doripenem	≥8	R	≥8	R	≥8	R	≥8	R
	Imipenem	≥8	R	≥8	R	≥8	R	≥8	R
	Meropenem	≥8	R	≥8	R	≥8	R	≥8	R
β-lactámicos, no carbapenémicos	Ampicilina-sulbactam	≥32	R	≥32	R	ND			
	Piperacilina-tazobactam	≥128	R	≥128	R	32	I	≥128	R
	Ceftazidime	≥64	R	≥64	R	16	I	≥32	R
	Ceftriaxona	≥64	R	≥64	R	ND			
	Cefepime	≥64	R	≥64	R	≤8	S	≥32	R
Aminoglucósidos	Amikacina	ND				≤16	S	≥64	R
	Gentamicina	≥16	R	≥16	R	≤4	S	≥16	R
Fluoroquinolonas	Ciprofloxacino	≥4	R	≥4	R	≤0.5	S	≥2	R
Polimixinas	Colistina	≤2	I	≤2	I	≤2	I	≤2	I

R: Resistente, I: Intermedio, S: Susceptible

7.3. Motilidad por contracción de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

7.3.1. *A. baumannii*.

En todas las cepas de ambos periodos de estudio, no se observó un área de motilidad por contracción tras el lavado posterior a la tinción en ninguno de los ensayos de estandarización del protocolo de motilidad sub-superficie. Todas las cepas se consideraron como no-móviles (resultado negativo, área no perceptible).

7.3.2. *P. aeruginosa*.

En una de las cepas de *P. aeruginosa* del periodo durante la pandemia, PS21817, no pudo medirse el área de colonia intersticial, al verse enmascarada por la pequeña zona de crecimiento superficial alrededor del punto de punción, por lo que se consideró como no-móvil y se excluyó del análisis estadístico. No se observó diferencia estadísticamente significativa ($p > 0.05$) entre las medias de área de motilidad por contracción (área de colonia intersticial) de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia (Figura 3).

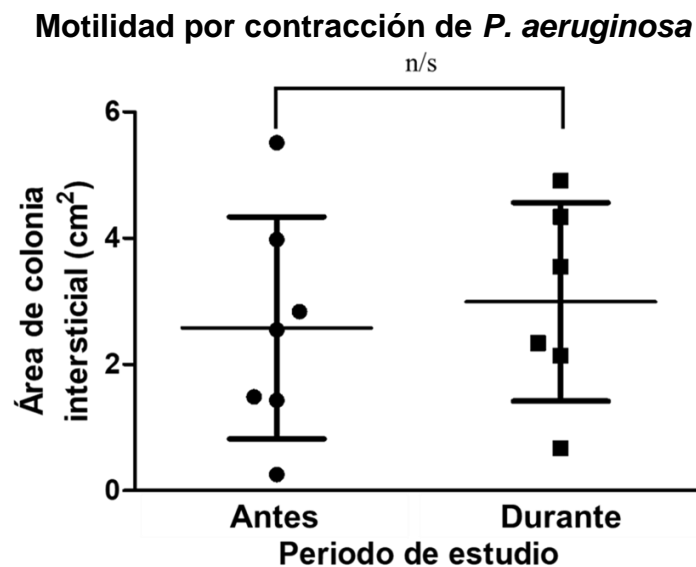


Figura 3. Motilidad por contracción de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

7.4. Motilidad por nado de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

4 de las 14 cepas de *P. aeruginosa* (1 antes de pandemia: PS201267, y 3 durante la pandemia: PS21575, PS21634, PS21817) fueron excluidas del análisis comparativo debido a que presentaron un fenotipo caracterizado por un crecimiento denso, extendido e irregular y una elevada producción de pirocianina evidenciada por una intensa coloración desde amarilla verdosa hasta intensamente verde del agar, el cual se definió como **fenotipo hipermóvil**. Cada una presentó una morfología de crecimiento consistente entre réplicas: crecimiento disperso en las cepas PS201267 y PS21634, múltiples focos de crecimiento en la cepa PS21575 y crecimiento en forma de estrella en la cepa PS21817 (Anexo 7).

No se observó diferencia estadísticamente significativa ($p > 0.05$) entre las medianas de área de motilidad por nado de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia (Figura 4).

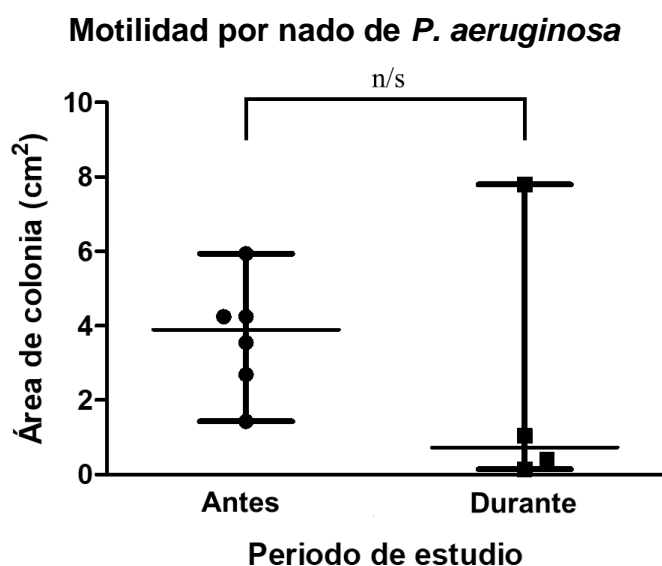


Figura 4. Motilidad por nado de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

7.5. Producción de biopelícula de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

En *A. baumannii*, no se observó diferencia estadísticamente significativa en la producción de biopelícula entre las cepas antes y durante la pandemia ($p > 0.05$, prueba U de Mann-Whitney). Tampoco se observó diferencia estadísticamente significativa en la producción de biopelícula entre las cepas antes y durante la pandemia de *P. aeruginosa* ($p > 0.05$, prueba t de Student) (Figuras 5 y 6).

Producción de biopelícula de *A. baumannii*

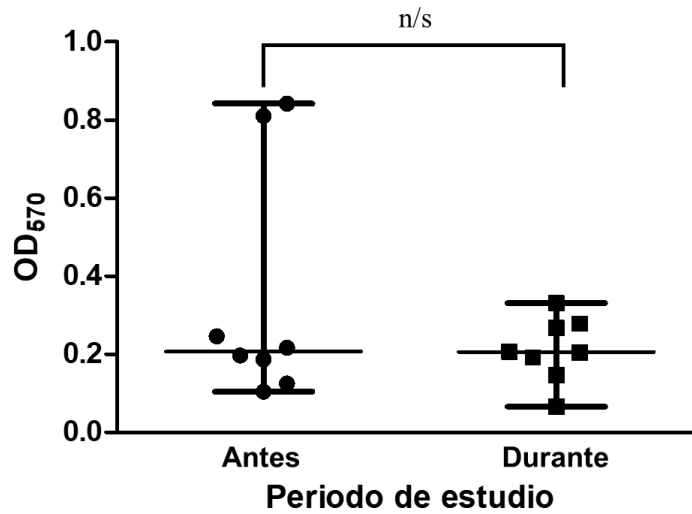


Figura 5. Producción de biopelícula de *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Producción de biopelícula de *P. aeruginosa*

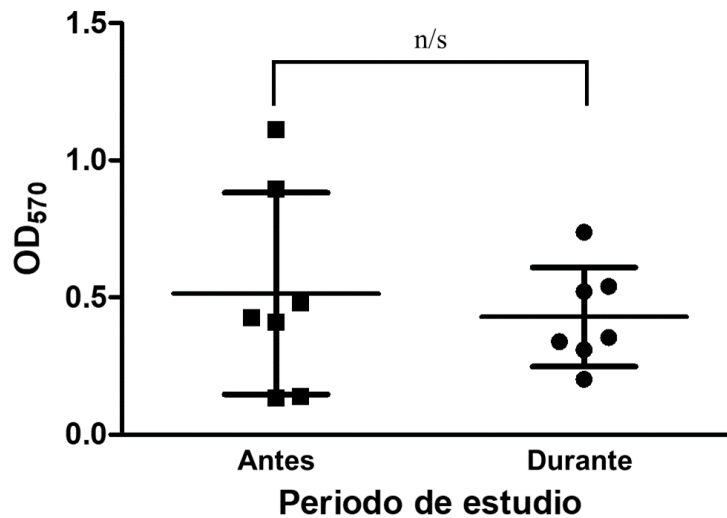


Figura 6. Producción de biopelícula de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

7.6. Secuenciación de genoma completo.

Se obtuvieron 2 archivos fastq para cada uno de los genomas (R1 y R2), los cuales fueron sometidos a un análisis en la herramienta FastQC antes y después de utilizar la herramienta Trim Galore para su limpieza.

7.6.1. Control de calidad de archivos fastq de *A. baumannii*.

Se encontraron resultados mayormente exitosos (%Exitoso(O) > 90%) en los módulos de evaluación de estadísticas base (EB), nivel de duplicación de secuencias (NDS) y contenido de adaptadores (CA), generalmente exitosos (50% < %Exitoso(O) < 90%) en calidad de secuencia por base (CSPB), puntuación de calidad por secuencia (PCPS), contenido de GC por secuencia (CGCPS), y contenido de N por base (CNPB) y mayormente de advertencia o fallidos (%Exitoso(O) < 50%) en calidad de secuencia por cuadro (CSPC), contenido de secuencia por base (CoSPB), distribución de longitud de secuencias (DLS) y secuencias sobresaturadas (SS) en los archivos de lectura fastq originales de *A. baumannii*. Al analizar los archivos después de la limpieza de lecturas, se observó una mejora a niveles más idóneos en la calidad de los resultados de los módulos CSPB, PCPS, CGCPS, CNPB y SS, un incremento del 10% en resultados exitosos de CSPC, y no cambió la calidad de los resultados de CoSPB y DLS. Los resultados se muestran en la Tabla 7.

Tabla 7. Análisis de calidad con FastQC de las lecturas de secuenciación de genomas de *A. baumannii*.

Fastq	Archivo	EB	CSPB	CSPC	PCPS	CoSPB	CGCPS	CNPB	DLS	NDS	SS	CA
A21329-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	!	X	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21329-R2	Original	✓	X	✓	!	X	!	X	!	✓	X	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21621-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21621-R2	Original	✓	X	!	!	X	✓	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21668-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21668-R2	Original	✓	X	!	!	X	✓	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21671-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21671-R2	Original	✓	X	✓	!	X	✓	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21841-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
A21841-R2	Original	✓	X	✓	!	X	✓	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201742-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201742-R2	Original	✓	X	✓	!	X	✓	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201863-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓

Fastq	Archivo	EB	CSPB	CSPC	PCPS	CoSPB	CGCPS	CNPB	DLS	NDS	SS	CA
A201863-R2	Original	✓	X	!	!	X	✓	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201836-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201836-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201884-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A201884-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A202073-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A202073-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A202386-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A202386-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A20511-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A20511-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A20912-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A20912-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A20997-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A20997-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21273-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
A21273-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	✓	✓	!	✓	✓	✓
#Exitoso(O)		30	23	11	23	0	16	23	0	29	0	30
%Exitoso(O)		100%	77%	37%	77%	0%	53%	77%	0%	97%	0%	100%
#Advertencia(O)		0	0	19	7	0	14	0	30	1	28	0
%Advertencia(O)		0%	0%	63%	23%	0%	47%	0%	100%	3%	93%	0%
#Fallido(O)		0	7	0	0	30	0	7	0	0	2	0
%Fallido(O)		0%	23%	0%	0%	100%	0%	23%	0%	0%	7%	0%
#Exitoso(L)		30	30	14	30	0	29	30	0	30	30	30
%Exitoso(L)		100%	100%	47%	100%	0%	97%	100%	0%	100%	100%	100%
#Advertencia(L)		0	0	16	0	0	1	0	30	0	0	0
%Advertencia(L)		0%	0%	53%	0%	0%	3%	0%	100%	0%	0%	0%
#Fallido(L)		0	0	0	0	30	0	0	0	0	0	0
%Fallido(L)		0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

✓ = Resultado de módulo exitoso, ! = Resultado de módulo de advertencia, X = Resultado de módulo fallido. EB: Estadísticas base; CSPB: Calidad de secuencia por base; CSPC: Calidad de secuencia por cuadro, PCPS: Puntuación de calidad por secuencia, CoSPB: Contenido de secuencia por base; CGCPS: Contenido de GC por secuencia; CNPB: Contenido de N por base; DLS: Distribución de longitud de secuencia; NDS: Niveles de duplicación de secuencia; SS: Secuencias sobrerrepresentadas; CA: Contenido de adaptadores; #x(O): Número de resultados correspondientes en archivos originales; %x(O): Porcentaje de resultados correspondientes en archivos originales; #x(L): Número de resultados correspondientes en archivos limpios; %x(L): Porcentaje de resultados correspondientes en archivos limpios.

7.6.2. Control de calidad de archivos fastq de *P. aeruginosa*

En los archivos fastq originales de *P. aeruginosa*, también se encontraron resultados mayormente exitosos en los módulos EB, NDS y CA. Los resultados fueron generalmente exitosos en CSPB, CSPC, PCPS y CNPB, y mayormente de advertencia o fallidos en CoSPB, CGCPS, DLS y SS. En los archivos limpios, mejoró la calidad de los resultados de CSPB, PCPS, CGCPS, CNPB, y SS a niveles más idóneos, y no hubo cambio en la calidad de los resultados de CSPC, CoSPB y DLS. Los resultados se muestran en la Tabla 8.

Tabla 8. Análisis de calidad con FastQC de las lecturas de secuenciación de genomas de *P. aeruginosa*.

Fastq	Archivo	EB	CSPB	CSPC	PCPS	CoSPB	CGCPS	CNPB	DLS	NDS	SS	CA
PS20490-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20490-R2	Original	✓	X	!	!	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20503-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20503-R2	Original	✓	X	!	!	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21222-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21222-R2	Original	✓	X	✓	!	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21572-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	✓	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21572-R2	Original	✓	X	!	!	X	!	X	!	✓	✓	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21575-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21575-R2	Original	✓	X	✓	!	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21632-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21632-R2	Original	✓	X	✓	!	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21804-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21804-R2	Original	✓	X	✓	!	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21817-R1	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21817-R2	Original	✓	X	!	✓	X	!	X	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS201139-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS201139-R2	Original	✓	!	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓

Fastq	Archivo	EB	CSPB	CSPC	PCPS	CoSPB	CGCPS	CNPB	DLS	NDS	SS	CA
PS201267-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS201267-R2	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20215-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20215-R2	Original	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20294-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20294-R2	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20412-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS20412-R2	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS2098-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS2098-R2	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21634-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21634-R2	Original	✓	✓	✓	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21832-R1	Original	✓	✓	!	✓	X	X	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	!	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
PS21832-R2	Original	✓	X	✓	✓	X	!	✓	!	✓	!	✓
	Limpio	✓	✓	✓	✓	X	!	✓	!	✓	✓	✓
	#Exitoso(O)	32	22	19	25	0	0	24	0	32	2	32
	%Exitoso(O)	100%	69%	59%	78%	0%	0%	75%	0%	100%	6%	100%
	#Advertencia(O)	0	1	13	7	0	11	0	32	0	30	0
	%Advertencia(O)	0%	3%	41%	22%	0%	34%	0%	100%	0%	94%	0%
	#Fallido(O)	0	9	0	0	32	21	8	0	0	0	0
	%Fallido(O)	0%	28%	0%	0%	100%	66%	25%	0%	0%	0%	0%
	#Exitoso(L)	32	32	17	32	0	0	32	0	32	32	32
	%Exitoso(L)	100%	100%	53%	100%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	100%
	#Advertencia(L)	0	0	15	0	0	32	0	32	0	0	0
	%Advertencia(L)	0%	0%	47%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%
	#Fallido(L)	0	0	0	0	32	0	0	0	0	0	0
	%Fallido(L)	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

✓ = Resultado de módulo exitoso, ! = Resultado de módulo de advertencia, X = Resultado de módulo fallido. EB: Estadísticas base; CSPB: Calidad de secuencia por base; CSPC: Calidad de secuencia por cuadro, PCPS: Puntuación de calidad por secuencia, CoSPB: Contenido de secuencia por base; CGCPS: Contenido de GC por secuencia; CNPB: Contenido de N por base; DLS: Distribución de longitud de secuencia; NDS: Niveles de duplicación de secuencia; SS: Secuencias sobrerrepresentadas; CA: Contenido de adaptadores. #x(O): Número de resultados correspondientes en archivos originales; %x(O): Porcentaje de resultados correspondientes en archivos originales; #x(L): Número de resultados correspondientes en archivos limpios; %x(L): Porcentaje de resultados correspondientes en archivos limpios.

7.6.3. Análisis de calidad de genomas ensamblados de *A. baumannii*.

En *A. baumannii*, los genomas ensamblados tuvieron los siguientes rangos de estadísticos: tamaño de 3864891 a 4049978 bp, número de contigs de 99 a 269, N50 de 73646 a 163598, número de contig de la N50 de 8 a 16 y profundidad promedio de 32.81 a 152.1 (Tabla 9).

Tabla 9. Estadísticas de los ensambles de genomas de *A. baumannii*.

Periodo	Cepa	Tamaño (bp)	No. de contigs	N50	Contig N50	Profundidad promedio	Profundidad mínima	Profundidad máxima
Antes de la pandemia	A20511	3894748	141	137899	10	46.33	3	700
	A20912	3987971	99	162451	9	119.95	7	4009
	A20997	4036349	136	152356	10	120.67	4	3835
	A201742	3892608	196	109894	13	32.81	1	316
	A201836	4049978	269	73646	18	34.96	1	510
	A201863	3971492	177	92120	14	33.2	1	1501
	A201884	3988721	126	117952	11	42.92	2	2357
	A202386	3938302	267	76687	16	32.62	1	474
Durante la pandemia	A2112	3917407	116	163598	8	40.96	1	750
	A21273	3934873	115	146981	9	57.14	2	635
	A21315	3919560	158	103291	11	37.25	1	324
	A21329	3864891	158	103291	11	152.1	13	2071
	A21621	3930429	134	126137	10	42.43	1	305
	A21668	3973301	119	107857	10	45.99	1	557
	A21671	3973742	114	106276	11	46.26	1	237
	A21841	3914430	296	75128	16	34.23	1	509

En *P. aeruginosa*, los rangos de estadísticos de los genomas fueron: tamaño de 6135688 a 6904991 bp, número de contigs de 101 a 873, N50 de 14713 a 154275, número de contig de la N50 de 12 a 133 y profundidad promedio de 11.66 a 55.3 (Tabla 10).

Tabla 10. Estadísticas de los ensambles de genomas de *P. aeruginosa*.

Periodo	Cepa	Tamaño (bp)	No. de contigs	N50	Contig N50	Profundidad promedio	Profundidad mínima	Profundidad máxima
Antes de la pandemia	PS2098	6545524	229	47532	39	17.83	0	1722
	PS20215	6904991	276	49036	40	15.47	0	99
	PS20412	6261401	101	113814	17	26.01	0	224
	PS20490	6651933	428	28136	71	15.1	0	288
	PS20503	6783607	873	14713	133	13.67	0	129
	PS201139	6257995	130	85900	24	17.6	0	150
	PS201267	6325946	169	89217	25	19.22	0	323

Periodo	Cepa	Tamaño (bp)	No. de contigs	N50	Contig N50	Profundidad promedio	Profundidad mínima	Profundidad máxima
Durante la pandemia	PS21222	6862985	800	16276	125	11.66	0	339
	PS21575	6280902	154	108985	17	32	0	381
	PS21632	6819308	387	30358	57	15.18	0	197
	PS21634	6372341	167	154275	12	55.3	1	720
	PS21804	6240272	177	71075	23	18.61	0	257
	PS21817	6135688	343	37416	39	16.42	0	190
	PS21832	6780704	425	28916	61	13.92	0	208

7.7. Tipificación de secuencias multilocus y árbol filogenético.

Entre las 16 cepas de *A. baumannii* se detectaron 3 diferentes secuencias tipo (ST): ST2 (10/16, siendo esta la más abundante), ST422 (3/16) y ST156 (3/16). En ambos periodos, la proporción entre las secuencias tipo fue similar, siendo ST2 la más frecuente (4/8 y 6/8 antes y durante la pandemia, respectivamente), seguida de ST422 y ST156 (2/8 y 1/8 en ambas ST, antes y durante la pandemia, respectivamente). El árbol filogenético generado con las pseudosecuencias de los genes de tipificación de secuencias multilocus de *A. baumannii* se muestra en la figura 7.

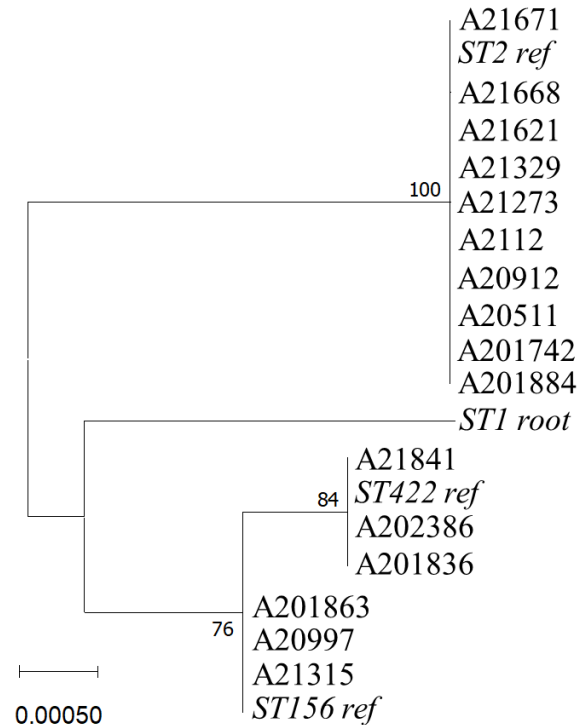


Figura 7. Árbol filogenético de máxima verosimilitud mediante el modelo de sustitución GTR de distribución clonal de las cepas de *A. baumannii*. En itálicas se muestran las pseudosecuencias de referencia obtenidas de la base de datos en línea PubMLST.

Entre las 14 cepas de *P. aeruginosa* se detectaron 13 diferentes ST: ST309 (2/14), ST111, ST244, ST260, ST274, ST983, ST1487, ST2235, ST2348, ST2731, ST3579 y 2 ST no registradas en la base de datos de MLST 2.0, reportándose las ST más cercanas en similitud a estas, las cuales fueron ST1006 y ST2730 (1/14). El árbol filogenético generado con las pseudosecuencias concatenadas de los genes de tipificación de secuencias multilocus de *P. aeruginosa* se muestra en la figura 8.

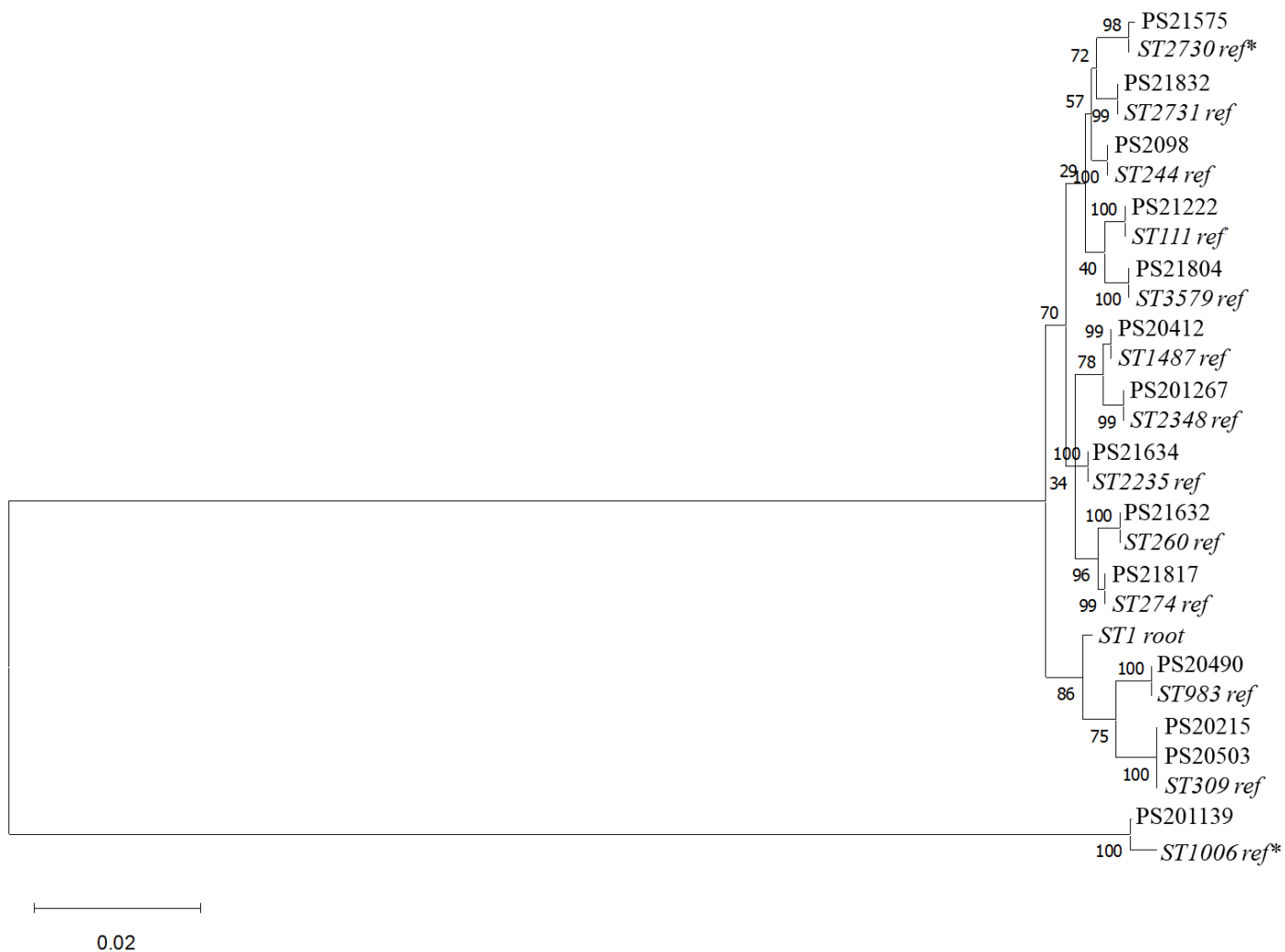


Figura 8. Árbol filogenético de máxima verosimilitud mediante el modelo de sustitución GTR (G + I) de distribución clonal de las cepas de *A. baumannii*. En itálicas se muestran las pseudosecuencias de referencia obtenidas de la base de datos en línea PubMLST.

7.8. Análisis de genómica comparativa.

7.8.1. Viruloma de *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Para el análisis del viruloma de *A. baumannii*, se analizaron los genes involucrados en la producción de los factores de virulencia evaluados en las pruebas fenotípicas. Los genes involucrados en la producción de biopelícula analizados fueron 1 gen de proteína asociada a biopelícula, 6 genes de fimbrias Csu, 4 genes de la producción de poli-N-acetilglucosamina (PNAG) y 2 genes de quorum sensing, mientras los genes analizados relacionados a la motilidad por contracción fueron 28 genes de pilis de tipo IV.

En todas las cepas de *A. baumannii*, se detectaron todos los genes correspondientes a 3 de 4 factores de virulencia relacionados con la producción de biopelícula (fimbrias Csu, PNAG y quorum sensing), sin cambios con respecto a la referencia. En todas las cepas se detectó un potencial homólogo por pérdida de cobertura del gen *bap*, del cual se detectaron solamente 2 resultados diferentes, con un 86% o 93% de cobertura (Tabla 11, Anexo 5).

Tabla 11. Genes relacionados con la producción de biopelícula en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Factor de virulencia	Proteína asociada a biopelícula	Fimbrias Csu	PNAG	Quorum sensing
	Gen(es) Cepa	<i>bap</i>	<i>csu(A-B)ABCDE</i>	<i>pgaABCD</i>	<i>abaIR</i>
Antes de pandemia	A20511				
	A20912				
	A20997				
	A201742				
	A201836				
	A201863				
	A201884				
	A202386				
Durante la pandemia	A21273				
	A21315				
	A21329				
	A21621				
	A21668				
	A21671				
	A21841				
	A2112				

■ = Gen presente sin cambios (% identidad > 90% y cobertura > 95%), ▨ = posible homólogo (50 < % identidad < 90 y/o 30% < cobertura < 95%), y □ = ausencia del gen (% Identidad y/o cobertura < 30%).

En ambos periodos, se detectaron todos los genes de pilis de tipo IV sin cambios con respecto a la referencia en todas las cepas, con la excepción de una cepa por periodo (A20997 y A21315) en las que no se detectó el gen *pilA* (Tabla 12).

Tabla 12. Genes involucrados en la producción de pilis de tipo IV en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen(es)	<i>tsaP, pilRS, gspO, pilCB, fimV, pilFUTJIHG, fimT, pilE, RS16840, pilY1XWV, fimU</i>	<i>pilA</i>	<i>pilQPONM</i>
	Cepa			
Antes de pandemia	A20511			
	A20912			
	A201742			
	A201836			
	A201863			
	A201884			
	A202386			
	A20997			
Durante la pandemia	A2112			
	A21273			
	A21329			
	A21621			
	A21668			
	A21671			
	A21841			
	A21315			

■ = Gen presente sin cambios (% identidad > 90% y cobertura > 95%), □ = ausencia del gen (% Identidad y/o cobertura < 30%).

7.8.2. Viruloma de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Para *P. aeruginosa*, se analizaron los siguientes genes del viruloma: 26 genes de alginato y 4 de quorum sensing relacionados con la producción de biopelícula, 40 genes de pilis de tipo IV involucrados en la motilidad por contracción y 53 genes del flagelo involucrados en la motilidad por nado.

En todas las cepas de ambos periodos se detectaron, en su mayoría, todos los genes involucrados en la producción de alginato y en el quorum sensing sin cambios con respecto a la referencia. El gen *algP*, sin embargo, fue detectado como potencial homólogo en proporciones destacables similares durante ambos periodos (4/8 antes de pandemia y 3/8 durante la pandemia) (Tabla 13).

Tabla 13. Genes relacionados con la producción de biopelícula en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Factor de virulencia	Alginato											Quorum sensing		
	Gen(es) Cepa	<i>algU, mucABCD, algD844KEGX</i>	<i>algL</i>	<i>algI</i>	<i>algJ</i>	<i>algF</i>	<i>algA, mucP</i>	<i>mucE</i>	<i>algW</i>	<i>algP</i>	<i>alg QRZ</i>	<i>algC</i>	<i>algB</i>	<i>lasIR</i>	<i>rhlIR</i>
Antes de la pandemia	PS2098														
	PS20490														
	PS20503														
	PS201139														
	PS20215														
	PS20412														
	PS201267														
Durante la pandemia	PS21222														
	PS21632														
	PS21832														
	PS21575														
	PS21634														
	PS21804														
	PS21817														

■ = Gen presente sin cambios (% identidad > 90% y cobertura > 95%), ▨ = posible homólogo (50 < % identidad < 90 y/o 30% < cobertura < 95%), □ = ausencia del gen (% Identidad y/o cobertura < 30%). Se muestran subrayadas las cepas con fenotipo hiper móvil.

En ambos periodos, se detectó la mayoría de los genes de pilis de tipo IV sin cambios con respecto a la referencia. Solamente en 4/7 cepas del periodo antes de la pandemia se detectó el gen *pilA* como potencial homólogo y los genes *pilB* y *pilC* sin cambios, mientras que en el resto de las cepas se encontraron ausente, como potencial homólogo y ausente y/o homólogo, respectivamente. En ambos periodos se detectó *pilY1* como potencial homólogo (6/7 antes, 5/7 durante la pandemia) o ausente (1/7 antes, 2/7 durante) (Tabla 14).

Respecto a genes del flagelo, también se detectó la mayoría de estos sin cambios con respecto a la referencia en ambos periodos. Destacan los genes *flgK*, *flgL* y *fliC*, los cuales fueron detectados en conjunto como potenciales homólogos (3/8 antes de la pandemia, 4/8 durante) o sin cambios respecto a la referencia (5/8 antes, 4/8 durante), además de los genes *fleI*, *fliS*, *fliD* y *fleP* detectados en conjunto sin cambios (5/7 antes, 3/7 durante) o ausentes (2/7 antes, 4/7 durante) en las mismas cepas (Tabla 15).

Tabla 14. Genes involucrados en la producción de pilis de tipo IV en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen(es)	<i>pitUGHJK</i>	<i>chpA</i>	<i>chpBCDE, vfr</i>	<i>fimL</i>	<i>pilZ</i>	<i>fimV</i>	<i>rpoS, pilF, rpoN</i>	<i>pilA</i>	<i>pilB</i>	<i>pilC</i>	<i>xcpA, pilSR</i>	<i>fimTU</i>	<i>pilV</i>	<i>pilW</i>	<i>pilX</i>	<i>pilY1</i>	<i>pilY2</i>	<i>pilE</i>	<i>fimX, pilQ</i>	<i>pilP</i>	<i>pilONM, crc</i>
	Cepa																					
Antes de la pandemia	PS2098																					
	PS20490																					
	PS20215																					
	PS20503																					
	PS201267																					
	PS201139																					
	PS20412																					
Durante la pandemia	PS21575																					
	PS21632																					
	PS21832																					
	PS21222																					
	PS21634																					
	PS21804																					
	PS21817																					

■ = Gen presente sin cambios (% identidad > 90% y cobertura > 95%), ▨ = posible homólogo (50 < % identidad < 90 y/o 30% < cobertura < 95%), y □ = ausencia del gen (% Identidad y/o cobertura < 30%). Se muestran subrayadas las cepas con fenotipo hiper móvil.

Tabla 15. Genes involucrados en la producción del flagelo en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen(es)	<i>flgBCDEF, flgH, fliEFG, fliJKLMNOP, flhBAF, fleN, fliA, cheYZ, motC, PA1464,3348-3349, flgAM, motBA</i>	<i>flgG, flgI, fleS, fliI</i>	<i>flgJ</i>	<i>flgK</i>	<i>flgL</i>	<i>fliC</i>	<i>fleI, fliS</i>	<i>fliD, fleP</i>	<i>fleQ</i>	<i>fleR</i>	<i>fliH</i>	<i>fliQR</i>	<i>PA1458</i>	<i>PA1459</i>	<i>motD</i>	<i>flgN</i>	<i>motY</i>	
	Cepa																		
Antes de la pandemia	PS20125																		
	PS20503																		
	PS201139																		
	PS20490																		
	PS20412																		
	PS2098																		
	PS201267																		
Durante la pandemia	PS21575																		
	PS21634																		
	PS21832																		
	PS21632																		
	PS21222																		
	PS21804																		
	PS21817																		

■ = Gen presente sin cambios (% identidad > 90% y cobertura > 95%), ▨ = posible homólogo (50 < % identidad < 90 y/o 30% < cobertura < 95%), y □ = ausencia del gen (% Identidad y/o cobertura < 30%). Se muestran subrayadas las cepas con fenotipo hiper móvil.

7.8.3. Resistoma de *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

En el resistoma de *A. baumannii* se detectaron un total de 55 genes de resistencia a antibióticos entre todas las cepas, los cuales están asociados con resistencia a diversas clases de antibióticos, de las que destacan: aminoglucósidos, β -lactámicos (carbapenémicos y no-carbapenémicos), antisépticos y desinfectantes, fluoroquinolonas, macrólidos, tetraciclinas, péptidos, fenicoles, sulfonamidas y ácidos fosfónicos (fosfomicina).

Se detectaron 11 genes de resistencia a aminoglucósidos entre todas las cepas. Se establecieron 5 perfiles genéticos (PG), de los cuales 3 (PG1-PG3) fueron observados en ambos periodos y 2 (PG4 y PG5) fueron perfiles únicos de cada periodo. En ambos periodos, PG1 fue el perfil genético más frecuente (4/8 y 5/8 antes y durante la pandemia, respectivamente) y en todos los casos resultó en un fenotipo resistente a gentamicina. PG2 y PG3 tuvieron resultados mixtos, presentando fenotipos tanto intermedio como resistente. Los dos perfiles únicos de periodo, PG4 de antes y PG5 durante la pandemia, resultaron en un fenotipo intermedio y resistente, respectivamente. (Tablas 16 y 17)

Tabla 16. Genes de resistencia a aminoglucósidos en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen Cepa	<i>aph(3')-VIa</i>	<i>aph(3')-Ia</i>	<i>aph(3'')-Ib</i>	<i>aph(6)-Id</i>	<i>ant(2'')-Ia</i>	<i>aac(6)-Ib9</i>	<i>ant(3'')-IIc</i>	<i>armA</i>	<i>aadA1</i>	<i>aadA5</i>	<i>aac(6')-Ian</i>	CMI ($\mu\text{g/mL}$) a gentamicina [Interpretación]	PG
Antes de pandemia	A20511												≥ 16 [R]	1
	A20912												≥ 16 [R]	
	A201742												≥ 16 [R]	
	A201884												≥ 16 [R]	
	A201836												8 [I]	2
	A202386												≥ 16 [R]	
	A20997												8 [I]	3
	A201863												8 [I]	4
Durante la pandemia	A21273												≥ 16 [R]	1
	A21329												≥ 16 [R]	
	A21621												≥ 16 [R]	
	A21668												≥ 16 [R]	
	A21671												≥ 16 [R]	
	A21841												8 [I]	2
	A21315												≥ 16 [R]	3
	A2112												≥ 16 [R]	5

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. CMI: Concentración Mínima Inhibitoria, R: Resistente, I: Intermedio, PG: Perfil genético. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

Tabla 17. Perfiles genéticos de resistencia a aminoglucósidos detectados en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

PG	Periodo en el que se detectó	Genes	Fenotipo de resistencia asociado
1	Ambos	<i>aph(3')-Ia, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, aac(6')-Ib9, ant(3'')-IIc, armA, aadA1</i>	Resistente
2		<i>aph(3')-VIa, ant(2'')-Ia, ant(3'')-IIc, aadA5</i>	Mixto
3		<i>aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, ant(3'')-IIc, aac(6')-Ian</i>	
4	Antes	<i>aph(3')-VIa, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, ant(3'')-IIc, aac(6')-Ian</i>	Intermedio
5	Durante	<i>aph(3')-VIa, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, ant(3'')-IIc</i>	Resistente

PG: Perfil genético.

En todas las cepas de *A. baumannii* se detectaron genes codificadores de múltiples clases de β -lactamasas. En β -lactamasas de clase A, solamente 2 subtipos de *bla*_{TEM-1} fueron identificados, tanto antes como durante la pandemia (Tabla 18).

Tabla 18. Genes codificadores de β -lactamasas de clase A en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen Cepa	<i>bla</i> _{TEM-1B}	<i>bla</i> _{TEM-1D}
	Antes de la pandemia	A20912	
A201742			
A201884			
A201836			
A202386			
A20511			
A20997			
A201863			
Durante la pandemia	A21273		
	A21621		
	A21668		
	A21671		
	A21841		
	A2112		
	A21315		
	A21329		

■ = Gen presente; □ = Gen ausente.

Se identificaron 6 diferentes variantes del gen codificador de la cefalosporinasa intrínseca ADC, de las cuales 4 (ADC-5, ADC-73, ADC-30 y ADC-214) fueron detectadas en ambos periodos. ADC-25 y ADC-198 fueron detectadas exclusivamente en el periodo antes y durante la pandemia, respectivamente (Tabla 19).

Tabla 19. Genes codificadores de β -lactamasas de clase C (cefalosporinasa intrínseca ADC) en *A. baumannii* antes y durante la pandemia

Periodo	Gen	<i>bla</i> _{ADC-5}	<i>bla</i> _{ADC-25}	<i>bla</i> _{ADC-73}	<i>bla</i> _{ADC-198}	<i>bla</i> _{ADC-30}	<i>bla</i> _{ADC-214}
	Cepa						
Antes de la pandemia	A20511						
	A201742						
	A20912						
	A201884						
	A20997						
	A201863						
	A202386						
	A201836						
Durante la pandemia	A2112						
	A21329						
	A21273						
	A21621						
	A21315						
	A21841						
	A21668						
	A21671						

■ = Gen presente; □ = Gen ausente.

Respecto a β -lactamasas de clase D, se detectaron en total 7 diferentes genes *bla*_{OXA} entre todas las cepas. En todas las cepas se detectó un gen de la familia *bla*_{OXA-51-like} que codifica una oxacilinasas intrínseca de *A. baumannii*, los cuales fueron *bla*_{OXA-66} (4/8 antes y 6/8 durante la pandemia) y *bla*_{OXA-65} (4/8 y 2/8). El gen *bla*_{OXA} adquirido más frecuentemente detectado fue *bla*_{OXA-72}, perteneciente a la familia *bla*_{OXA-24/40-like} (6/8 en ambos periodos), seguido de los genes de la familia *bla*_{OXA-23-like}, *bla*_{OXA-239} y *bla*_{OXA-398}, con una frecuencia de 2/8 antes y durante la pandemia, respectivamente. Se detectaron también genes de las familias *bla*_{OXA-2} y *bla*_{OXA-235-like} (*bla*_{OXA-237}) en menor frecuencia (2/8 antes y 1/8 durante la pandemia, y 2/8 antes de la pandemia, respectivamente) (Tabla 20).

Tabla 20. Genes codificadores de β -lactamasas de clase D en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen	<i>bla</i> _{OXA-72}	<i>bla</i> _{OXA-2}	<i>bla</i> _{OXA-65}	<i>bla</i> _{OXA-66}	<i>bla</i> _{OXA-398}	<i>bla</i> _{OXA-239}	<i>bla</i> _{OXA-237}	PG
	Cepa								
Antes de pandemia	A201836	■	■	■					1
	A202386	■	■	■					
	A20511	■			■				2
	A201742	■			■				
	A201863	■		■			■		3
	A201884	■			■			■	4
	A20997			■			■		5
	A20912				■			■	6
Durante la pandemia	A21841	■	■	■					1
	A2112	■			■				
	A21329	■			■				2
	A21668	■			■				
	A21671	■			■				7
	A21315	■		■					
	A21273				■	■			8
	A21621				■	■			

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. PG: Perfil genético. Todas las cepas de *A. baumannii* tuvieron una CMI a imipenem, meropenem y doripenem ≥ 8 $\mu\text{g/mL}$ (resistente). Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

Se establecieron 8 diferentes perfiles genéticos de genes codificadores de β -lactamasas de clase D, de los cuales PG1 y PG2 se observaron en ambos periodos, PG3-PG6 antes de la pandemia y PG7 y PG8 durante la pandemia. Todos los perfiles fueron asociados con resistencia a carbapenémicos, y contenían por lo menos el gen intrínseco de la familia *bla*_{OXA-51-like} y un gen de la familia *bla*_{OXA-24/40-like} y/o *bla*_{OXA-23-like} (Tabla 21).

Tabla 21. Perfiles genéticos de resistencia a carbapenémicos mediante oxacilinasas detectados en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

PG	Periodo en el que se detectó	Genes	Familias de oxacilinasas
1	Ambos	<i>bla</i> _{OXA-72} , <i>bla</i> _{OXA-2} , <i>bla</i> _{OXA-65}	OXA-24/40, OXA-2, OXA-51
2		<i>bla</i> _{OXA-72} , <i>bla</i> _{OXA-66}	OXA-24/40, OXA-51
3	Antes	<i>bla</i> _{OXA-72} , <i>bla</i> _{OXA-239} , <i>bla</i> _{OXA-65}	OXA-24/40, OXA-23, OXA-51
4		<i>bla</i> _{OXA-72} , <i>bla</i> _{OXA-66} , <i>bla</i> _{OXA-237}	OXA-24/40, OXA-235, OXA-51
5		<i>bla</i> _{OXA-239} , <i>bla</i> _{OXA-65}	OXA-23, OXA-51
6		<i>bla</i> _{OXA-237} , <i>bla</i> _{OXA-66}	OXA-235, OXA-51
7	Durante	<i>bla</i> _{OXA-72} , <i>bla</i> _{OXA-65}	OXA-24/40, OXA-51
8		<i>bla</i> _{OXA-398} , <i>bla</i> _{OXA-66}	OXA-23, OXA-51

PG: Perfil genético.

Se detectaron 9 genes asociados con resistencia a fluoroquinolonas, tetraciclinas y antisépticos o desinfectantes por medio de mutaciones puntuales y bombas de eflujo de diferentes familias. Se obtuvieron frecuencias similares entre los dos periodos de estudio para la presencia de mutaciones puntuales en *parC* y *gyrA* (8/8 antes y 6/8 durante la pandemia). Respecto a los 4 genes de la bomba de eflujo AdeFGH, se detectaron dos diferentes perfiles genéticos con frecuencias similares en ambos periodos: *adeFGHL*⁺ (4/8 antes y 5/8 durante la pandemia) y *adeF*⁺/*adeGHL*⁻ (4/8 antes y 3/8 durante) (Tabla 22).

Tabla 22. Genes de resistencia a fluoroquinolonas, tetraciclinas y desinfectantes en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Cepa	Clase de antibiótico	Fluoroquinolonas, desinfectantes y tetraciclinas				Fluoroquinolonas y tetraciclinas			
		Mecanismo de resistencia	Mutación puntual		MFS	MATE	Bomba de eflujo AdeFGH			
	Gen	<i>parC</i>	<i>gyrA</i>	<i>abaQ</i>	<i>qacE delta1</i>	<i>abeM</i>	<i>adeF</i>	<i>adeG</i>	<i>adeH</i>	<i>adeL</i>
Antes de pandemia	A20511									
	A20912									
	A201742									
	A201884									
	A201836									
	A202386									
	A20997									
	A201863									
Durante la pandemia	A21273									
	A21329									
	A21621									
	A21668									
	A21671									
	A21841									
	A21315									
	A2112									

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Todas las cepas de *A. baumannii* tuvieron una CMI a ciprofloxacino ≥ 4 $\mu\text{g}/\text{mL}$ (resistente). Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos. Los genes subrayados representan mutaciones puntuales asociadas a resistencia a antibióticos en genes endógenos de la especie.

Entre todas las cepas se identificaron 8 genes asociados con resistencia a macrólidos y otras clases de antibióticos por medio de diferentes mecanismos. Dos de estos genes, *mphE* y *msrE*, que confieren resistencia únicamente a macrólidos, fueron detectados en frecuencias distintas

entre ambos periodos (2/8 antes y 4/8 durante la pandemia). La frecuencia de detección de los 6 genes restantes se mantuvo similar entre ambos periodos (Tabla 23).

Tabla 23. Genes de resistencia a macrólidos y múltiples clases de antibióticos en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

	Clase de antibiótico	Solo macrólidos		Novo-biocina	Desinfec-tantes	Fluoroquinolonas, β -lactámicos, tetraciclinas, trimetoprim, fenicoles.			
	Mecanismo de resistencia	Modificación enzimática		SMR	MFS	Bomba de eflujo AdeIJK			
Periodo	Gen Cepa	<i>mphE</i>	<i>msrE</i>	<i>abeS</i>	<u><i>amvA</i></u>	<i>adeI</i>	<i>adeJ</i>	<i>adeK</i>	<i>adeN</i>
Antes de pandemia	A20511								
	A20997								
	A201742								
	A201836								
	A201863								
	A202386								
	A20912								
	A201884								
Durante la pandemia	A21329								
	A21841								
	A21273								
	A21621								
	A21668								
	A21671								
	A2112								
	A21315								

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos. Los genes subrayados representan mutaciones puntuales asociadas a resistencia a antibióticos en genes endógenos de la especie.

Se detectaron 5 genes asociados con resistencia a otras clases de antibióticos. Destacan de estos resultados la presencia de una mutación puntual en el gen *abaF* que confiere resistencia a ácidos fosfónicos (principalmente fosfomicina) en la mayoría de las cepas (8/8 antes y 6/8 durante la pandemia) y la presencia de por lo menos un gen de resistencia a sulfonamidas en todas las cepas, siendo *sul1* el más frecuente de ambos periodos (6/8 antes y durante la pandemia, comparado con 4/8 y 3/8 de *sul2*). También, la cepa A2112 presentó un fenotipo de resistencia a colistina, pero no se detectó un gen de resistencia a polimixinas además de *lpsB*, el cual confiere resistencia intrínseca (Tabla 24).

Tabla 24. Genes de resistencia a otras clases de antibióticos en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Clase de antibiótico Gen Cepa	Fosfomicina	Fenicoles	Sulfonamidas		Polimixinas	CMI (µg/mL) a colistina [Interpretación]
		<u>abaF</u>	<u>catB8</u>	<u>sul1</u>	<u>sul2</u>	<u>lpsB</u>	
Antes de pandemia	A20511	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A20912	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A201742	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A201884	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A201836	■	□	■	■	■	≤2 [I]
	A202386	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A20997	■	□	■	■	■	≤2 [I]
	A201863	■	■	■	■	■	≤2 [I]
Durante la pandemia	A21273	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A21329	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A21621	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A21668	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A21671	■	■	■	■	■	≤2 [I]
	A21841	■	□	■	■	■	≤2 [I]
	A2112	□	□	□	□	■	≥4 [R]
A21315	■	■	■	■	■	≤2 [I]	

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos. Los genes subrayados representan mutaciones puntuales asociadas a resistencia a antibióticos en genes endógenos de la especie.

7.8.4. Resistoma de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

En el resistoma de *P. aeruginosa* se detectaron un total de 92 genes de resistencia a antibióticos entre todas las cepas, asociados con resistencia a diversas clases de antibióticos, de las que destacan: aminoglucósidos, β-lactámicos (carbapenémicos y no carbapenémicos), antisépticos, desinfectantes, fluoroquinolonas, macrólidos, tetraciclinas, péptidos (incluyendo polimixinas), fenicoles, sulfonamidas, ácidos fosfónicos y biciclomicinas.

Se detectaron en total 9 genes de resistencia a aminoglucósidos entre todas las cepas, con los que se establecieron 5 perfiles genéticos, de los cuales PG1 y PG2 fueron observados en ambos periodos, siendo PG1 el perfil genético más frecuente tanto antes (4/7) como durante la pandemia (5/8) y resultando, en todos los casos, en un fenotipo de susceptibilidad a ambos aminoglucósidos evaluados. PG2, presente en 1/7 cepa de cada periodo, resultó en un

fenotipo mixto de resistencia, mientras los perfiles genéticos restantes resultaron en un fenotipo resistente. (Tablas 25 y 26).

Tabla 25. Genes de resistencia a aminoglucósidos en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen Cepa	<i>aph(3')-IIb</i>	<i>emrE</i>	<i>aac(6')-33</i>	<i>aadA</i>	<i>aac(6')-Ib9</i>	<i>aph(3'')-Ib</i>	<i>aph(6)-Id</i>	<i>aph(3')-IIa</i>	<i>aac(6')-Ib8</i>	CMI (µg/mL) a amikacina [Interpretación]	CMI (µg/mL) de gentamicina [Interpretación]	PG
Antes de pandemia	PS2098	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	1
	PS20412	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS20490	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS201267	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS201139	□	■								≤16 [S]	≤4 [S]	2
	PS20215	■	■		■						≥64 [R]	≥16 [R]	3
	PS20503	■	■		■			■			≥64 [R]	≥16 [R]	4
Durante la pandemia	PS21575	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	1
	PS21632	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS21634	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS21804	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS21817	■	■								≤16 [S]	≤4 [S]	
	PS21222	□	■								≥64 [R]	8 [I]	2
	PS21832	■	■		■				■		≥64 [R]	≥16 [R]	5

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. CMI: Concentración Mínima Inhibitoria, R: Resistente, I: Intermedio, S: Susceptible, PG: Perfil genético. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

Tabla 26. Perfiles genéticos de resistencia a aminoglucósidos detectados en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

PG	Periodo en el que se detectó	Genes	Fenotipo de resistencia asociado
1	Ambos	<i>aph(3')-IIb, emrE</i>	Susceptible
2		<i>emrE</i>	Mixto
3	Antes	<i>aac(6')-33, aadA, aph(3')-IIb, emrE</i>	Resistente
4		<i>aac(6')-33, aac(6')-Ib9, aadA, aph(3')-IIb, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, emrE,</i>	
5		<i>aph(3')-IIb, emrE, aadA, aph(3')-IIa, aac(6')-Ib8</i>	

PG: Perfil genético

Solo se detectaron genes codificadores de β-lactamasas de clase A (*bla_{GES}*) y de clase B (*bla_{IMP-75}* y *bla_{VIM-2}*) en 2 cepas del periodo antes de la pandemia y 2 cepas del periodo durante, respectivamente. A pesar de la baja frecuencia de detección de β-lactamasas, todas las cepas fueron resistentes a por lo menos un carbapenémico (Tabla 27).

Tabla 27. Genes codificadores de β -lactamasas de clase A y clase B en *P. aeruginosa*, antes y durante la pandemia.

Periodo	Gen Cepa	<i>bla</i> _{VIM-2}	<i>bla</i> _{IMP-75}	<i>bla</i> _{GES-20}	<i>bla</i> _{GES-19}	CMI (μ g/mL) a	CMI (μ g/mL)	CMI (μ g/mL)
						imipenem [Interpretación]	de doripenem [Interpretación]	de meropenem [Interpretación]
Antes de pandemia	PS20215					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS20503					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS2098					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS20412					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS20490					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS201139					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	4 [I]
	PS201267					≥ 8 [R]	≤ 2 [S]	≥ 8 [R]
Durante la pandemia	PS21222					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS21832					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS21575					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS21632					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS21634					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS21817					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]
	PS21804					≥ 8 [R]	≥ 8 [R]	≥ 8 [R]

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. CMI: Concentración Mínima Inhibitoria, R: Resistente, I: Intermedio, S: Susceptible, PG: Perfil genético. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

En ambos periodos de estudio se encontró que, en general, todas las cepas de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia mantienen la mayoría de los genes correspondientes a la gran variedad de bombas de eflujo con las que cuenta esta especie, principalmente en los de bombas de eflujo con la proteína OprM como componente de membrana externa, pertenecientes a la familia RND de bombas de eflujo y asociadas como el principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos en *P. aeruginosa* (Tabla 28).

Este hallazgo también se presentó en el análisis de genes asociados con otras bombas de eflujo de la familia RND que no utilizan OprM como proteína de membrana externa, los cuales se mantuvieron íntegros con por lo menos 1 gen de cada bomba de eflujo (Tabla 29), así como en el caso de los genes relacionados con bombas de eflujo de familias diferentes a RND y sus sistemas regulatorios, los cuales estuvieron presentes en la mayoría de los genomas de ambos periodos, con la excepción de *qacEdelta1*, presente solamente en 2/8 cepas tanto antes como durante la pandemia (Tabla 30)

Tabla 28. Genes de resistencia: bombas de eflujo de la familia RND con la proteína de membrana OprM en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Sistema	MexXY-OprM				MexAB-OprM							MexVW-OprM		MexJK-OprM/OpmH				MexMN-OprM		
	Gen Cepa	<i>oprM</i>	<i>mexX</i>	<i>mexY</i>	<i>mexZ</i>	Gen Cepa	<i>mexA</i>	<i>mexB</i>	<i>mexR</i>	<i>armR</i>	<i>cpxR</i>	<i>nalC</i>	<i>nalD</i>	<i>mexV</i>	<i>mexW</i>	Gen Cepa	<i>mexJ</i>	<i>mexK</i>	<i>mexL</i>	<i>mexM</i>	<i>mexN</i>
Antes de pandemia	PS2098					PS2098										PS2098					
	PS20215					PS20215										PS20215					
	PS20412					PS20412										PS20412					
	PS20490					PS20503										PS201267					
	PS20503					PS201267										PS20490					
	PS201267					PS20490										PS20503					
	PS201139					PS201139										PS201139					
Durante la pandemia	PS21575					PS21632										PS21575					
	PS21632					PS21817										PS21634					
	PS21634					PS21832										PS21804					
	PS21804					PS21222										PS21817					
	PS21817					PS21575										PS21832					
	PS21832					PS21634										PS21222					
	PS21222					PS21804										PS21632					

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

Tabla 29. Genes de resistencia: bombas de eflujo RND con otras proteínas de membrana en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Sistema	TriABC-OpmH				MexEF-OprN						MexGHI-OpmD					MexPQ-OpmE			MexCD-OprJ				MuxABC-OpmB									
	Gen Cepa	<i>opmH</i>	<i>triA</i>	<i>triB</i>	<i>triC</i>	Gen Cepa	<i>oprN</i>	<i>mexE</i>	<i>mexF</i>	<i>mexS</i>	<i>mexT</i>	<i>rsmA</i>	Gen Cepa	<i>mexG</i>	<i>mexH</i>	<i>mexI</i>	<i>opmD</i>	<i>soxR</i>	Gen Cepa	<i>mexP</i>	<i>mexQ</i>	<i>opmE</i>	Gen Cepa	<i>mexC</i>	<i>mexD</i>	<i>oprJ</i>	Type A nfxB	Gen Cepa	<i>muxA</i>	<i>muxB</i>	<i>muxC</i>	<i>opmB</i>	
Antes de pandemia	PS20215					PS2098							PS20412						PS20215					PS2098					PS2098				
	PS20412					PS20412							PS20215						PS20412					PS20215					PS20412				
	PS20490					PS201267							PS2098						PS20490					PS20412					PS201267				
	PS20503					PS20215							PS201267						PS201267					PS201267					PS20215				
	PS201267					PS20490							PS20490						PS2098					PS20503					PS201139				
	PS2098					PS201139							PS20503						PS20503					PS20490					PS20490				
	PS201139					PS20503							PS201139						PS201139					PS201139					PS20503				
Durante la pandemia	PS21222					PS21575							PS21575						PS21575					PS21575					PS21222				
	PS21575					PS21634							PS21634						PS21632					PS21632					PS21575				
	PS21632					PS21804							PS21804						PS21634					PS21634					PS21632				
	PS21634					PS21817							PS21817						PS21804					PS21804					PS21634				
	PS21804					PS21832							PS21832						PS21817					PS21817					PS21804				
	PS21817					PS21632							PS21222						PS21832					PS21832					PS21817				
	PS21832					PS21222							PS21632						PS21222					PS21222					PS21832				

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

Tabla 30. Genes de resistencia: otras familias de bombas de eflujo en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Tipo de bomba	AcrAB-TolC	Sistema regulatorio		MATE	MFS	
	Gen Cepa	<i>yajC</i>	<i>parR</i>	<i>parS</i>	<i>pmpM</i>	Gen Cepa	<i>qacEdelta1</i>
Antes de pandemia	PS2098					PS20215	
	PS20215					PS20503	
	PS20412					PS2098	
	PS20490					PS20412	
	PS201267					PS20490	
	PS20503					PS201139	
	PS201139					PS201267	
Durante la pandemia	PS21222					PS21222	
	PS21575					PS21832	
	PS21632					PS21575	
	PS21634					PS21632	
	PS21804					PS21634	
	PS21817					PS21804	
	PS21832					PS21817	

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Las cepas están ordenadas por perfil genético, iniciando por los perfiles observados en ambos periodos y después por los perfiles únicos.

Entre los genes detectados asociados con resistencia a otras clases de antibióticos, destaca la presencia de los genes *fosA*, de resistencia a fosfomicina, y *bcr-1*, de resistencia a biclomicinas, en la mayoría de las cepas de ambos periodos. También se detectaron 4 genes de resistencia intrínseca a polimixinas, los cuales no resultaron en un fenotipo de resistencia a esa clase de antibiótico. Por último, se detectó la mutación puntual *gyrA*, asociada con resistencia a aminoglucósidos, en 5 cepas de *P. aeruginosa*, las cuales fueron las únicas cepas con fenotipo resistente a ciprofloxacino (Tabla 31).

Tabla 31. Genes de resistencia a otras clases de antibióticos en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Clase de antibiótico	Fenicoles	Ácidos fosfónicos	Biciclomycinas	Macrólidos y polimixinas	Polimixinas				Sulfonamidas	Fluoroquinolonas	
	Gen Cepa	<i>catB7</i>	<i>fosA</i>	<i>bcr-1</i>	<i>arnA</i>	<i>basR</i>	<i>basS</i>	<i>cprR</i>	<i>cprS</i>	Gen Cepa	<i>sulI</i>	<i>gyrA</i>
Antes de pandemia	PS2098									PS20215		
	PS20412									PS20503		
	PS20490									PS2098		
	PS20503									PS20412		
	PS201267									PS20490		
	PS20215									PS201139		
	PS201139									PS201267		

Periodo	Clase de antibiótico	Fenicoles	Ácidos fosfónicos	Biciclo-micinas	Macrólidos y polimixinas	Polimixinas				Sulfonamidas	Fluoroqui-nolonas	
	Gen Cepa	<u>catB7</u>	<u>fosA</u>	<u>bcr-1</u>	<u>arnA</u>	<u>basR</u>	<u>basS</u>	<u>cprR</u>	<u>cprS</u>	Gen Cepa	<u>sulI</u>	<u>gyrA</u>
Durante la pandemia	PS21575									PS21222		
	PS21634									PS21832		
	PS21804									PS21817		
	PS21817									PS21575		
	PS21832									PS21632		
	PS21632									PS21634		
	PS21222									PS21804		

■ = Gen presente; □ = Gen ausente. Los genes subrayados representan mutaciones puntuales asociadas a resistencia a antibióticos en genes endógenos de la especie. Todas las cepas de *P. aeruginosa* tuvieron una CMI a colistina ≤ 2 $\mu\text{g}/\text{mL}$ (intermedio).

7.8.5. Análisis de plásmidos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

En *A. baumannii* se detectó por lo menos un plásmido en todas las cepas del periodo antes de la pandemia, y en 6/8 cepas del periodo durante la pandemia. La mayoría de los plásmidos detectados fue acarreador de un gen *bla_{OXA}* y tuvo un %Similitud superior al 80% con el ensamble de plásmido en el que se encontró. Aquellos plásmidos detectados con un %Similitud inferior al 80% fueron analizados detalladamente para verificar que los genes reportados como parte del plásmido estuvieran presentes en el mismo orden en el ensamble de plásmidos (Tabla 32).

Tabla 32. Plásmidos detectados en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Periodo	Cepa	Plásmido de mayor similitud	Longitud Referencia (bp)	Longitud Scaffold (bp)	%Similitud	Gen de resistencia
Antes de la pandemia	A20511	pAba10042a, cepa 10042	10062	10012	99.50%	OXA-72
	A20912	pCMCVTab1-Ab59, cepa CMC-CR-MDR-Ab59	110967	111014	100.03%	Ninguno
		pO237-4, cepa 11A14CRGN003	15199	11932	78.51%	OXA-237
	A20997	plasmid unnamed, cepa AR_0101	16095	16172	100.48%	Ninguno
	A201742	pAba10042a, cepa 10042	10062	5464	54.30%	OXA-72
	A201836	pAba5845a, cepa 5845	9935	10012	100.78%	OXA-72
	A201863	pAba11510b, cepa 11510	15562	15361	98.70%	Ninguno
		unnamed2, cepa 2021CK-01335	9935	10039	101.05%	OXA-72
	A201884	pAbS1_02, cepa S1	111068	111044	99.98%	Ninguno
		unnamed2, cepa 2021CK-01335	9935	10012	100.78%	OXA-72
pO237-4, cepa 11A14CRGN003		15199	9810	64.54%	OXA-237	
A202386	pAba9201a, cepa 9201	9024	8929	98.95%	OXA-72	

Periodo	Cepa	Plásmido de mayor similitud	Longitud Referencia (bp)	Longitud Scaffold (bp)	%Similitud	Gen de resistencia
Durante la pandemia	A2112	pAba10042a. cepa 10042	10062	10012	99.50%	OXA-72
	A21273	p2BJAB07104, cepa BJAB07104	20139	17587	87.32%	APH-3'
	A21315	pAB-ML, cepa ML	12056	10543	80.09%	OXA-72
	A21329	pAba10042a. cepa 10042	10062	10012	99.50%	OXA-72
	A21621	No se detectaron plásmidos	N/A	N/A	N/A	N/A
	A21668	No se detectaron plásmidos	N/A	N/A	N/A	N/A
	A21671	pDA33098-108, cepa DA33098	108151	115795	97.42%	Ninguno
A21841	pAba9201a, cepa 9201	9024	8929	98.95%	OXA-72	

Los plásmidos fueron clasificados en linajes de acuerdo con su estructura y elementos genéticos presentes, siguiendo la logística empleada por Salgado-Camargo et al (119). En ambos periodos, el linaje de plásmidos más frecuentemente detectado fue el linaje 6 (6/8 antes de pandemia, 3/8 durante), correspondiente a plásmidos de 9 a 10 kpb acarreadores de *bla*_{OXA-72}. También se detectó el linaje 2, correspondiente a plásmidos de 15 kbp acarreadores de *bla*_{OXA-237}, exclusivamente en cepas antes de la pandemia. Aquellos plásmidos que no pertenecieran a los linajes establecidos en estudios previos se clasificaron como plásmidos huérfanos, de los cuales solamente se detectaron dos de estos como acarreadores de un gen de resistencia en el periodo durante la pandemia (Tabla 33).

Tabla 33. Linajes de plásmidos detectados en *A. baumannii* antes y durante la pandemia.

Linaje	Plásmidos	Tamaño (kbp)	Gen de resistencia	Frecuencia Antes	Frecuencia Durante
6	pAba10042a, pAba5845a, pAba9201a, 2021CK-01335 unnamed2	9-10	<i>bla</i> _{OXA-72}	6/8	3/8
2	pO237-4	15	<i>bla</i> _{OXA-237}	2/8	0/8
3	pCMCVTab1-Ab59 pAbS1_02	> 110	Ninguno	2/8	2/8
Plásmidos huérfanos	AR_0101 unnamed pAba11510b	15-16	Ninguno	2/8	0/8
	p2BJAB07104	20	APH-3'	0/8	1/8
	pAB-ML	12	<i>bla</i> _{OXA-72}	0/8	1/8
	pDA33098-108	108	Ninguno	0/8	1/8

En *P. aeruginosa*, solamente se detectaron potenciales plásmidos en 5 cepas: 1 antes de pandemia y 4 durante la pandemia. Sin embargo, ninguno de estos plásmidos fue acarreador de genes de resistencia (Tabla 34).

Tabla 34. Plásmidos detectados en *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia.

Periodo	Cepa	Plásmido de mayor similitud	Longitud Referencia (bp)	Longitud Scaffold (bp)	%Similitud	Gen resistencia
Antes de la pandemia	PS2098 PS20215	No se detectaron plásmidos	N/A	N/A	N/A	N/A
	PS20412	pMS14403A	50130	60043	114.29%	Ninguno
	PS20490 PS20503 PS201139 PS201267	No se detectaron plásmidos	N/A	N/A	N/A	N/A
	PS21222	unnamed s2875	49027	67463	86.16%	Ninguno
Durante la pandemia	PS21575 PS21632 PS21634	No se detectaron plásmidos	N/A	N/A	N/A	N/A
	PS21804	pY89	85842	83662	76.15%	Ninguno
	PS21817	pPALO12	35922	22009	60.96%	Ninguno

8. DISCUSIÓN

La resistencia antimicrobiana se ha posicionado como uno de los problemas más preocupantes a nivel mundial en temas de salud pública. Desde el siglo pasado, se ha observado una rápida evolución en el comportamiento de una gran cantidad de especies bacterianas durante el tratamiento de enfermedades infecciosas, las cuales han demostrado tener una alta capacidad de adaptación, supervivencia, y desarrollo de resistencia a múltiples clases de antibióticos, como es el caso de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*. A pesar de que el incremento en los niveles de resistencia antimicrobiana parece ser un cambio evolutivo natural con el pasar del tiempo, es posible que la evolución de este fenómeno se vea afectada durante algún periodo en particular, aunado a factores como el aumento en el uso de antibióticos, en el número de hospitalizaciones, en los diagnósticos de infecciones bacterianas, entre otros. En este estudio, se buscó comparar los genes de resistencia a antibióticos y de factores de virulencia en cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos recolectadas antes y durante la pandemia de COVID-19, así como la expresión fenotípica de estos genes y la distribución clonal de ambas especies, con el fin de comprender el impacto que pudo este periodo de pandemia en la evolución de la resistencia antimicrobiana y virulencia de estas especies de prioridad crítica en salud pública.

Al analizar el perfil de susceptibilidad a antibióticos de las cepas de ambas especies, en *A. baumannii* se obtuvieron CMI₅₀ y CMI₉₀ correspondientes a un fenotipo de resistencia en todas las clases de antibióticos excepto en colistina, donde ambas mediciones correspondieron a un fenotipo intermedio. En *P. aeruginosa*, por otra parte, aunque la CMI₉₀ de todos los antibióticos (excepto colistina) correspondió a un fenotipo resistente, la CMI₅₀ de todos los antibióticos no-carbapenémicos correspondió a fenotipos intermedios o incluso susceptibles. Este comportamiento concuerda con lo observado en múltiples estudios epidemiológicos de los niveles de resistencia de estas especies a lo largo del mundo, en los cuales *A. baumannii* alcanza porcentajes de resistencia a múltiples clases de antibióticos superiores al 80 o incluso 90%, mientras que *P. aeruginosa* alcanza porcentajes máximos entre el 30 y 40%, y valores mínimos que pueden ser incluso inferiores al 10%, además de observarse niveles de resistencia a colistina muy bajos en ambas especies (85,87–90,96).

En ambas especies, la gran mayoría de las cepas fueron productoras moderadas o fuertes de biopelícula tanto antes como durante la pandemia, detectándose únicamente un productor débil en las cepas de *A. baumannii*. Los porcentajes de los diferentes tipos de producción de biopelícula obtenidos en este estudio concuerdan con lo esperado para estas especies, las cuales son consideradas principalmente productoras fuertes y moderadas de biopelícula, las cuales conforman alrededor del 80% de las cepas en diferentes estudios (120,121).

Así como la proporción de diferentes tipos de productores de biopelícula se mantuvo similar antes y durante la pandemia en las dos especies, la producción de biopelícula de ambos periodos fue igual. En *A. baumannii*, en todas las cepas de ambos periodos se detectaron todos los genes analizados, sin cambios con respecto a la referencia, asociados con la producción de biopelícula, con la excepción del gen de la proteína asociada a biopelícula *bap*, el cual se detectó como potencial homólogo en todas las cepas (excepto A2112). Estos resultados concuerdan, en cierto grado, con los antecedentes que se conocen de la secuenciación de *bap*: estudios en los cuales se secuencia este gen han reportado que la secuencia de *bap* suele detectarse como trunca o interrumpida (122). Interesantemente, en todas las cepas de nuestro estudio donde *bap* fue catalogado como potencial homólogo se debió a que el alineamiento tuvo una cobertura menor al punto de corte establecido (%Cob < 95%); en todos los alineamientos se obtuvo una cobertura exactamente del 93 o del 86%, lo cual podría sugerir la presencia de homólogos a *bap* que han perdido una sección en particular o resultan en un porcentaje de identidad fijo respecto al gen de referencia, como los genes de las proteínas similares a Bap (*blp-1* y *blp-2*) (123).

Así mismo, en *P. aeruginosa* se detectaron todos los genes de producción de alginato y quorum sensing analizados en todas las cepas de ambos periodos, con la excepción del gen *algP*, el cual fue detectado como potencial homólogo en aproximadamente la mitad de la población de cada periodo (4/8 antes, 3/8 durante). *algP* juega un rol importante en la producción de alginato al ser uno de los múltiples genes reguladores de *algD*, el gen que codifica la enzima GDP-manosa deshidrogenasa, la cual limita la velocidad de la conversión de GDP-manosa a ácido GDP-manurónico, la cual es la última reacción que ocurre en la síntesis de alginato dentro del citosol, antes de ser transportado a la membrana externa de la bacteria (124). Sin embargo, múltiples estudios han demostrado que la delección de *algP* no

resulta en una disminución estadísticamente significativa tanto de la transcripción del operón de alginato como en la producción del mismo (125,126).

En este estudio, todas las cepas estudiadas de *A. baumannii* fueron consideradas como no-móviles respecto a expresión de motilidad por contracción luego de no obtener un resultado de área de tinción perceptible en el ensayo fenotípico. Es estadísticamente posible que la totalidad de las muestras seleccionadas presenten un fenotipo no-móvil debido a sus características clínicas, ya que se ha evidenciado que los aislamientos provenientes de muestras clínicas respiratorias tienen una alta tendencia a presentar este fenotipo y una proporción considerable de aislamientos provenientes de sangre también puede ser no-móvil (127). A pesar de esto, vale la pena destacar las limitantes del ensayo de motilidad por contracción seleccionado, puesto que a pesar de reportar una concentración de agar del 1% como idónea para la visualización de este tipo de motilidad, se han reportado métodos que utilizan diferentes concentraciones de agar y colorantes de diferente tipo para la tinción y revelado del área de motilidad, cuyos resultados podrían ser más distinguibles o perceptibles que el ensayo de Biswas et al. A nivel genético, por otra parte, dos genes se han asociado con alteraciones en la expresión fenotípica de la motilidad por contracción de *A. baumannii*, los cuales son *pilA* y *algW*. La presencia del primero de los dos se ha visto asociada con un incremento en la motilidad por contracción en comparación con cepas mutantes de este gen. *pilA* fue uno de los genes incluidos en el análisis de viruloma de este estudio, pero este fue detectado en la gran mayoría de las cepas de ambos periodos, sin cambios en su secuencia con respecto a la referencia utilizada. *algW*, por otra parte, es un gen regulador que participa en la producción de alginato en otras especies como *P. aeruginosa*, pero que se ha detectado en ocasiones en el genoma de *A. baumannii* y se ha asociado con un rol en la motilidad por contracción (128). El monitoreo y rastreo de este gen en poblaciones de *A. baumannii* podría permitir la detección de este potencial factor que puede afectar la motilidad por contracción de *A. baumannii*.

La relación existente entre los genes de pilis de tipo IV de *P. aeruginosa* y la expresión fenotípica de la motilidad por contracción se ha estudiado al grado de que se ha logrado una profunda comprensión de esta relación. Sin embargo, debido al enfoque tan específico de la investigación de esta relación, en la actualidad los principales factores asociados con

alteraciones en la motilidad por contracción de *P. aeruginosa* son respecto a modificaciones y cambios en estos genes. En este estudio, no se observó una diferencia estadísticamente significativa en la expresión fenotípica de la motilidad por contracción de *P. aeruginosa* entre cepas antes y durante la pandemia, por lo cual se generó la expectativa de que observar el mismo perfil de genes asociados a la producción de pilis de tipo IV en ambos periodos. La mayoría de los genes analizados no presentó cambios relevantes con respecto a la referencia, con la excepción de *pilA*, *pilB* y *pilC*, en los cuales se observaron dos diferentes combinaciones en cuanto al estado de la secuencia de los mismos: *pilA* como potencial homólogo/*pilBC*⁺ (4/8 antes de pandemia, 0/8 durante), y *pilA*⁻/*pilBC* como potenciales homólogos (4/8 antes, 8/8 durante). *pilA* es uno de los genes de pilis de tipo IV más estudiados, no debido a su rol en la motilidad por contracción, sino por su rol multifuncional en la regulación de otros factores de virulencia mediante la cadena del "surface-sensing" PilA-PilJ-Chp-Vfr, afectando principalmente la producción de biopelícula (39). A pesar de ser menos estudiados, *pilB* y *pilC* también pueden intervenir en esta regulación debido a su cercanía estructural y funcional con *pilA* (129). Por ello, consideramos que el análisis de la igualdad del fenotipo de motilidad por contracción entre ambos periodos no puede basarse en los dos genotipos observados en este estudio.

No se encontró una diferencia estadísticamente significativa en la motilidad por nado entre las cepas de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia. Tras analizar los genes de flagelo de todas las cepas en general, se encontró que la mayoría de estos fueron detectados sin cambios relevantes con respecto a la referencia en todas las cepas de ambos periodos, exceptuando 7 genes, los cuales podían encontrarse en 2 diferentes perfiles genéticos: la detección sin cambios de los 7 genes o *flgKL* y *fliC* como potenciales homólogos y el genotipo *fleIDPS*⁻. Una característica que estos 7 genes comparten entre sí es que están involucrados en la construcción independiente y ordenada de componentes estructurales del flagelo; es decir, que el componente producido con cada gen se construye y sintetiza por separado, pero al mismo tiempo requiere del correcto funcionamiento de los otros genes para poderse llevar a cabo. Por ejemplo, *flgKL* participan en la construcción del filamento en gancho del flagelo, *fliC* es el gen de la flagelina y *fliD* es un gen de proteína de capucha filamentosa, todos fundamentales en la motilidad por nado (130,131). Dicho esto, todas las cepas fueron capaces de exhibir este factor de virulencia independientemente de las posibles alteraciones sufridas

en estos genes; cuatro de ellas incluso presentaron un crecimiento disperso que fue denominado como fenotipo hiper móvil, del cual no se encontró algún reporte previo que mencionara características morfológicas de crecimiento similares a las que se observaron en este estudio. La única posible excepción podría ser la sospecha de una sobreproducción de alginato, al observarse una capa de sustancia cremosa alrededor y encima de este crecimiento extendido similar al fenotipo observado en cepas de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes con fibrosis quística. No obstante, este tipo de cepas suele tener una apariencia mucóide, la cual no fue observada en este estudio (132). Esto, sumado a la otra característica detectada en las 4 cepas hiper móviles que fue una pronunciada pigmentación de amarilla verdosa a verde, asociada a la producción de piocianina, sirve como pauta para sugerir el investigar con mayor profundidad las causas y el comportamiento de este fenotipo específico, así como la potencial relación de sus factores de virulencia con el desarrollo de resistencia antimicrobiana.

La secuencia tipo de *A. baumannii* más frecuentemente detectada tanto antes como durante la pandemia fue la ST2, la cual fue reportada como la ST más frecuente a nivel global en el 2019, al haberse detectado en aproximadamente el 59% de las 3609 cepas secuenciadas a lo largo del mundo hasta ese entonces (133). En México, ya se cuenta con un antecedente de detección de ST2 en el Hospital Central Militar de la Ciudad de México, donde el 100% de 10 cepas de *A. baumannii* recolectadas en 2018 fueron ST2 (134). ST2 se considera como una ST de alto riesgo debido a que está asociada con la familia de β -lactamasa de clase D adquirida, OXA-23-like, cuyo gen se encontró en la mayoría de los genomas ST2 estudiados en 2019. No obstante, los resultados obtenidos en este estudio contrastan esta asociación, ya que en las cepas ST2 de *A. baumannii* de ambos periodos se detectó principalmente el gen *bla*_{OXA-72}, perteneciente a la familia OXA-24/40-like, siendo OXA-23-like la segunda familia más frecuentemente detectada del estudio. Dado que el uso de herramientas de secuenciación en el análisis epidemiológico sigue estando en una etapa relativamente temprana, estos datos pueden servir como antecedente para un estudio de actualización sobre el estado actual de la distribución clonal de *A. baumannii* y confirmar que las asociaciones establecidas entre secuencias tipo y genes de resistencia a antibióticos sean las mismas que en los últimos años.

La segunda ST de alto riesgo detectada en ambos periodos de estudio en *A. baumannii*, ST156, la cual también está asociada a la familia de CHDLs OXA-23-like, ya se ha detectado

con anterioridad en el Hospital Infantil de México “Federico Gómez” en un estudio del 2020, donde fue la ST más frecuente en un 27% de 88 cepas secuenciadas en total (135).

A pesar de no ser referida como ST de alto riesgo, *A. baumannii* ST422 se ha detectado en múltiples ocasiones en cepas portadoras de genes de resistencia a una variedad de antibióticos, como sulfonamidas (136), aminoglucósidos, fenicoles, tetraciclinas (137), e incluso genes codificadores de CHDLs de la familia OXA-23-like (138), como es el caso de una cepa aislada en el 2008, recolectada en México, del Hospital Universitario de Nuevo León “Dr. José Eleuterio González” (139). En este estudio, ST422 fue detectada en proporciones muy similares a las de ST156 tanto en total (ST422 y ST156: 3/16 cada una) como por periodo (ST422: 2/8 antes y 1/8 durante, ST156: 2/8 antes y 1/8 durante). Además, las 3 cepas ST422 presentaron los mismos perfiles genéticos de resistencia a aminoglucósidos (PG2) y de CHDLs (PG1), asociados con fenotipos de susceptibilidad disminuida a la clase de antibióticos correspondiente. Estos resultados junto con los antecedentes mencionados sugieren que podría ser necesario considerar la evaluación de ST422 como una potencial ST de alto riesgo emergente asociada a un perfil específico de resistencia a antibióticos.

Al tipificar las cepas de *P. aeruginosa* mediante MLST, se detectó una secuencia tipo única por cada cepa, siendo ST309 la única excepción al detectarse en dos cepas. Este tipo de distribución poblacional donde no se observa una selección por una clona predominante, es esperado en estudios epidemiológicos de esta especie. A nivel global, *P. aeruginosa* exhibe una estructura poblacional no-clonal, comportamiento el cual se cree que es debido a la alta variabilidad y plasticidad de su genoma núcleo a nivel pangénómico, asociado a procesos constantes de recombinación genética (140).

En *P. aeruginosa*, se detectaron 4 diferentes secuencias tipo consideradas de alto riesgo: ST111, ST244, ST274 y ST309. *P. aeruginosa* ST111 es una de las ST más estudiadas en epidemiología de esta especie a nivel global al estar asociada a la producción de una variedad de β -lactamasas adquiridas, siendo VIM-2 la β -lactamasa más comúnmente producida por cepas ST111, como se observó en un estudio reciente del Hospital Universitario de Larissa, en Grecia, donde 51/120 cepas (42.5%) de *P. aeruginosa* fueron detectadas como ST111, 34 de las cuales fueron portadoras de *bla*_{VIM-2} (141).

Los ST244 y ST274 tienen como característica en común el ser ST de alto riesgo consideradas como endémicas de España, ya que ambas se han detectado principalmente en estudios de ese país ya sea en proporciones pequeñas de una muestra grande o en estudios de pequeños brotes infecciosos. Por ejemplo, ST244 correspondió al 2.6% de 190 cepas (5/190) de un estudio multicéntrico de España en el 2012 (142), mientras que ST274 fue detectada en 4/28 cepas (14.3%) de un estudio realizado en un hospital universitario en Madrid, la capital de España (143). Ambas ST tienen también características particulares que evidencian la diversidad fenotípica que pueden presentar sus cepas: ST244 se ha visto asociada tanto con cepas multidrogresistentes o moderadamente resistentes, que incluso pueden ser productoras de carbapenemasas, como con aislamientos con fenotipo susceptible a diversas clases de antibióticos (144). ST274, por otra parte, se asocia con infecciones respiratorias en pacientes con fibrosis quística y a un fenotipo resistente a múltiples fármacos, pero también se han encontrado cepas con esta ST presentes en microbiota colonizadora del tracto intestinal, en individuos sanos de diversas edades (145).

La última de las 4 STs detectadas, ST304, se ha establecido como una secuencia tipo asociada con cepas productoras de β -lactamasas de espectro extendido de Guyana (GES) con fenotipos resultantes multidrogresistentes/extensivamente resistentes a antibióticos en países de Sudamérica (146), en Estados Unidos (147) y en México; como antecedente de este último, un estudio realizado en 2017 en el Hospital Pediátrico del Centro Médico Nacional Siglo XXI de la Ciudad de México con 60 cepas de *P. aeruginosa* detectó ST304 en 9 cepas (15%), siendo la ST más frecuentemente detectada (148).

De las 4 ST de alto riesgo detectadas, 2 (ST244 y ST309) se encontraron en cepas antes de la pandemia y las otras 2 (ST111 y ST274) en cepas durante la pandemia. Observando los resultados, podemos notar una similitud entre ambos periodos respecto a las frecuencias de diferentes tipos de ST detectados; en ambos periodos se detectó una ST endémica de otro país, potencialmente emergente en otras regiones (antes de pandemia: ST244, durante la pandemia: ST274), junto con una ST epidémica detectada en diferentes continentes (antes de pandemia: ST309, durante la pandemia: ST111) y el resto de las ST no son consideradas de alto riesgo. Dado que el análisis poblacional de *P. aeruginosa* puede verse complicado debido a su carácter no-clonal, el estudio del comportamiento de las proporciones entre diferentes

clasificaciones de secuencias tipo podría permitir entender con mayor profundidad el estado epidemiológico de un hospital o incluso de una región y servir como herramienta en el monitoreo y pronóstico de las infecciones por patógenos de este tipo.

Tanto en *A. baumannii* como en *P. aeruginosa*, en todas las cepas fue posible clasificar los genes de resistencia detectados en perfiles genéticos que permitieran analizar con mayor detalle las similitudes genotípicas de cada una de las cepas. Aunque fue posible establecer perfiles para la mayoría de los genes de resistencia a diferentes clases de antibióticos, nos centramos en analizar aquellos asociados con resistencia a las clases de antibióticos más relevantes en el tratamiento de infecciones por estas bacterias. En los genes de resistencia a aminoglucósidos, el primer detalle que llamó la atención en este estudio fue la concordancia entre el fenotipo resultante de resistencia a aminoglucósidos de cada cepa, la cantidad de genes diferentes de resistencia que poseía y los resultados de CMI₅₀ y CMI₉₀ de ambas especies; en *A. baumannii* se observaron perfiles principalmente asociados a resistencia a aminoglucósidos, como PG1, el cual contaba con 7 diferentes genes que cubrían en total 3 mecanismos diferentes de resistencia. Por otra parte, en *P. aeruginosa* los perfiles genéticos detectados en mayor cantidad estaban asociados con susceptibilidad a gentamicina y amikacina, contando solamente con 2 genes de resistencia. Los únicos perfiles genéticos de *P. aeruginosa* que desencadenaron un fenotipo de resistencia a esta clase de antibióticos fueron aquellos con por lo menos 4 diferentes genes (PG3-PG5) de resistencia.

Los resultados del análisis de genes de resistencia a carbapenémicos tuvieron concordancia con los mecanismos principales de resistencia de cada una de estas especies. En *A. baumannii*, el principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos es mediante la producción de varios tipos de CHDLs, mientras que en *P. aeruginosa* la resistencia a carbapenémicos está asociada principalmente a la sobreproducción de bombas de eflujo, quedando la generación de β -lactamasas en un segundo plano (43,78). En los resultados de este estudio, observamos que todas las cepas de *A. baumannii* presentaron resistencia a los 3 carbapenémicos evaluados, independientemente de la cantidad de genes *bla*_{OXA} detectados. Hay que considerar, sin embargo, que en cada cepa se detectó por lo menos un gen *bla*_{OXA} de una de las dos familias de estas enzimas con capacidad de carbapenemasa: OXA-24-like

y OXA-23-like, por lo que sería conveniente extender el alcance de este proyecto con un análisis con mayor tamaño de muestra y potencialmente mayor diversidad de resultados.

En *P. aeruginosa* también se observó resistencia a los 3 carbapenémicos evaluados en casi la totalidad de las cepas, a pesar de que solamente se detectaron β -lactamasas de clase A y B en 4 de estas cepas, resultado el cual concordó con lo observado en el análisis de MLST; dos de estas cepas fueron portadoras de genes *bla*_{GES} y correspondieron a la ST309, la cual está asociada con la producción de esta familia de β -lactamasas y ha sido detectada tanto en México como en Estados Unidos (147,148). Los otros dos genes codificadores de β -lactamasas detectadas fueron *bla*_{VIM-2} y *bla*_{IMP-75} en dos cepas ST111 y ST2731, respectivamente. Se ha reportado en numerosas ocasiones la producción de VIM-2 por ST111, destacando un estudio del 2022 donde 21/25 cepas con ST111 obtenidas de pacientes de Estados Unidos sometidos a previa cirugía en México fueron productoras de VIM-2 (149). De ST2731, sin embargo, solo se cuenta con un único reporte de detección de esa ST, la cual fue portadora de VIM-2 (150). Así, la resistencia a carbapenémicos de las cepas de *P. aeruginosa* en ambos periodos de estudio fue explicada por la alta integridad general de los genes involucrados en la producción de los componentes de las bombas de eflujo, principalmente los de los sistemas Mex-OprM de la familia RND, la cual se ha visto fuertemente asociada con resistencia a esta clase de antibióticos.

El aumento en el uso de antibióticos durante un periodo de tiempo es uno de los principales factores que pueden llevar al incremento de los niveles de resistencia a antibióticos de una especie, puesto que este aumento del uso general de antibióticos implica un potencial riesgo de que algunos de estos se estén usando de manera inadecuada y descontrolada. Durante la pandemia de COVID-19, debido a la necesidad de diseñar un esquema terapéutico para el tratamiento de una enfermedad emergente, en una gran cantidad de hospitales a lo largo del mundo se experimentó con el re-propósito de diversas sustancias con potencial terapéutico. Una de las sustancias más estudiadas durante este periodo fue el antibiótico azitromicina, perteneciente a la clase de antibióticos macrólidos, a raíz de un estudio donde se sugirió una potencial actividad sinérgica entre este antibiótico y la hidroxiclороquina, otra sustancia de interés de re-propósito durante las primeras etapas de la pandemia (151). Sin embargo, en diferentes países alrededor del globo, se ha evidenciado que durante la pandemia hubo un

aumento en el número de prescripciones de azitromicina y en su consumo tanto en el hospital como en la comunidad, así como el consecuente uso innecesario del antibiótico (152–154). En este estudio, dos genes de resistencia a macrólidos, *msrE* y *mphE*, fueron detectados con diferentes frecuencias en los periodos antes (2/8) y durante la pandemia (4/8). *msrE* y *mphE* son genes de resistencia a macrólidos ampliamente estudiados en *A. baumannii*, pues a pesar de que la especie es intrínsecamente resistente a esta clase de antibióticos, se ha demostrado que *msrE* y *mphE* son elementos genéticos de resistencia acumulables (es decir, que son material genético producido constantemente, sin necesidad de condiciones de presión selectiva, y que se reserva en la célula bacteriana) (155) y que pueden ser transmitidos horizontalmente mediante conjugación por plásmidos (156); en las cepas donde se detectaron estos genes no se detectaron plásmidos acarreadores de los mismos. A pesar de contar con limitantes de poder estadístico debido a un pequeño tamaño de muestra, los resultados de este estudio podrían utilizarse como antecedente para investigar el impacto del uso incrementado de azitromicina durante la pandemia de COVID-19 en el genotipo y el fenotipo de resistencia a macrólidos de especies bacterianas como *A. baumannii*.

La mayoría de las cepas de *A. baumannii* de este estudio fue portadora de por lo menos un plásmido. Tras analizar la estructura y secuencia de los plásmidos detectados siguiendo el sistema de linajes de plásmidos de *A. baumannii*, observamos que el linaje más frecuentemente detectado en ambos periodos fue el linaje 6, cuyos plásmidos se caracterizan por tener un tamaño de 9-10 kpb y ser acarreadores de *bla_{OXA-72}*. El resultado del análisis de plásmidos concuerda con lo obtenido en el análisis de resistoma, ya que todas las cepas en las que se detectó un plásmido de linaje 6 fueron portadoras de *bla_{OXA-72}*. Llama la atención que, previo a este estudio, solamente se ha detectado al linaje 6 de plásmidos en cepas recolectadas en México (119), por lo que existe la oportunidad de analizar con mayor detalle la frecuencia y distribución geográfica de los plásmidos de este linaje para determinar si este pudiera ser un potencial linaje endémico de México.

Por otra parte, no se detectaron plásmidos acarreadores de genes de resistencia en *P. aeruginosa*, sino solamente plásmidos de gran tamaño con secuencias codificantes a factores de virulencia y proteínas hipotéticas. A pesar de que el principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos de esta especie es mediante la sobreproducción de bombas de eflujo, la

detección de los genes *bla*_{GES}, *bla*_{VIM-2} y *bla*_{IMP-75} vuelven necesaria la pregunta de si estos genes codificadores de enzimas degradadoras de antibióticos pueden mantener una localización cromosómica al no haber sido detectadas en un plásmido; esto es posible, pues ya se cuenta con antecedentes en los cuales se reporta la presencia de los genes codificadores de estas familias de β -lactamasas en el cromosoma de *P. aeruginosa* (157–159).

Los resultados obtenidos de todos estos análisis, desde el enfoque fenotípico hasta el enfoque genotípico, nos permiten llegar al entendimiento de que, al menos entre los últimos meses de la época pre-pandemia y el periodo de tiempo alrededor de lo que se consideró la segunda ola de la pandemia, la resistencia a múltiples clases de antibióticos, la expresión fenotípica de factores de virulencia, el viruloma, el resistoma y la distribución clonal de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos es la misma.

9. CONCLUSIONES

- El resistoma de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos antes y durante la pandemia de COVID-19 incluye genes de resistencia a aminoglucósidos, β -lactámicos, fluoroquinolonas y macrólidos, clasificables en perfiles genéticos asociados a diversos fenotipos de resistencia.
- Los perfiles genéticos de resistencia a antibióticos más frecuentes de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos son los mismos antes y durante la pandemia, y existen perfiles genéticos únicos de cada periodo.
- En *A. baumannii* resistente a carbapenémicos, los plásmidos detectados pertenecen principalmente al linaje 6 tanto antes como durante la pandemia. Existe el potencial del surgimiento de plásmidos emergentes acarreadores de genes de resistencia a antibióticos durante la pandemia.
- La distribución clonal de *A. baumannii* antes y durante la pandemia es la misma. La distribución clonal de *P. aeruginosa* antes y durante la pandemia no tiene las mismas secuencias tipo, pero sigue el mismo comportamiento.
- No existen diferencias en la expresión fenotípica de los factores de virulencia (motilidad por contracción, motilidad por nado y biopelícula) entre aislamientos de *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos antes y durante la pandemia.
- Los genes de factores de virulencia analizados (relacionados a producción de biopelícula, pilis de tipo IV y formación de flagelo) así como los cambios en sus secuencias, son los mismos en *A. baumannii* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos antes y durante la pandemia de COVID-19.

10. PERSPECTIVAS

- Indagar y buscar la posibilidad de una reevaluación de la ST422 como una ST de alto riesgo de *A. baumannii*.
- Observar y analizar el comportamiento poblacional de *P. aeruginosa* en una población más grande que permita establecer una relación entre proporciones de diferentes tipos de ST, ya sean epidémicas o endémicas.
- Estudiar el impacto de los factores que pueden afectar la motilidad por contracción de *A. baumannii* para mejorar y estandarizar sus protocolos de expresión fenotípica.
- Secuenciar el gen *bap* de una mayor población de *A. baumannii* con el fin de identificar potenciales variantes y homólogos del gen, así como su impacto en la producción de biopelícula.
- Definir las características del fenotipo hipermóvil de *P. aeruginosa* y su potencial relación con diversos factores de virulencia y resistencia a antibióticos.
- Evaluar el potencial de pronóstico y diagnóstico de los perfiles genéticos de resistencia identificados en ambas especies.
- Comparar la frecuencia de detección de los genes *msrE* y *mphE* en *A. baumannii* en diferentes periodos de tiempo, así como estudiar el impacto del uso inadecuado de macrólidos en el incremento de la producción de estos genes.

11. REFERENCIAS

1. Murray CJ, Ikuta KS, Sharara F, Swetschinski L, Robles Aguilar G, Gray A, et al Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *The Lancet*. 2022 Feb;399(10325):629–55.
2. O’Neill J. Tackling drug-resistant infections globally: Final report and recommendations. London; 2016 May.
3. World Health Organization. World Health Organization. 2017. WHO publishes list of bacteria for which new antibiotics are urgently needed.
4. Wong D, Nielsen TB, Bonomo RA, Pantapalangkoor P, Luna B, Spellberg B. Clinical and Pathophysiological Overview of *Acinetobacter* Infections: a Century of Challenges. *Clin Microbiol Rev*. 2017 Jan;30(1):409–47.
5. Lee CR, Lee JH, Park M, Park KS, Bae IK, Kim YB, et al Biology of *Acinetobacter baumannii*: Pathogenesis, Antibiotic Resistance Mechanisms, and Prospective Treatment Options. *Front Cell Infect Microbiol*. 2017 Mar 13;7.
6. Alhazmi A. *Pseudomonas aeruginosa* – Pathogenesis and Pathogenic Mechanisms. *Int J Biol*. 2015 Feb 4;7(2).
7. Harmsen M, Yang L, Pamp SJ, Tolker-Nielsen T. An update on *Pseudomonas aeruginosa* biofilm formation, tolerance, and dispersal. *FEMS Immunol Med Microbiol*. 2010 Aug;59(3):253–68.
8. Longo F, Vuotto C, Donelli G. Biofilm formation in *Acinetobacter baumannii*. *New Microbiol*. 2014 Apr;37(2):119–27.
9. Mea HJ, Yong PVC, Wong EH. An overview of *Acinetobacter baumannii* pathogenesis: Motility, adherence and biofilm formation. *Microbiol Res*. 2021 Jun;247:126722.
10. Weber BS, Kinsella RL, Harding CM, Feldman MF. The Secrets of *Acinetobacter* Secretion. *Trends Microbiol*. 2017 Jul;25(7):532–45.
11. Filloux A, Michel G, Bally M. GSP-dependent protein secretion in Gram-negative bacteria: the Xcp system of *Pseudomonas aeruginosa*. *FEMS Microbiol Rev*. 1998 Sep;22(3):177–98.
12. Pier G. *Pseudomonas aeruginosa* lipopolysaccharide: A major virulence factor, initiator of inflammation and target for effective immunity. *International Journal of Medical Microbiology*. 2007 Sep 10;297(5):277–95.

13. Erridge C, Moncayo-Nieto OL, Morgan R, Young M, Poxton IR. *Acinetobacter baumannii* lipopolysaccharides are potent stimulators of human monocyte activation via Toll-like receptor 4 signalling. *J Med Microbiol.* 2007 Feb 1;56(2):165–71.
14. Clemmer KM, Bonomo RA, Rather PN. Genetic analysis of surface motility in *Acinetobacter baumannii*. *Microbiology (N Y).* 2011 Sep 1;157(9):2534–44.
15. Burrows LL. *Pseudomonas aeruginosa* Twitching Motility: Type IV Pili in Action. *Annu Rev Microbiol.* 2012 Oct 13;66(1):493–520.
16. Barken KB, Pamp SJ, Yang L, Gjermansen M, Bertrand JJ, Klausen M, et al Roles of type IV pili, flagellum-mediated motility and extracellular DNA in the formation of mature multicellular structures in *Pseudomonas aeruginosa* biofilms. *Environ Microbiol.* 2008 Sep;10(9):2331–43.
17. Feldman M, Bryan R, Rajan S, Scheffler L, Brunnert S, Tang H, et al Role of Flagella in Pathogenesis of *Pseudomonas aeruginosa* Pulmonary Infection. *Infect Immun.* 1998 Jan;66(1):43–51.
18. Skiebe E, de Berardinis V, Morczinek P, Kerrinnes T, Faber F, Lepka D, et al Surface-associated motility, a common trait of clinical isolates of *Acinetobacter baumannii*, depends on 1,3-diaminopropane. *International Journal of Medical Microbiology.* 2012 Jul;302(3):117–28.
19. Eijkelkamp BA, Stroehel UH, Hassan KA, Papadimitriou MS, Paulsen IT, Brown MH. Adherence and motility characteristics of clinical *Acinetobacter baumannii* isolates. *FEMS Microbiol Lett.* 2011 Oct;323(1):44–51.
20. Russo TA, Luke NR, Beanan JM, Olson R, Sauberman SL, MacDonald U, et al The K1 Capsular Polysaccharide of *Acinetobacter baumannii* Strain 307-0294 Is a Major Virulence Factor. *Infect Immun.* 2010 Sep;78(9):3993–4000.
21. Akoolo L, Pires S, Kim J, Parker D. The Capsule of *Acinetobacter baumannii* Protects against the Innate Immune Response. *J Innate Immun.* 2022;14(5):543–54.
22. Vestby LK, Grønseth T, Simm R, Nesse LL. Bacterial Biofilm and its Role in the Pathogenesis of Disease. *Antibiotics.* 2020 Feb 3;9(2):59.
23. Lee JC, Koerten H, van den Broek P, Beekhuizen H, Wolterbeek R, van den Barselaar M, et al Adherence of *Acinetobacter baumannii* strains to human bronchial epithelial cells. *Res Microbiol.* 2006 May;157(4):360–6.
24. Lee HW, Koh YM, Kim J, Lee JC, Lee YC, Seol SY, et al Capacity of multidrug-resistant clinical isolates of *Acinetobacter baumannii* to form biofilm and adhere to epithelial cell surfaces. *Clinical Microbiology and Infection.* 2008 Jan;14(1):49–54.
25. Choy MH, Stapleton F, Willcox MDP, Zhu H. Comparison of virulence factors in *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated from contact lens- and non-contact lens-related keratitis. *J Med Microbiol.* 2008 Dec 1;57(12):1539–46.

26. McLaughlin-Borlace, Stapleton, Matheson, Dart. Bacterial biofilm on contact lenses and lens storage cases in wearers with microbial keratitis. *J Appl Microbiol.* 1998 Jun;84(5):827–38.
27. Dutta D, Cole N, Willcox M. Factors influencing bacterial adhesion to contact lenses. *Mol Vis.* 2012;18:14–21.
28. Moreau-Marquis S, Stanton BA, O’Toole GA. *Pseudomonas aeruginosa* biofilm formation in the cystic fibrosis airway. *Pulm Pharmacol Ther.* 2008 Aug;21(4):595–9.
29. Pour NK, Dusane DH, Dhakephalkar PK, Zamin FR, Zinjarde SS, Chopade BA. Biofilm formation by *Acinetobacter baumannii* strains isolated from urinary tract infection and urinary catheters. *FEMS Immunol Med Microbiol.* 2011 Aug;62(3):328–38.
30. Cole SJ, Records AR, Orr MW, Linden SB, Lee VT. Catheter-Associated Urinary Tract Infection by *Pseudomonas aeruginosa* Is Mediated by Exopolysaccharide-Independent Biofilms. *Infect Immun.* 2014 May;82(5):2048–58.
31. Gaddy JA, Actis LA. Regulation of *Acinetobacter baumannii* biofilm formation. *Future Microbiol.* 2009 Apr;4(3):273–8.
32. Giltner CL, van Schaik EJ, Audette GF, Kao D, Hodges RS, Hassett DJ, et al The *Pseudomonas aeruginosa* type IV pilin receptor binding domain functions as an adhesin for both biotic and abiotic surfaces. *Mol Microbiol.* 2006 Feb;59(4):1083–96.
33. Mattick JS. Type IV Pili and Twitching Motility. *Annu Rev Microbiol.* 2002 Oct;56(1):289–314.
34. Al-Shamiri MM, Zhang S, Mi P, Liu Y, Xun M, Yang E, et al Phenotypic and genotypic characteristics of *Acinetobacter baumannii* enrolled in the relationship among antibiotic resistance, biofilm formation and motility. *Microb Pathog.* 2021 Jun;155:104922.
35. Corral J, Pérez-Varela M, Sánchez-Osuna M, Cortés P, Barbé J, Aranda J. Importance of twitching and surface-associated motility in the virulence of *Acinetobacter baumannii*. *Virulence.* 2021 Dec 31;12(1):2201–13.
36. Comolli JC, Hauser AR, Waite L, Whitchurch CB, Mattick JS, Engel JN. *Pseudomonas aeruginosa* Gene Products PilT and PilU Are Required for Cytotoxicity In Vitro and Virulence in a Mouse Model of Acute Pneumonia. *Infect Immun.* 1999 Jul;67(7):3625–30.
37. Zolfaghar I, Evans DJ, Fleiszig SMJ. Twitching Motility Contributes to the Role of Pili in Corneal Infection Caused by *Pseudomonas aeruginosa*. *Infect Immun.* 2003 Sep;71(9):5389–93.

38. Ronish LA, Lillehoj E, Fields JK, Sundberg EJ, Piepenbrink KH. The structure of PilA from *Acinetobacter baumannii* AB5075 suggests a mechanism for functional specialization in *Acinetobacter* type IV pili. *Journal of Biological Chemistry*. 2019 Jan;294(1):218–30.
39. Persat A, Inclan YF, Engel JN, Stone HA, Gitai Z. Type IV pili mechanochemically regulate virulence factors in *Pseudomonas aeruginosa*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2015 Jun 16;112(24):7563–8.
40. O'Toole GA, Kolter R. Flagellar and twitching motility are necessary for *Pseudomonas aeruginosa* biofilm development. *Mol Microbiol*. 1998 Oct;30(2):295–304.
41. Floyd M, Winn M, Cullen C, Sil P, Chassaing B, Yoo D goon, et al Swimming Motility Mediates the Formation of Neutrophil Extracellular Traps Induced by Flagellated *Pseudomonas aeruginosa*. *PLoS Pathog*. 2016 Nov 17;12(11):e1005987.
42. Amiel E, Lovewell RR, O'Toole GA, Hogan DA, Berwin B. *Pseudomonas aeruginosa* Evasion of Phagocytosis Is Mediated by Loss of Swimming Motility and Is Independent of Flagellum Expression. *Infect Immun*. 2010 Jul;78(7):2937–45.
43. De Oliveira DMP, Forde BM, Kidd TJ, Harris PNA, Schembri MA, Beatson SA, et al Antimicrobial Resistance in ESKAPE Pathogens. *Clin Microbiol Rev*. 2020 Jun 17;33(3).
44. Sugawara E, Nikaido H. OmpA Is the Principal Nonspecific Slow Porin of *Acinetobacter baumannii*. *J Bacteriol*. 2012 Aug;194(15):4089–96.
45. Hancock REW. Resistance Mechanisms in *Pseudomonas aeruginosa* and Other Nonfermentative Gram-Negative Bacteria. *Clinical Infectious Diseases*. 1998 Aug;27(s1):S93–9.
46. Mussi MA, Limansky AS, Viale AM. Acquisition of Resistance to Carbapenems in Multidrug-Resistant Clinical Strains of *Acinetobacter baumannii*: Natural Insertional Inactivation of a Gene Encoding a Member of a Novel Family of β -Barrel Outer Membrane Proteins. *Antimicrob Agents Chemother*. 2005 Apr;49(4):1432–40.
47. Catel-Ferreira M, Coadou G, Molle V, Mugnier P, Nordmann P, Siroy A, et al Structure–function relationships of CarO, the carbapenem resistance-associated outer membrane protein of *Acinetobacter baumannii*. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2011 Sep;66(9):2053–6.
48. Khorsi K, Messai Y, Ammari H, Hamidi M, Bakour R. ISAba36 inserted into the outer membrane protein gene carO and associated with the carbapenemase gene blaOXA-24-like in *Acinetobacter baumannii*. *J Glob Antimicrob Resist*. 2018 Dec;15:107–8.

49. Dupont M, Pagès JM, Lafitte D, Siroy A, Bollet C. Identification of an OprD Homologue in *Acinetobacter baumannii*. *J Proteome Res.* 2005 Dec 1;4(6):2386–90.
50. Zahn M, Bhamidimarri SP, Baslé A, Winterhalter M, van den Berg B. Structural Insights into Outer Membrane Permeability of *Acinetobacter baumannii*. *Structure.* 2016 Feb;24(2):221–31.
51. Vila J, Martí S, Sánchez-Céspedes J. Porins, efflux pumps and multidrug resistance in *Acinetobacter baumannii*. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy.* 2007 Jun 1;59(6):1210–5.
52. Tiwari V, Vashist J, Kapil A, Moganty RR. Comparative Proteomics of Inner Membrane Fraction from Carbapenem-Resistant *Acinetobacter baumannii* with a Reference Strain. *PLoS One.* 2012 Jun 26;7(6):e39451.
53. Catel-Ferreira M, Marti S, Guillon L, Jara L, Coadou G, Molle V, et al The outer membrane porin OmpW of *Acinetobacter baumannii* is involved in iron uptake and colistin binding. *FEBS Lett.* 2016 Jan;590(2):224–31.
54. Rumbo C, Gato E, López M, Ruiz de Alegría C, Fernández-Cuenca F, Martínez-Martínez L, et al Contribution of Efflux Pumps, Porins, and β -Lactamases to Multidrug Resistance in Clinical Isolates of *Acinetobacter baumannii*. *Antimicrob Agents Chemother.* 2013 Nov;57(11):5247–57.
55. Tomás M del M, Beceiro A, Pérez A, Velasco D, Moure R, Villanueva R, et al Cloning and Functional Analysis of the Gene Encoding the 33- to 36-Kilodalton Outer Membrane Protein Associated with Carbapenem Resistance in *Acinetobacter baumannii*. *Antimicrob Agents Chemother.* 2005 Dec;49(12):5172–5.
56. Farra A, Islam S, Strålfors A, Sörberg M, Wretling B. Role of outer membrane protein OprD and penicillin-binding proteins in resistance of *Pseudomonas aeruginosa* to imipenem and meropenem. *Int J Antimicrob Agents.* 2008 May;31(5):427–33.
57. Moore NM, Flaws ML. Antimicrobial resistance mechanisms in *Pseudomonas aeruginosa*. *Clin Lab Sci.* 2011;24(1):47–51.
58. Chevalier S, Bouffartigues E, Bodilis J, Maillot O, Lesouhaitier O, Feuilloley MGJ, et al Structure, function and regulation of *Pseudomonas aeruginosa* porins. *FEMS Microbiol Rev.* 2017 Sep 1;41(5):698–722.
59. Amaral L, Martins A, Spengler G, Molnar J. Efflux pumps of Gram-negative bacteria: what they do, how they do it, with what and how to deal with them. *Front Pharmacol.* 2014;4.
60. Magnet S, Courvalin P, Lambert T. Resistance-Nodulation-Cell Division-Type Efflux Pump Involved in Aminoglycoside Resistance in *Acinetobacter baumannii* Strain BM4454. *Antimicrob Agents Chemother.* 2001 Dec;45(12):3375–80.

61. Marchand I, Damier-Piolle L, Courvalin P, Lambert T. Expression of the RND-Type Efflux Pump AdeABC in *Acinetobacter baumannii* Is Regulated by the AdeRS Two-Component System. *Antimicrob Agents Chemother.* 2004 Sep;48(9):3298–304.
62. Damier-Piolle L, Magnet S, Brémont S, Lambert T, Courvalin P. AdeIJK, a Resistance-Nodulation-Cell Division Pump Effluxing Multiple Antibiotics in *Acinetobacter baumannii*. *Antimicrob Agents Chemother.* 2008 Feb;52(2):557–62.
63. Leus I V., Weeks JW, Bonifay V, Smith L, Richardson S, Zgurskaya HI. Substrate Specificities and Efflux Efficiencies of RND Efflux Pumps of *Acinetobacter baumannii*. *J Bacteriol.* 2018 Jul;200(13).
64. Köhler T, Kok M, Michea-Hamzehpour M, Plesiat P, Gotoh N, Nishino T, et al. Multidrug efflux in intrinsic resistance to trimethoprim and sulfamethoxazole in *Pseudomonas aeruginosa*. *Antimicrob Agents Chemother.* 1996 Oct;40(10):2288–90.
65. Li XZ, Nikaido H, Poole K. Role of mexA-mexB-oprM in antibiotic efflux in *Pseudomonas aeruginosa*. *Antimicrob Agents Chemother.* 1995 Sep;39(9):1948–53.
66. Chuanchuen R, Murata T, Gotoh N, Schweizer HP. Substrate-Dependent Utilization of OprM or OpmH by the *Pseudomonas aeruginosa* MexJK Efflux Pump. *Antimicrob Agents Chemother.* 2005 May;49(5):2133–6.
67. Sobel ML, McKay GA, Poole K. Contribution of the MexXY Multidrug Transporter to Aminoglycoside Resistance in *Pseudomonas aeruginosa* Clinical Isolates. *Antimicrob Agents Chemother.* 2003 Oct;47(10):3202–7.
68. Masuda N, Sakagawa E, Ohya S, Gotoh N, Tsujimoto H, Nishino T. Contribution of the MexX-MexY-OprM Efflux System to Intrinsic Resistance in *Pseudomonas aeruginosa*. *Antimicrob Agents Chemother.* 2000 Sep;44(9):2242–6.
69. Lister PD, Wolter DJ, Hanson ND. Antibacterial-Resistant *Pseudomonas aeruginosa*: Clinical Impact and Complex Regulation of Chromosomally Encoded Resistance Mechanisms. *Clin Microbiol Rev.* 2009 Oct;22(4):582–610.
70. Martí S, Fernández-Cuenca F, Pascual Á, Ribera A, Rodríguez-Baño J, Bou G, et al. Prevalencia de los genes tetA y tetB como mecanismo de resistencia a tetraciclina y minociclina en aislamientos clínicos de *Acinetobacter baumannii*. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2006 Feb;24(2):77–80.
71. Bush K, Bradford PA. Epidemiology of β -Lactamase-Producing Pathogens. *Clin Microbiol Rev.* 2020 Mar 18;33(2).
72. Bou G, Martínez-Beltrán J. Cloning, Nucleotide Sequencing, and Analysis of the Gene Encoding an AmpC β -Lactamase in *Acinetobacter baumannii*. *Antimicrob Agents Chemother.* 2000 Feb;44(2):428–32.

73. Héritier C, Poirel L, Nordmann P. Cephalosporinase over-expression resulting from insertion of ISAbal in *Acinetobacter baumannii*. *Clinical Microbiology and Infection*. 2006 Feb;12(2):123–30.
74. Hamidian M, Hall RM. ISAbal targets a specific position upstream of the intrinsic ampC gene of *Acinetobacter baumannii* leading to cephalosporin resistance. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2013 Nov 1;68(11):2682–3.
75. Poirel L, Nordmann P. Carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii*: mechanisms and epidemiology. *Clinical Microbiology and Infection*. 2006 Sep;12(9):826–36.
76. Rodríguez-Martínez JM, Poirel L, Nordmann P. Extended-Spectrum Cephalosporinases in *Pseudomonas aeruginosa*. *Antimicrob Agents Chemother*. 2009 May;53(5):1766–71.
77. Berrazeg M, Jeannot K, Ntsogo Enguéné VY, Broutin I, Loeffert S, Fournier D, et al. Mutations in β -Lactamase AmpC Increase Resistance of *Pseudomonas aeruginosa* Isolates to Antipseudomonal Cephalosporins. *Antimicrob Agents Chemother*. 2015 Oct;59(10):6248–55.
78. Zavascki AP, Carvalhaes CG, Picão RC, Gales AC. Multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* and *Acinetobacter baumannii*: resistance mechanisms and implications for therapy. *Expert Rev Anti Infect Ther*. 2010 Jan 10;8(1):71–93.
79. Bonomo RA, Szabo D. Mechanisms of Multidrug Resistance in *Acinetobacter* Species and *Pseudomonas aeruginosa*. *Clinical Infectious Diseases*. 2006 Sep 1;43(Supplement_2):S49–56.
80. Levy SB. Factors impacting on the problem of antibiotic resistance. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2002 Jan 1;49(1):25–30.
81. Kumar A, Pal D. Antibiotic resistance and wastewater: Correlation, impact and critical human health challenges. *J Environ Chem Eng*. 2018 Feb;6(1):52–8.
82. MacFadden DR, McGough SF, Fisman D, Santillana M, Brownstein JS. Antibiotic resistance increases with local temperature. *Nat Clim Chang*. 2018 Jun 21;8(6):510–4.
83. Malik B, Bhattacharyya S. Antibiotic drug-resistance as a complex system driven by socio-economic growth and antibiotic misuse. *Sci Rep*. 2019 Jul 5;9(1):9788.
84. Bengtsson-Palme J, Kristiansson E, Larsson DGJ. Environmental factors influencing the development and spread of antibiotic resistance. *FEMS Microbiol Rev*. 2018 Jan 1;42(1).
85. Rossolini GM, Bochenska M, Fumagalli L, Dowzicky M. Trends of major antimicrobial resistance phenotypes in enterobacterales and gram-negative non-

- fermenters from ATLAS and EARS-net surveillance systems: Italian vs. European and global data, 2008-2018. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2021 Dec;101(4):115512.
86. Mhondoro M, Ndlovu N, Bangure D, Juru T, Gombe NT, Shambira G, et al Trends in antimicrobial resistance of bacterial pathogens in Harare, Zimbabwe, 2012–2017: a secondary dataset analysis. *BMC Infect Dis*. 2019 Dec 27;19(1):746.
 87. Somily A, Balkhy HH, Enani MAS, Althawadi SI, Alawi M, Al Johani SM, et al Antimicrobial resistance trends of non-fermenter Gram negative bacteria in Saudi Arabia: A six-year national study. *J Infect Public Health*. 2021 Sep;14(9):1144–50.
 88. Liu C, Xu M, Li X, Dong H, Ming L. Trends in antimicrobial resistance in bloodstream infections at a large tertiary-care hospital in China: a 10-year retrospective study (2010–2019). *J Glob Antimicrob Resist*. 2022 Jun;29:413–9.
 89. Morfin-Otero R, Noriega ER, Dowzicky MJ. Antimicrobial susceptibility trends among gram-positive and -negative clinical isolates collected between 2005 and 2012 in Mexico: results from the Tigecycline Evaluation and Surveillance Trial. *Ann Clin Microbiol Antimicrob*. 2015 Dec 15;14(1):53.
 90. Garza-González E, Franco-Cendejas R, Morfín-Otero R, Echaniz-Aviles G, Rojas-Larios F, Bocanegra-Ibarias P, et al The Evolution of Antimicrobial Resistance in Mexico During the Last Decade: Results from the INVIFAR Group. *Microbial Drug Resistance*. 2020 Nov 1;26(11):1372–82.
 91. World Health Organization. World Health Organization. 2020. WHO Director-General’s opening remarks at the media briefing on COVID-19-11 March 2020.
 92. Gagliotti C, Buttazzi R, Ricchizzi E, Di Mario S, Tedeschi S, Moro ML. Community use of antibiotics during the COVID-19 lockdown. *Infect Dis*. 2021 Feb 1;53(2):142–4.
 93. Desai K, Arora P, Ghanekar S, Johnson K, Harris I. Antibiotic prescribing trends in the US during the first 11 months of the COVID-19 pandemic. *Research in Social and Administrative Pharmacy*. 2022 Oct;18(10):3855–9.
 94. Miranda C, Silva V, Capita R, Alonso-Calleja C, Igrejas G, Poeta P. Implications of antibiotics use during the COVID-19 pandemic: present and future. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2020 Dec 1;75(12):3413–6.
 95. Ghosh S, Bornman C, Zafer MM. Antimicrobial Resistance Threats in the emerging COVID-19 pandemic: Where do we stand? *J Infect Public Health*. 2021 May;14(5):555–60.
 96. López-Jácome LE, Fernández-Rodríguez D, Franco-Cendejas R, Camacho-Ortiz A, Morfin-Otero MDR, Rodríguez-Noriega E, et al Increment Antimicrobial Resistance During the COVID-19 Pandemic: Results from the Invifar Network. *Microb Drug Resist*. 2022 Mar;28(3):338–45.

97. Polemis M, Mandilara G, Pappa O, Argyropoulou A, Perivolioti E, Koudoumnakis N, et al COVID-19 and Antimicrobial Resistance: Data from the Greek Electronic System for the Surveillance of Antimicrobial Resistance—WHONET-Greece (January 2018–March 2021). *Life*. 2021 Sep 22;11(10):996.
98. Pascale R, Bussini L, Gaibani P, Bovo F, Fornaro G, Lombardo D, et al Carbapenem-resistant bacteria in an intensive care unit during the coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic: A multicenter before-and-after cross-sectional study. *Infect Control Hosp Epidemiol*. 2022 Apr 16;43(4):461–6.
99. Quainoo S, Coolen JPM, van Hijum SAFT, Huynen MA, Melchers WJG, van Schaik W, et al Whole-Genome Sequencing of Bacterial Pathogens: the Future of Nosocomial Outbreak Analysis. *Clin Microbiol Rev*. 2017 Oct;30(4):1015–63.
100. Camargo CH, Cunha MPV, de Barcellos TAF, Bueno MS, Bertani AM de J, dos Santos CA, et al Genomic and phenotypic characterisation of antimicrobial resistance in carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* hyperendemic clones CC1, CC15, CC79 and CC25. *Int J Antimicrob Agents*. 2020 Dec;56(6):106195.
101. Quick J, Cumley N, Wearn CM, Niebel M, Constantinidou C, Thomas CM, et al Seeking the source of *Pseudomonas aeruginosa* infections in a recently opened hospital: an observational study using whole-genome sequencing. *BMJ Open*. 2014 Nov 4;4(11):e006278.
102. Magalhães B, Valot B, Abdelbary MMH, Prod'hom G, Greub G, Senn L, et al Combining Standard Molecular Typing and Whole Genome Sequencing to Investigate *Pseudomonas aeruginosa* Epidemiology in Intensive Care Units. *Front Public Health*. 2020 Jan 28;8.
103. Kostyanev T, Xavier BB, García-Castillo M, Lammens C, Bravo-Ferrer Acosta J, Rodríguez-Baño J, et al Phenotypic and molecular characterizations of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* isolates collected within the EURECA study. *Int J Antimicrob Agents*. 2021 Jun;57(6):106345.
104. Zafer MM, Hussein AFA, Al-Agamy MH, Radwan HH, Hamed SM. Genomic Characterization of Extensively Drug-Resistant NDM-Producing *Acinetobacter baumannii* Clinical Isolates With the Emergence of Novel blaADC-257. *Front Microbiol*. 2021 Nov 22;12.
105. Tada T, Hishinuma T, Watanabe S, Uchida H, Tohya M, Kuwahara-Arai K, et al Molecular Characterization of Multidrug-Resistant *Pseudomonas aeruginosa* Isolates in Hospitals in Myanmar. *Antimicrob Agents Chemother*. 2019 May;63(5).
106. Wareth G, Linde J, Nguyen NH, Nguyen TNM, Sprague LD, Pletz MW, et al WGS-Based Analysis of Carbapenem-Resistant *Acinetobacter baumannii* in Vietnam and Molecular Characterization of Antimicrobial Determinants and MLST in Southeast Asia. *Antibiotics*. 2021 May 11;10(5):563.

107. Chukamnerd A, Singkhamanan K, Chongsuvivatwong V, Palittapongarnpim P, Doi Y, Pomwised R, et al Whole-genome analysis of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* from clinical isolates in Southern Thailand. *Comput Struct Biotechnol J*. 2022;20:545–58.
108. Meumann EM, Anstey NM, Currie BJ, Piera KA, Kenyon JJ, Hall RM, et al Genomic epidemiology of severe community-onset *Acinetobacter baumannii* infection. *Microb Genom*. 2019 Mar 1;5(3).
109. Roberts LW, Forde BM, Hurst T, Ling W, Nimmo GR, Bergh H, et al Genomic surveillance, characterization and intervention of a polymicrobial multidrug-resistant outbreak in critical care. *Microb Genom*. 2021 Mar 1;7(3).
110. Marí-Almirall M, Cosgaya C, Higgins PG, van Assche A, Telli M, Huys G, et al MALDI-TOF/MS identification of species from the *Acinetobacter baumannii* (Ab) group revisited: inclusion of the novel *A. seifertii* and *A. dijkshoorniae* species. *Clinical Microbiology and Infection*. 2017 Mar;23(3):210.e1-210.e9.
111. CLSI. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 30th ed. Vol. CLSI supplement M100. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2020.
112. Biswas I, Rather PN. *Acinetobacter baumannii*. *Methods in Molecular Microbiology*. Biswas I, Rather PN, editors. Vol. 1946. New York, NY: Springer New York; 2019.
113. Filloux A, Ramos JL. *Pseudomonas* Methods and Protocols. Filloux A, Ramos JL, editors. Vol. 1149. New York, NY: Springer New York; 2014.
114. STEPANOVIĆ S, VUKOVIĆ D, HOLA V, BONAVENTURA G di, DJUKIĆ S, ĆIRKOVIĆ I, et al Quantification of biofilm in microtiter plates: overview of testing conditions and practical recommendations for assessment of biofilm production by staphylococci. *APMIS*. 2007 Aug;115(8):891–9.
115. Bortolaia V, Kaas RS, Ruppe E, Roberts MC, Schwarz S, Cattoir V, et al ResFinder 4.0 for predictions of phenotypes from genotypes. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2020 Dec 1;75(12):3491–500.
116. Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, Ma N, Papadopoulos J, Bealer K, et al BLAST+: architecture and applications. *BMC Bioinformatics*. 2009 Dec 15;10(1):421.
117. Alcock BP, Huynh W, Chalil R, Smith KW, Raphenya AR, Wlodarski MA, et al CARD 2023: expanded curation, support for machine learning, and resistome prediction at the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. *Nucleic Acids Res*. 2023 Jan 6;51(D1):D690–9.

118. Liu B, Zheng D, Zhou S, Chen L, Yang J. VFDB 2022: a general classification scheme for bacterial virulence factors. *Nucleic Acids Res.* 2022 Jan 7;50(D1):D912–7.
119. Salgado-Camargo AD, Castro-Jaimes S, Gutierrez-Rios RM, Lozano LF, Altamirano-Pacheco L, Silva-Sanchez J, et al Structure and Evolution of *Acinetobacter baumannii* Plasmids. *Front Microbiol.* 2020 Jun 18;11.
120. Yang CH, Su PW, Moi SH, Chuang LY. Biofilm Formation in *Acinetobacter Baumannii*: Genotype-Phenotype Correlation. *Molecules.* 2019 May 14;24(10):1849.
121. Behzadi P, Gajdács M, Pallós P, Ónodi B, Stájer A, Matusovits D, et al Relationship between Biofilm-Formation, Phenotypic Virulence Factors and Antibiotic Resistance in Environmental *Pseudomonas aeruginosa*. *Pathogens.* 2022 Sep 5;11(9):1015.
122. Goh HMS, Beatson SA, Totsika M, Moriel DG, Phan MD, Szubert J, et al Molecular Analysis of the *Acinetobacter baumannii* Biofilm-Associated Protein. *Appl Environ Microbiol.* 2013 Nov;79(21):6535–43.
123. De Gregorio E, Del Franco M, Martinucci M, Roscetto E, Zarrilli R, Di Nocera PP. Biofilm-associated proteins: news from *Acinetobacter*. *BMC Genomics.* 2015 Dec 14;16(1):933.
124. Ramsey DM, Wozniak DJ. Understanding the control of *Pseudomonas aeruginosa* alginate synthesis and the prospects for management of chronic infections in cystic fibrosis. *Mol Microbiol.* 2005 Feb 18;56(2):309–22.
125. Cross AR, Csatory EE, Raghuram V, Diggle FL, Whiteley M, Wuest WM, et al The histone-like protein AlgP regulon is distinct in mucoid and nonmucoid *Pseudomonas aeruginosa* and does not include alginate biosynthesis genes. *Microbiology (N Y).* 2020 Sep 1;166(9):861–6.
126. Liang Z, Rybtke M, Kragh KN, Johnson O, Schicketanz M, Zhang YE, et al Transcription of the Alginate Operon in *Pseudomonas aeruginosa* Is Regulated by c-di-GMP. *Microbiol Spectr.* 2022 Aug 31;10(4).
127. Vijayakumar S, Rajenderan S, Laishram S, Anandan S, Balaji V, Biswas I. Biofilm Formation and Motility Depend on the Nature of the *Acinetobacter baumannii* Clinical Isolates. *Front Public Health.* 2016 May 24;4.
128. Wareth G, Pletz MW, Neubauer H, Sprague LD. A rapid method for the detection of motility in *Acinetobacter baumannii* and its association to the existence of the virulence-associated genes *pilA* and *algW*. *German Journal of Microbiology.* 2021;1(3):11–7.
129. Inclan YF, Persat A, Greninger A, Von Dollen J, Johnson J, Krogan N, et al A scaffold protein connects type IV pili with the Chp chemosensory system to mediate

- activation of virulence signaling in *Pseudomonas aeruginosa*. *Mol Microbiol*. 2016 Aug;101(4):590–605.
130. Arora SK, Ritchings BW, Almira EC, Lory S, Ramphal R. The *Pseudomonas aeruginosa* Flagellar Cap Protein, FliD, Is Responsible for Mucin Adhesion. *Infect Immun*. 1998 Mar;66(3):1000–7.
 131. Dasgupta N, Wolfgang MC, Goodman AL, Arora SK, Jyot J, Lory S, et al A four-tiered transcriptional regulatory circuit controls flagellar biogenesis in *Pseudomonas aeruginosa*. *Mol Microbiol*. 2003 Nov 6;50(3):809–24.
 132. Hentzer M, Teitzel GM, Balzer GJ, Heydorn A, Molin S, Givskov M, et al Alginate Overproduction Affects *Pseudomonas aeruginosa* Biofilm Structure and Function. *J Bacteriol*. 2001 Sep 15;183(18):5395–401.
 133. Hamidian M, Nigro SJ. Emergence, molecular mechanisms and global spread of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii*. *Microb Genom*. 2019 Oct 1;5(10).
 134. López-Durán PA, Fonseca-Coronado S, Lozano-Trenado LM, Araujo-Betanzos S, Rugerio-Trujillo DA, Vaughan G, et al Nosocomial transmission of extensively drug resistant *Acinetobacter baumannii* strains in a tertiary level hospital. *PLoS One*. 2020 Apr 17;15(4):e0231829.
 135. Mancilla-Rojano J, Ochoa SA, Reyes-Grajeda JP, Flores V, Medina-Contreras O, Espinosa-Mazariego K, et al Molecular Epidemiology of *Acinetobacter calcoaceticus*-*Acinetobacter baumannii* Complex Isolated From Children at the Hospital Infantil de México Federico Gómez. *Front Microbiol*. 2020 Oct 15;11.
 136. Bala A, Uhlin BE, Karah N. Insights into the genetic contexts of sulfonamide resistance among early clinical isolates of *Acinetobacter baumannii*. *Infection, Genetics and Evolution*. 2023 Aug;112:105444.
 137. Salih TS, Shafeek RR. *In silico* Detection of Acquired Antimicrobial Resistance Genes in 110 Complete Genome Sequences of *Acinetobacter baumannii*. *Jordan J Biol Sci*. 2019;12(5):589–94.
 138. Kim DH, Choi JY, Kim HW, Kim SH, Chung DR, Peck KR, et al Spread of Carbapenem-Resistant *Acinetobacter baumannii* Global Clone 2 in Asia and AbaR-Type Resistance Islands. *Antimicrob Agents Chemother*. 2013 Nov;57(11):5239–46.
 139. Castro-Jaimes S, Salgado-Camargo AD, Graña-Miraglia L, Lozano L, Bocanegra-Ibarias P, Volkow-Fernández P, et al Complete Genome Sequence of a Multidrug-Resistant *Acinetobacter baumannii* Isolate Obtained from a Mexican Hospital (Sequence Type 422). *Genome Announc*. 2016 Jun 30;4(3).
 140. Wiehlmann L, Wagner G, Cramer N, Siebert B, Gudowius P, Morales G, et al Population structure of *Pseudomonas aeruginosa*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2007 May 8;104(19):8101–6.

141. Papagiannitsis CC, Verra A, Galani V, Xitsas S, Bitar I, Hrabak J, et al Unravelling the Features of Success of VIM-Producing ST111 and ST235 *Pseudomonas aeruginosa* in a Greek Hospital. *Microorganisms*. 2020 Nov 28;8(12):1884.
142. Cabot G, Ocampo-Sosa AA, Domínguez MA, Gago JF, Juan C, Tubau F, et al Genetic Markers of Widespread Extensively Drug-Resistant *Pseudomonas aeruginosa* High-Risk Clones. *Antimicrob Agents Chemother*. 2012 Dec;56(12):6349–57.
143. Fernández-Olmos A, García-Castillo M, Alba JM, Morosini MI, Lamas A, Romero B, et al Population Structure and Antimicrobial Susceptibility of Both Nonpersistent and Persistent *Pseudomonas aeruginosa* Isolates Recovered from Cystic Fibrosis Patients. *J Clin Microbiol*. 2013 Aug;51(8):2761–5.
144. del Barrio-Tofiño E, López-Causapé C, Oliver A. *Pseudomonas aeruginosa* epidemic high-risk clones and their association with horizontally-acquired β -lactamases: 2020 update. *Int J Antimicrob Agents*. 2020 Dec;56(6):106196.
145. Estepa V, Rojo-Bezares B, Torres C, Sáenz Y. Faecal carriage of *Pseudomonas aeruginosa* in healthy humans: antimicrobial susceptibility and global genetic lineages. *FEMS Microbiol Ecol*. 2014 Jul;89(1):15–9.
146. Fonseca ÉL, Morgado SM, Caldart R V., Freitas F, Vicente ACP. Emergence of a VIM-2-producing extensively drug-resistant (XDR) *Pseudomonas aeruginosa* ST309 in South America: a comparative genomic analysis. *Int J Antimicrob Agents*. 2022 Feb;59(2):106507.
147. Khan A, Tran TT, Rios R, Hanson B, Shropshire WC, Sun Z, et al Extensively Drug-Resistant *Pseudomonas aeruginosa* ST309 Harboring Tandem Guiana Extended Spectrum β -Lactamase Enzymes: A Newly Emerging Threat in the United States. *Open Forum Infect Dis*. 2019 Jul 1;6(7).
148. Morales-Espinosa R, Delgado G, Espinosa LF, Isselo D, Méndez JL, Rodríguez C, et al Fingerprint Analysis and Identification of Strains ST309 as a Potential High Risk Clone in a *Pseudomonas aeruginosa* Population Isolated from Children with Bacteremia in Mexico City. *Front Microbiol*. 2017 Mar 1;8.
149. Kracalik I, Ham DC, McAllister G, Smith AR, Vowles M, Kauber K, et al Extensively Drug-Resistant Carbapenemase-Producing *Pseudomonas aeruginosa* and Medical Tourism from the United States to Mexico, 2018–2019. *Emerg Infect Dis*. 2022 Jan;28(1):52–62.
150. Aguilar-Rodea P, Zúñiga G, Cerritos R, Rodríguez-Espino BA, Rodea GE, Reyes-López A, et al Genetic Variations in MexAB-OprM Efflux Pump Regulators and Their Association with Antibiotic Resistance and Sequence type in Clinical and Epidemiologically High-risk Clones of *Pseudomonas Aeruginosa*. *Res Sq*. 2020;1–26.

151. Gautret P, Lagier JC, Parola P, Hoang VT, Meddeb L, Mailhe M, et al Hydroxychloroquine and azithromycin as a treatment of COVID-19: results of an open-label non-randomized clinical trial. *Int J Antimicrob Agents*. 2020 Jul;56(1):105949.
152. Bogdanić N, Močibob L, Vidović T, Soldo A, Begovać J. Azithromycin consumption during the COVID-19 pandemic in Croatia, 2020. *PLoS One*. 2022 Feb 2;17(2):e0263437.
153. Abdelmalek SM, Mousa A. Azithromycin Misuse During the COVID-19 Pandemic: A Cross-Sectional Study from Jordan. *Infect Drug Resist*. 2022 Mar; Volume 15:747–55.
154. Elsayed AA, Darwish SF, Zewail MB, Mohammed M, Saeed H, Rabea H. Antibiotic misuse and compliance with infection control measures during COVID-19 pandemic in community pharmacies in Egypt. *Int J Clin Pract*. 2021 Jun 15;75(6).
155. Murphy A, Barich D, Fennessy MS, Slonczewski JL. An Ohio State Scenic River Shows Elevated Antibiotic Resistance Genes, Including Acinetobacter Tetracycline and Macrolide Resistance, Downstream of Wastewater Treatment Plant Effluent. *Microbiol Spectr*. 2021 Oct 31;9(2).
156. Blackwell GA, Hall RM. The *tet39* Determinant and the *msrE-mphE* Genes in Acinetobacter Plasmids Are Each Part of Discrete Modules Flanked by Inversely Oriented *p dif* (XerC-XerD) Sites. *Antimicrob Agents Chemother*. 2017 Aug;61(8).
157. Zhan Z, Hu L, Jiang X, Zeng L, Feng J, Wu W, et al Plasmid and chromosomal integration of four novel blaIMP-carrying transposons from Pseudomonas aeruginosa, Klebsiella pneumoniae and an Enterobacter sp. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 2018 Nov 1;73(11):3005–15.
158. Lolans K, Queenan AM, Bush K, Sahud A, Quinn JP. First Nosocomial Outbreak of *Pseudomonas aeruginosa* Producing an Integron-Borne Metallo- β -Lactamase (VIM-2) in the United States. *Antimicrob Agents Chemother*. 2005 Aug;49(8):3538–40.
159. Garza-Ramos U, Barrios H, Reyna-Flores F, Tamayo-Legorreta E, Catalan-Najera JC, Morfin-Otero R, et al Widespread of ESBL- and carbapenemase GES-type genes on carbapenem-resistant Pseudomonas aeruginosa clinical isolates: a multicenter study in Mexican hospitals. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2015 Feb;81(2):135–7.

12. ANEXOS

ANEXO 1. Concentraciones mínimas inhibitorias de los aislamientos de cada aislamiento

Especie	Periodo	Cepa	SAM	TZP	CAZ	CRO	FEP	DOR	IPM	MEM	GEN	AMK	CIP	CST
<i>Acinetobacter baumannii</i>	Antes de pandemia	A20511	16	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
		A20912	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
		A20997	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	8	ND	≥4	≤2
		A201742	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
		A201836	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	8	ND	≥4	≤2
		A201863	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	8	ND	≥4	≤2
		A201884	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
	A202386	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2	
	Durante la pandemia	A2112	≥32	≥128	≥64	≥ 64	32	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	2	≥4
		A21273	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
		A21315	16	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≤4	ND	≥4	≤2
		A21329	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
		A21621	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
		A21668	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2
A21671		≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2	
A21841	≥32	≥128	≥64	≥ 64	≥64	≥8	≥8	≥8	≥16	ND	≥4	≤2		
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Antes de pandemia	PS2098	ND	32	≤8	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS20215	ND	≥128	≥32	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≥64	≥16	≥2	≤2
		PS20412	ND	32	16	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≥2	≤2
		PS20490	ND	32	≤8	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS20503	ND	≥128	≥32	ND	≥32	≥8	≥8	≥8	≥64	≥16	≥2	≤2
		PS201139	ND	≥128	≥32	ND	≤8	≥8	≥8	4	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS201267	ND	≥128	≥32	ND	≤8	≤2	≥8	≥8	≤16	≤4	≥2	≤2
	Durante la pandemia	PS21222	ND	≥128	≥32	ND	≥32	≥8	≥8	≥8	≥64	8	≥2	≤2
		PS21575	ND	≥128	16	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS21632	ND	≤16	≤8	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS21634	ND	32	≤8	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS21804	ND	≤16	≤8	ND	≤8	≥8	≥8	4	≤16	≤4	≤0.5	≤2
		PS21817	ND	32	16	ND	≤8	≥8	≥8	≥8	≤16	≤4	≥2	≤2
PS21832	ND	≥128	≥32	ND	≥32	≥8	≥8	≥8	≥64	≥16	≥2	≤2		

SAM: Ampicilina-sulbactam. TZP: Piperacilina-tazobactam. CAZ: Ceftazidime. CRO: Ceftriaxona. FEP: Cefepime. DOR: Doripenem. IPM: Imipenem. MEM: Meropenem. GEN: Gentamicina. AMK: Amikacina. CIP: Ciprofloxacino. CST: Colistina. ND: No definido.

ANEXO 2. Lecturas de absorbancia del ensayo de producción de biopelícula

Especie	Periodo	Cepa	Absorbancia			OD blanco	SD blanco	ODc	OD Promedio	Producción de biopelícula	OD promedio – OD blanco
<i>Acinetobacter baumannii</i>	Antes de pandemia	A20511	0.175	0.164	0.210	0.058	0.005	0.074	0.183	Moderado	0.125
		A20912	0.310	0.267	0.249	0.058	0.005	0.074	0.275	Moderado	0.217
		A20997	0.939	0.909	0.853	0.058	0.005	0.074	0.900	Fuerte	0.842
		A201742	0.184	0.167	0.137	0.058	0.005	0.074	0.163	Moderado	0.105
		A201836	0.246	0.359	0.306	0.058	0.005	0.074	0.304	Fuerte	0.246
		A201884	0.278	0.282	0.175	0.058	0.005	0.074	0.245	Moderado	0.187
		A201863	0.281	0.244	0.241	0.058	0.005	0.074	0.255	Moderado	0.197
	A202386	0.884	0.584	0.852	0.058	0.005	0.074	0.868	Fuerte	0.810	
	Durante la pandemia	A2112	0.129	0.116	0.127	0.058	0.005	0.074	0.124	Débil	0.066
		A21273	0.364	0.436	0.366	0.058	0.005	0.074	0.389	Fuerte	0.331
		A21315	0.314	0.223	0.257	0.058	0.005	0.074	0.265	Moderado	0.207
		A21329	0.623	0.323	0.351	0.058	0.005	0.074	0.337	Fuerte	0.279
		A21621	0.397	0.222	0.170	0.058	0.005	0.074	0.263	Moderado	0.205
		A21668	0.302	0.220	0.227	0.058	0.005	0.074	0.250	Moderado	0.192
A21671		0.336	0.306	0.335	0.058	0.005	0.074	0.326	Fuerte	0.268	
A21841	0.148	0.300	0.210	0.073	0.001	0.074	0.219	Moderado	0.147		
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Antes de pandemia	PS2098	0.712	0.458	0.462	0.050	0.002	0.055	0.460	Fuerte	0.410
		PS20215	0.839	0.477	0.585	0.050	0.002	0.055	0.531	Fuerte	0.481
		PS20412	0.684	0.179	0.201	0.050	0.002	0.055	0.190	Moderado	0.140
		PS20490	1.062	1.265	0.664	0.050	0.002	0.055	1.164	Fuerte	1.113
		PS20503	1.077	0.486	0.469	0.050	0.002	0.055	0.478	Fuerte	0.427
		PS201139	1.306	0.908	0.983	0.050	0.002	0.055	0.946	Fuerte	0.895
		PS201267	0.193	0.196	0.228	0.073	0.001	0.074	0.206	Moderado	0.372
	Durante la pandemia	PS21222	0.765	0.753	0.846	0.050	0.002	0.055	0.788	Fuerte	0.738
		PS21575	0.372	0.559	0.348	0.050	0.002	0.055	0.360	Fuerte	0.310
		PS21632	0.527	0.661	0.527	0.050	0.002	0.055	0.572	Fuerte	0.521
		PS21634	0.256	0.314	0.185	0.050	0.002	0.055	0.252	Fuerte	0.201
		PS21804	0.404	0.443	0.323	0.050	0.002	0.055	0.390	Fuerte	0.340
		PS21817	0.553	0.579	0.640	0.050	0.002	0.055	0.591	Fuerte	0.540
		PS21832	0.343	0.463	0.408	0.050	0.002	0.055	0.405	Fuerte	0.354

OD: Densidad óptica. SD: Desviación estándar. ODc = OD blanco + 3 SD blanco.

ANEXO 3. Mediciones de los ensayos de motilidad de *P. aeruginosa*

Periodo	Cepa	Motilidad por nado				Motilidad por contracción			
		d1 (cm)	d2 (cm)	dx (cm)	Área (cm ²)	d1 (cm)	d2 (cm)	dx (cm)	Área (cm ²)
Antes de pandemia	PS2098	2.2	2.45	2.325	4.246	0.55	0.6	0.575	0.260
	PS20215	2.2	2.45	2.325	4.246	1.7	1.9	1.8	2.545
	PS20412	2.55	2.95	2.75	5.940	1.85	1.95	1.9	2.835
	PS20490	1.9	1.8	1.85	2.688	2.1	2.4	2.25	3.976
	PS20503	1.55	1.15	1.35	1.431	1.4	1.3	1.35	1.431
	PS201139	2	2.25	2.125	3.547	1.3	1.45	1.375	1.485
	PS201267	FH	FH	-	-	2.7	2.6	2.65	5.515
Durante la pandemia	PS21222	0.7	0.75	0.725	0.413	1.75	1.55	1.65	2.138
	PS21575	FH	FH	-	-	2.45	2.55	2.5	4.909
	PS21632	0.9	1.4	1.15	1.039	1.6	1.85	1.725	2.337
	PS21634	FH	FH	-	-	2.2	2.05	2.125	3.547
	PS21804	3.25	3.05	3.15	7.793	2.2	2.5	2.35	4.337
	PS21817	FH	FH	-	-	ND	ND	-	-
	PS21832	0.45	0.4	0.425	0.142	1	0.85	0.925	0.672

FH: Fenotipo hípermóvil. ND: No definido. d1: Diámetro medio de la primera réplica.
d2: Diámetro medio de la segunda réplica. dx: Diámetro promedio.

ANEXO 4. Alineamiento en CARD y ResFinder para análisis del resistoma de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*.

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
A20511	8_114	128469	129257	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
	19_13	12767	13603	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
	19_14	13603	14448	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
	44_2	133	906	-	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
	44_8	5595	6386	-	Perfecto	<i>aadA</i>	100	3002601	AMG	100
	44_10	7169	7801	-	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
	84_1	50	865	-	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100
	2_215	218700	219524	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100
	43_12	7551	8378	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
	10_117	136740	137891	-	Perfecto	<i>bla_{ADC-73}</i>	100	3004634	CFP	100.52
	44_7	5084	5431	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	23_55	57597	58901	+	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
	21_8	6758	9472	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100
	33_19	18855	21074	+	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
	7_52	55473	56921	-	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79
	7_53	56934	60113	-	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100
	7_54	60120	61340	-	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100
	7_56	61556	62569	+	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78
	24_1	121	864	+	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100
	40_3	4407	5804	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100
	7_61	65878	66207	-	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100
	26_21	20643	22151	-	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03
	9_41	43840	45090	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	9_42	45103	48279	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	9_43	48279	49733	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	22_64	61502	62131	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.05	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	96.77
	1_187	196891	197991	+	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100
	44_9	6444	7076	-	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100
	5_12	9510	10799	-	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100
	44_6	4251	5090	-	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100
19_8	8177	9394	-	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
19_9	9476	10099	+	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A20912	9_113	126317	127105	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
	14_44	45439	46275	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
	14_45	46275	47120	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
	40_7	5788	6561	-	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
	40_12	11251	12030	-	Estricto	<i>aadA</i>	99.61	3002601	AMG	98.48
	40_14	12825	13457	-	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
	60_1	50	865	-	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100
	20_64	65586	66410	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100
	61_1	15	845	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-237}</i>	100	3001678	CPN; CFP; PAM	101.45
	31_27	33577	34728	-	Perfecto	<i>bla_{ADC-30}</i>	100	3004617	CFP	100.52
	40_11	10740	11087	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	16_91	96530	97834	+	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
	2_68	92789	95503	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100
	14_19	18855	21074	+	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
	8_103	103010	104023	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78
	8_105	104239	105459	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100
	8_106	105466	108645	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100
	8_107	108658	110106	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79
	21_59	53835	54578	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100
	21_60	54724	55914	+	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100
	21_62	59098	60495	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100
	40_3	1074	1958	-	Perfecto	<i>mphE</i>	100	3003741	MAC	100
	8_98	99372	99701	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100
	25_21	20673	22181	-	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03
	10_40	43787	45037	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	10_41	45050	48226	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	10_42	48226	49680	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	40_4	2014	3489	-	Perfecto	<i>msrE</i>	100	3003109	MAC; EST	100
	56_1	23	883	-	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100
	1_148	166248	167348	-	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100
40_13	12100	12732	-	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
A20912	7_163	169887	171176	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
	40_10	9907	10746	-	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100	
	14_39	40849	42066	-	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
	14_40	42148	42771	+	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A20997	8_114	130107	130895	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIC</i>	70.16	3004091	AMG	101.16	
	37_1	1	834	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	103.75	
	37_2	834	1670	+	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100	
	37_13	13269	13841	+	Perfecto	<i>AAC(6'')-Iaa</i>	100	3003200	AMG	100	
	4_156	161977	162801	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-65}</i>	100	3001614	CPN; CFP; PAM	100	
	9_147	161673	162494	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-239}</i>	100	3001498	CPN; CFP; PAM	103.3	
	12_1	1	1161	+	Estricto	<i>bla_{ADC-214}</i>	99.74	3006383	CFP	100.78	
	34_20	21351	22655	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100	
	13_85	82682	85396	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100	
	17_19	18815	21034	+	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100	
	1_205	222386	223732	+	Perfecto	<i>abeM</i>	100	3000753	FLU; DSA	100	
	26_34	33373	36552	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.53	3000777	FLU; TET	100	
	18_65	64832	65575	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
	26_25	27280	27609	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
	16_72	74132	75640	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.78	3004577	MAC; DSA	102.03	
	7_134	116194	116847	-	Estricto	<i>adeN</i>	98.62	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	14_39	42320	43570	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	14_40	43583	46759	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	14_41	46759	48213	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	1_167	179935	181035	+	Estricto	<i>lpsB</i>	98.36	3005051	PEP	100	
	11_119	123992	125281	-	Estricto	<i>abaF</i>	99.77	3004573	FOS	100	
	37_17	16227	17042	-	Perfecto	<i>sul2</i>	100	3000412	SUL	102.21	
	A201742	20_20	19067	19903	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
		20_21	19903	20748	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
		26_14	15428	16216	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIC</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
		54_2	904	1536	+	Estricto	<i>AAC(6'')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
		54_4	2319	3110	+	Perfecto	<i>aadA</i>	100	3002601	AMG	100
		54_10	7799	8572	+	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
		110_1	50	865	-	Perfecto	<i>APH(3'')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100
		2_206	216059	216883	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100
		99_1	4	831	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
		33_1	10	1161	+	Perfecto	<i>bla_{ADC-73}</i>	100	3004634	CFP	100.78
		54_5	3274	3621	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
		53_2	1048	2352	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
		8_117	120087	122801	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100
		39_6	5213	7432	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
		10_62	60185	61198	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78
10_64		61414	62634	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100	
10_65		62641	65820	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100	
10_66		65833	67281	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79	
46_3		4408	5805	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100	
83_1		122	865	+	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
10_57		56547	56876	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
40_3		1974	3482	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03	
15_1		3	632	-	Estricto	<i>adeN</i>	99.05	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	96.77	
23_40		41184	42434	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
23_41		42447	45623	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
23_42		45623	47077	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
89_2		704	1564	+	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
1_187		196789	197889	+	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	
54_3		1629	2261	+	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	
3_163		169887	171176	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
54_6		3615	4454	+	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100	
20_15		14477	15694	-	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
20_16		15776	16399	+	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A201836		34_10	7651	8439	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIC</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
		73_2	1119	1652	+	Estricto	<i>ANT(2'')-Ia</i>	98.31	3000230	AMG	100
		73_3	1710	2498	+	Estricto	<i>aadA5</i>	99.62	3002605	AMG	100
		107_1	94	873	+	Estricto	<i>APH(3'')-VIa</i>	96.14	3002652	AMG	100
		11_105	89863	90687	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-65}</i>	100	3001614	CPN; CFP; PAM	100
73_4		2933	3760	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-2}</i>	100	3001397	CPN; CFP; PAM	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
A201836	76_1	398	1225	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
	88_1	1	1161	+	Estricto	<i>bla_{ADC-5}</i>	99.74	3003851	CFP	100.78
	73_6	4216	4563	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	7_31	32244	34958	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.67	3003817	FLU	100
	52_19	18880	21099	+	Estricto	<i>parC</i>	99.86	3003818	FLU	100
	1_80	91104	92450	-	Perfecto	<i>abeM</i>	100	3000753	FLU; DSA	100
	35_5	2340	5519	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.53	3000777	FLU; TET	100
	68_10	9874	10203	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100
	42_30	32728	34236	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03
	14_29	27687	28340	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	21_39	41965	43215	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	21_40	43228	46404	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	21_41	46404	47858	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	73_1	181	1041	+	Perfecto	<i>bla_{TEM-1B}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100
	1_118	133703	134803	-	Estricto	<i>lpsB</i>	98.36	3005051	PEP	100
	30_29	25469	26758	-	Estricto	<i>abaF</i>	99.77	3004573	FOS	100
	15_1	1	834	+	Estricto	<i>sul2</i>	99.63	3000412	SUL	102.21
	73_7	4557	5396	+	Perfecto	<i>sul1</i>	100	3000410	SUL	100
	15_5	3709	4884	-	Estricto	<i>tet(D)</i>	53.03	3000168	TET	99.24
	A201863	23_18	23730	24518	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIC</i>	70.16	3004091	AMG
51_5		3220	3792	+	Perfecto	<i>AAC(6')-Ia</i>	100	3003200	AMG	100
51_16		15391	16227	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
51_17		16227	17060	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	103.75
79_1		141	920	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ia</i>	96.14	3002652	AMG	100
3_156		161977	162801	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-65}</i>	100	3001614	CPN; CFP; PAM	100
49_15		19296	20117	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-239}</i>	100	3001498	CPN; CFP; PAM	103.3
57_3		1738	2565	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
7_121		142994	144154	-	Estricto	<i>bla_{ADC-214}</i>	99.74	3006383	CFP	100.78
42_12		9439	10743	+	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
15_19		18815	21034	+	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
27_26		24504	27218	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.67	3003817	FLU	100
1_108		123541	124887	-	Perfecto	<i>abeM</i>	100	3000753	FLU; DSA	100
33_34		33373	36552	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.53	3000777	FLU; TET	100
16_16		19012	19755	+	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100
33_25		27280	27609	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100
14_72		74131	75639	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.78	3004577	MAC; DSA	102.03
13_45		44566	46020	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
13_46		46020	49196	-	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
13_47		49209	50459	-	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
22_38	36469	37122	-	Estricto	<i>adeN</i>	98.62	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
1_146	166140	167240	-	Estricto	<i>lpsB</i>	98.36	3005051	PEP	100	
6_119	123610	124899	-	Estricto	<i>abaF</i>	99.77	3004573	FOS	100	
51_1	19	834	+	Perfecto	<i>sul2</i>	100	3000412	SUL	102.21	
A201884	6_41	35347	36135	-	Estricto	<i>ANT(3'')-IIC</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
	14_57	58666	59511	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
	14_58	59511	60347	+	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
	48_2	904	1536	+	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
	48_4	2331	3110	+	Estricto	<i>aadA</i>	99.61	3002601	AMG	98.48
	48_9	7800	8573	+	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
	77_1	50	865	-	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100
	18_64	65505	66329	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100
	54_3	1711	2538	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
	78_1	13	843	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-237}</i>	100	3001678	CPN; CFP; PAM	101.45
	34_1	9	1160	+	Perfecto	<i>bla_{ADC-30}</i>	100	3004617	CFP	100.52
	48_5	3274	3621	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	55_2	1048	2352	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
	3_168	181711	184425	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100
	14_83	84712	86931	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
	7_103	103010	104023	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78
	7_105	104239	105459	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100
	7_106	105466	108645	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100
	7_107	108658	110106	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79
	19_11	12187	13584	-	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100
19_13	16768	17958	-	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100	
19_14	18104	18847	+	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
A201884	48_13	12403	13287	+	Perfecto	<i>mphE</i>	100	3003741	MAC	100	
	7_98	99372	99701	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
	25_21	20661	22169	-	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03	
	11_63	68929	70383	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	11_64	70383	73559	-	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	11_65	73572	74822	-	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	48_12	10872	12347	+	Perfecto	<i>msrE</i>	100	3003109	MAC; EST	100	
	70_1	23	883	-	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
	1_148	166082	167182	-	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	
	48_3	1629	2261	+	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	
	10_109	117071	118360	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
	48_6	3615	4454	+	Perfecto	<i>sul1</i>	100	3000410	SUL	100	
	14_63	63720	64937	+	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
	14_62	63015	63638	-	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A202386	7_68	79792	80580	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16	
	67_2	1119	1652	+	Estricto	<i>ANT(2'')-Ia</i>	98.31	3000230	AMG	100	
	67_3	1710	2498	+	Estricto	<i>aadA5</i>	99.62	3002605	AMG	100	
	98_1	336	1115	-	Estricto	<i>APH(3')-VIa</i>	96.14	3002652	AMG	100	
	1_194	192452	193276	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-65}</i>	100	3001614	CPN; CFP; PAM	100	
	67_4	2933	3760	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-2}</i>	100	3001397	CPN; CFP; PAM	100	
	71_12	7552	8379	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100	
	4_1	1	1161	+	Estricto	<i>bla_{ADC-5}</i>	99.74	3003851	CFP	100.78	
	67_6	4216	4563	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
	9_32	32245	34959	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.67	3003817	FLU	100	
	47_6	5076	7295	-	Estricto	<i>parC</i>	99.86	3003818	FLU	100	
	2_80	91105	92451	-	Perfecto	<i>abeM</i>	100	3000753	FLU; DSA	100	
	32_5	2341	5520	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.53	3000777	FLU; TET	100	
	16_6	3429	3758	-	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
	33_2	1441	2949	-	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03	
	11_50	52574	53227	-	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	20_17	14407	15861	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	20_18	15861	19037	-	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	20_19	19050	20300	-	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	67_1	181	1041	+	Perfecto	<i>bla_{TEM-1B}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
	2_118	133802	134902	-	Estricto	<i>lpsB</i>	98.36	3005051	PEP	100	
	13_18	19414	20703	+	Estricto	<i>abaF</i>	99.77	3004573	FOS	100	
	15_1	1	834	+	Estricto	<i>sul2</i>	99.63	3000412	SUL	102.21	
	67_7	4557	5396	+	Perfecto	<i>sul1</i>	100	3000410	SUL	100	
	15_5	3709	4884	-	Estricto	<i>tet(D)</i>	53.03	3000168	TET	99.24	
	A2112	1_187	196811	197911	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
		2_240	266295	267446	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
		4_218	230007	231296	+	Estricto	<i>APH(3'')-VIa</i>	96.14	3002652	AMG	100
		5_91	101283	102587	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
		6_215	218700	219524	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100
		8_115	127464	128252	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
		9_41	43836	45086	+	Perfecto	<i>bla_{ADC-73}</i>	100	3004634	CFP	100.78
		9_42	45099	48275	+	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
9_43		48275	49729	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100	
18_56		60518	61966	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100	
18_57		61979	65158	-	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100	
18_58		65165	66385	-	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100	
19_1		3	1199	-	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79	
19_6		4572	5408	-	Estricto	<i>adeL</i>	99.7	3000620	FLU; TET	101.78	
19_7		5408	6253	-	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100	
23_21		20679	22187	-	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100	
27_38		37371	37700	+	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
27_43		41009	42040	-	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
29_9		10513	11910	-	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03	
29_11		15094	16284	-	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
29_12		16430	17173	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
31_1		3	632	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
36_14		10154	10933	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.05	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	96.77	
43_1		398	1225	+	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	
61_2		626	1441	-	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
2_8		6758	9472	+	Perfecto	<i>sul2</i>	100	3000412	SUL	102.58	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
A2112	30_19	18854	21073	+	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	99.5
	19_2	1281	1904	+	Estricto	<i>terR</i>	100	3003479	TET	99.52
A21273	13_46	48289	49125	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
	13_47	49125	49970	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
	14_41	35347	36135	-	Estricto	<i>ANT(3'')-Iic</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
	42_2	904	1536	+	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
	42_4	2331	3110	+	Estricto	<i>aadA</i>	99.61	3002601	AMG	98.48
	42_9	7799	8572	+	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
	70_1	67	882	+	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100
	3_64	65586	66410	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100
	56_1	35	856	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-398}</i>	100	3001584	CPN; CFP; PAM	104.03
	4_1	10	1161	+	Perfecto	<i>bla_{ADC-30}</i>	100	3004617	CFP	100.78
	42_5	3274	3621	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	7_2	1048	2352	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
	4_234	257984	260698	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100
	13_19	18855	21074	+	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
	11_63	61594	62607	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78
	11_65	62823	64043	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100
	11_66	64050	67229	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100
	11_67	67242	68690	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79
	18_59	53835	54578	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100
	18_60	54724	55914	+	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100
	18_62	59098	60495	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100
	42_13	12402	13286	+	Perfecto	<i>mphE</i>	100	3003741	MAC	100
	11_58	57956	58285	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100
	25_22	24373	25881	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03
	7_153	155492	156145	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	9_40	43787	45037	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	9_41	45050	48226	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	9_42	48226	49680	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	42_12	10871	12346	+	Perfecto	<i>msrE</i>	100	3003109	MAC; EST	100
	59_1	23	883	-	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100
	1_187	196811	197911	+	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100
	42_3	1629	2261	+	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100
	6_12	9511	10800	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100
42_6	3615	4454	+	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100	
13_41	43699	44916	-	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
13_42	44998	45621	+	Estricto	<i>terR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A21315	1_146	154017	154841	+	Perfecto	<i>AAC(6')-Ian</i>	100	3003200	AMG	100
	3_19	17429	18529	-	Estricto	<i>ANT(3'')-Iic</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
	4_23	20914	21567	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	103.75
	9_81	91977	93323	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
	11_52	55990	59169	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-65}</i>	100	3001614	CPN; CFP; PAM	100
	11_61	64933	65262	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100
	23_18	17343	18797	-	Estricto	<i>bla_{ADC-214}</i>	99.74	3006383	CFP	100
	23_19	18797	21973	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100
	23_20	21986	23236	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100
	28_39	34557	35345	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100
	44_24	31672	32823	-	Perfecto	<i>abeM</i>	100	3000753	FLU; DSA	100
	45_21	21362	22651	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.53	3000777	FLU; TET	100
	47_29	29043	30521	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100
	50_9	7517	8821	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.78	3004577	MAC; DSA	100
	58_1	1	834	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	58_2	834	1670	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	58_13	13269	13841	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	58_17	16227	17042	-	Estricto	<i>adeN</i>	98.62	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100
	70_7	6079	6906	-	Estricto	<i>lpsB</i>	98.36	3005051	PEP	100
	2_109	110143	112857	-	Estricto	<i>abaF</i>	99.77	3004573	FOS	100
	26_52	53796	56015	-	Perfecto	<i>sul2</i>	100	3000412	SUL	102.21
A21329	18_58	59157	60002	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
	18_59	60002	60838	+	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
	22_20	25187	25975	+	Estricto	<i>ANT(3'')-Iic</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
	56_2	904	1536	+	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	95.71	3002580	AMG	103.45
	56_4	2319	3110	+	Perfecto	<i>aadA</i>	100	3002601	AMG	100
56_10	7799	8572	+	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
A21329	95_1	50	865	-	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100	
	1_64	65586	66410	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100	
	54_12	7551	8378	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100	
	33_31	36391	37542	-	Perfecto	<i>bla_{ADC-73}</i>	100	3004634	CFP	100.78	
	56_5	3274	3621	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
	52_2	1048	2352	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100	
	3_8	6759	9473	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100	
	38_12	10645	12864	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100	
	6_103	102860	103873	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78	
	6_105	104089	105309	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100	
	6_106	105316	108495	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100	
	6_107	108508	109956	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79	
	15_59	53834	54577	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
	15_60	54723	55913	+	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100	
	15_62	59097	60494	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100	
	6_98	99222	99551	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
	29_22	24373	25881	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03	
	19_15	14216	15670	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	19_16	15670	18846	-	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	19_17	18859	20109	-	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	21_64	61597	62226	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.05	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	96.77	
	2_148	166248	167348	-	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	
	56_3	1629	2261	+	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	
	5_12	9511	10800	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
	56_6	3615	4454	+	Perfecto	<i>sull</i>	100	3000410	SUL	100	
	18_64	64211	65410	+	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	99.75	
	18_63	63506	64129	-	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
	A21621	12_58	59157	60002	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
		12_59	60002	60838	+	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
		13_49	57212	58000	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
		45_11	8866	9639	-	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
		45_16	14328	15107	-	Estricto	<i>aadA</i>	99.61	3002601	AMG	98.48
		45_18	15902	16534	-	Estricto	<i>AAC(6'')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
85_1		67	882	+	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100	
2_213		216118	216942	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100	
70_4		1590	2411	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-398}</i>	100	3001584	CPN; CFP; PAM	104.03	
3_240		266296	267447	-	Perfecto	<i>bla_{ADC-30}</i>	100	3004617	CFP	100.78	
45_15		13817	14164	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
11_114		116302	117606	+	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100	
3_8		6759	9473	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100	
12_86		88053	90272	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100	
10_62		60185	61198	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78	
10_64		61414	62634	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100	
10_65		62641	65820	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100	
10_66		65833	67281	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79	
19_59		53835	54578	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
19_60		54724	55914	+	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100	
19_62		59098	60495	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100	
45_7		4152	5036	-	Perfecto	<i>mphE</i>	100	3003741	MAC	100	
10_57		56547	56876	+	Estricto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
25_22		24373	25881	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	102.03	
8_89		97302	98756	-	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
8_90		98756	101932	-	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
8_91		101945	103195	-	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
27_36		36748	37401	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
45_8		5092	6567	-	Perfecto	<i>msrE</i>	100	3003109	MAC; EST	100	
72_2		704	1564	+	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
1_187		196789	197889	+	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	
45_17		15177	15809	-	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	
6_163		169887	171176	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
45_14		12984	13823	-	Perfecto	<i>sull</i>	100	3000410	SUL	100	
12_64		64211	65428	+	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
12_63		63506	64129	-	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A21668		7_116	127774	128562	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
		11_44	45439	46275	-	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
A21668	11_45	46275	47120	-	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24	
	42_10	8104	8877	-	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100	
	42_15	13566	14345	-	Estricto	<i>aadA</i>	99.61	3002601	AMG	98.48	
	42_17	15140	15772	-	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45	
	81_1	50	865	-	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100	
	2_215	218701	219525	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100	
	50_1	399	1226	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100	
	3_1	1	1164	+	Estricto	<i>bla_{ADC-198}</i>	99.74	3006367	CFP	100.78	
	42_14	13055	13402	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
	23_2	1048	2352	-	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100	
	3_234	257987	260701	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100	
	11_19	18855	21074	+	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100	
	17_58	67751	69199	-	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79	
	17_59	69212	72391	-	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100	
	17_60	72398	73618	-	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100	
	17_62	73834	74847	+	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78	
	19_59	53835	54578	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
	19_60	54724	55914	+	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100	
	19_62	59098	60495	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100	
	42_6	3390	4274	-	Perfecto	<i>mphE</i>	100	3003741	MAC	100	
	17_67	78156	78485	-	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
	37_23	24403	25881	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	100	
	13_88	89623	90276	+	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	24_40	43794	45044	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	24_41	45057	48233	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	24_42	48233	49687	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	42_7	4330	5805	-	Perfecto	<i>msrE</i>	100	3003109	MAC; EST	100	
	69_1	23	883	-	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
	1_130	143975	145075	-	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	
	42_16	14415	15047	-	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	
	28_37	36868	38157	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
	42_13	12222	13061	-	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100	
	11_39	40849	42066	-	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
	11_40	42148	42771	+	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
	A21671	7_116	127774	128562	+	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16
		11_58	59157	60002	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.25	3002639	AMG	105.24
		11_59	60002	60838	+	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100
		46_10	8104	8877	-	Perfecto	<i>armA</i>	100	3000858	AMG	100
		46_15	13566	14345	-	Estricto	<i>aadA</i>	99.61	3002601	AMG	98.48
		46_17	15140	15772	-	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	96.19	3002580	AMG	103.45
78_1		67	882	+	Perfecto	<i>APH(3')-Ia</i>	100	3002641	AMG	100	
3_9		6431	7255	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-66}</i>	100	3001615	CPN; CFP; PAM	100	
52_12		7551	8378	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100	
2_240		266296	267459	-	Estricto	<i>bla_{ADC-198}</i>	99.74	3006367	CFP	100.78	
46_14		13055	13402	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
21_61		63527	64831	+	Perfecto	<i>abaQ</i>	100	3004574	FLU	100	
2_8		6759	9473	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.78	3003817	FLU	100	
11_84		85203	87422	-	Estricto	<i>parC</i>	100	3003818	FLU	100	
17_12		9743	10756	-	Perfecto	<i>adeL</i>	100	3000620	FLU; TET	101.78	
17_14		10972	12192	+	Perfecto	<i>adeG</i>	100	3000778	FLU; TET	100	
17_15		12199	15378	+	Estricto	<i>adeF</i>	99.81	3000777	FLU; TET	100	
17_16		15391	16839	+	Estricto	<i>adeH</i>	99.59	3000779	FLU; TET	99.79	
19_59		53835	54578	-	Estricto	<i>adeR</i>	99.19	3000553	GLC; TET	100	
19_60		54724	55914	+	Perfecto	<i>adeA</i>	100	3000774	GLC; TET	100	
19_62		59098	60495	+	Perfecto	<i>adeC</i>	100	3003811	GLC; TET	100	
46_6		3390	4274	-	Perfecto	<i>mphE</i>	100	3003741	MAC	100	
17_7		6105	6434	+	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
39_2		1438	2916	-	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	100	
8_40		43131	44381	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
8_41		44394	47570	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
8_42		47570	49024	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
35_6		4418	5071	-	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
46_7		4330	5805	-	Perfecto	<i>msrE</i>	100	3003109	MAC; EST	100	
69_2		704	1564	+	Perfecto	<i>bla_{TEM-1D}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
1_130		143975	145075	-	Estricto	<i>lpsB</i>	97.81	3005051	PEP	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
A21671	46_16	14415	15047	-	Perfecto	<i>catB8</i>	100	3002680	FEN	100	
	28_37	36868	38157	+	Perfecto	<i>abaF</i>	100	3004573	FOS	100	
	46_13	12222	13061	-	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100	
	11_64	64211	65428	+	Estricto	<i>tet(B)</i>	99.5	3000166	TET	101	
	11_63	63506	64129	-	Estricto	<i>tetR</i>	100	3003479	TET	99.52	
A21841	22_41	35348	36136	-	Estricto	<i>ANT(3'')-IIc</i>	70.16	3004091	AMG	101.16	
	66_2	1119	1652	+	Estricto	<i>ANT(2'')-Ia</i>	98.31	3000230	AMG	100	
	66_3	1710	2498	+	Estricto	<i>aadA5</i>	99.62	3002605	AMG	100	
	110_1	94	873	+	Estricto	<i>APH(3')-VIa</i>	96.14	3002652	AMG	100	
	2_147	153826	154650	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-65}</i>	100	3001614	CPN; CFP; PAM	100	
	66_4	2933	3760	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-2}</i>	100	3001397	CPN; CFP; PAM	100	
	73_12	7552	8379	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-72}</i>	100	3001705	CPN; CFP; PAM	100	
	5_1	1	1161	+	Estricto	<i>bla_{ADC-5}</i>	99.74	3003851	CFP	100.78	
	66_6	4216	4563	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
	11_79	77656	80370	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.67	3003817	FLU	100	
	45_19	18853	21072	+	Estricto	<i>parC</i>	99.86	3003818	FLU	100	
	1_135	147282	148628	+	Perfecto	<i>abeM</i>	100	3000753	FLU; DSA	100	
	65_6	6366	9545	-	Estricto	<i>adeF</i>	99.53	3000777	FLU; TET	100	
	15_6	3429	3758	-	Perfecto	<i>abeS</i>	100	3000768	MAC; AMC	100	
	12_14	14448	15926	+	Estricto	<i>amvA</i>	98.98	3004577	MAC; DSA	100	
	12_65	69973	70626	-	Estricto	<i>adeN</i>	99.08	3000559	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	20_39	41965	43215	+	Perfecto	<i>adeI</i>	100	3000780	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	20_40	43228	46404	+	Estricto	<i>adeJ</i>	99.91	3000781	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	20_41	46404	47858	+	Perfecto	<i>adeK</i>	100	3000782	MAC; FLU; LIN; CPN; CFP; TET; RIF; DMP; FEN; PEM	100	
	66_1	181	1041	+	Perfecto	<i>bla_{TEM-1B}</i>	100	3000873	MON; CFP; PAM; PEM	100	
	1_97	104831	105931	+	Estricto	<i>lpsB</i>	98.36	3005051	PEP	100	
	14_64	66211	67500	-	Estricto	<i>abaF</i>	99.77	3004573	FOS	100	
	19_1	1	834	+	Estricto	<i>sul2</i>	99.63	3000412	SUL	102.21	
	66_7	4557	5396	+	Perfecto	<i>sulI</i>	100	3000410	SUL	100	
	162_3	1577	2383	+	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.88	3002645	AMG	100	
	PS2098	16_14	15410	15742	-	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
		76_9	10129	11337	+	Estricto	<i>bcr-1</i>	99.75	3003801	BIC	100
		2_92	102410	103198	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-847}</i>	100	3006040	CPN; CFP; PAM	100
		16_31	36297	37745	-	Estricto	<i>OpmH</i>	97.3	3003682	DSA	100
		120_3	1453	2605	-	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82
120_2		386	1456	-	Estricto	<i>TriB</i>	99.72	3003680	DSA	100	
52_5		3031	4464	+	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100	
41_36		33832	34170	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100	
135_3		2598	3842	+	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100	
135_4		3864	7052	+	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100	
135_1		213	1232	-	Estricto	<i>MexS</i>	99.71	3000813	FLU; DMP; FEN	100	
135_2		1453	2367	+	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61	
135_5		7049	8467	+	Perfecto	<i>OprN</i>	100	3000805	FLU; DMP; FEN	100	
7_46		50735	50920	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100	
176_6		7502	7948	-	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100	
176_5		6382	7494	-	Estricto	<i>MexH</i>	99.73	3000807	FLU; TET; DSA	100	
176_4		3280	6369	-	Estricto	<i>MexI</i>	99.81	3000808	FLU; TET; DSA	100	
176_3		1820	3283	-	Estricto	<i>OpmD</i>	99.79	3000809	FLU; TET; DSA	100	
97_20		16873	17694	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15	
170_3		4485	5642	-	Estricto	<i>mexP</i>	99.74	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
170_2		1327	4488	-	Estricto	<i>mexQ</i>	99.91	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
146_8		6887	10024	-	Estricto	<i>mexY</i>	93.59	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9	
146_10		11394	12026	+	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100	
15_30		39083	40147	+	Estricto	<i>MexC</i>	98.87	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47	
15_31		40175	43306	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.52	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
15_32		43312	44751	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.16	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
15_29		38260	38823	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
35_2		2169	3626	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100	
119_1		153	830	-	Perfecto	<i>CpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100	
59_3		2532	3239	-	Perfecto	<i>ParR</i>	100	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100	
59_2		1245	2531	-	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	FEN; PEM; DSA	100	
12_9		9477	9638	-	Perfecto	<i>ArmR</i>	100	3004056		100	
35_4		6784	7935	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100	
35_3		3628	6768	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
35_6		8335	8652	+	Estricto	<i>MexR</i>	99.05	3000506		71.43	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
PS2098	12_11	10276	10917	+	Estricto	<i>nalC</i>	100	3000818	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100	
	18_17	15174	15812	-	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
	27_39	39959	41089	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100	
	27_38	36852	39908	-	Estricto	<i>MexW</i>	99.9	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100	
	80_9	13120	14400	-	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100	
	80_8	9992	13123	-	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100	
	80_7	6885	9995	-	Estricto	<i>MuxC</i>	99.81	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100	
	80_6	5389	6888	-	Estricto	<i>OpmB</i>	98.8	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100.2	
	18_38	38314	40302	-	Estricto	<i>arnA</i>	99.55	3002985	MAC; PEP	100	
	6_65	73488	74591	-	Perfecto	<i>MexJ</i>	100	3003692	MAC; TET; DSA	100	
	6_64	70406	73483	-	Perfecto	<i>MexK</i>	100	3003693	MAC; TET; DSA	100	
	6_66	74687	75325	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100	
	24_71	68430	69623	+	Perfecto	<i>bla_{ppc-1}</i>	100	3002497	MON; CPN; CFP	100	
	9_13	11873	12538	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100	
	9_12	10416	11849	-	Estricto	<i>basS</i>	99.79	3003583	PEP	100	
	67_7	6316	6987	+	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100	
	67_8	6984	8279	+	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100	
	33_1	158	1315	+	Estricto	<i>mexM</i>	99.22	3003704	FEN	100	
	33_2	1312	4422	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.9	3003705	FEN	100	
	100_15	13192	13830	-	Perfecto	<i>catB7</i>	100	3002679	FEN	100	
	64_11	8716	9123	-	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
	PS20215	4_11	14440	14994	+	Perfecto	<i>AAC(6')-33</i>	100	3002587	AMG	100
		4_14	17670	18449	+	Estricto	<i>aadA</i>	99.23	3002601	AMG	98.48
		23_44	52195	53001	-	Estricto	<i>APH(3')-IIB</i>	99.25	3002645	AMG	100
36_31		35302	35634	+	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100	
4_12		15157	16020	+	Perfecto	<i>bla_{GES-20}</i>	100	3002349	CPN; CFP; PAM	100	
4_13		16794	17621	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-2}</i>	100	3001397	CPN; CFP; PAM	100	
4_80		88851	89639	-	Estricto	<i>bla_{OXA-846}</i>	99.62	3005130	CPN; CFP; PAM	100	
36_13		13429	14877	+	Estricto	<i>OpmH</i>	99.79	3003682	DSA	100	
4_15		18613	18960	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
5_15		14624	15727	+	Estricto	<i>TriA</i>	99.18	3003679	DSA	95.82	
5_16		15724	16794	+	Perfecto	<i>TriB</i>	100	3003680	DSA	100	
5_17		16791	19838	+	Estricto	<i>TriC</i>	99.9	3003681	DSA	100	
17_29		30869	33634	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.57	3003684	FLU	99.78	
56_6		5836	7269	+	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100	
34_39		23438	23908	+	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100	
57_19		14934	15272	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100	
199_3		1542	2786	+	Estricto	<i>MexE</i>	99.28	3000803	FLU; DMP; FEN	100	
199_4		2808	5996	+	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100	
199_1		3	176	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	17.11	
199_2		397	1311	+	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61	
39_41		45579	45764	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100	
220_1		191	637	+	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100	
220_2		645	1757	+	Estricto	<i>MexH</i>	99.73	3000807	FLU; TET; DSA	100	
234_2		187	1650	+	Estricto	<i>OpmD</i>	99.18	3000809	FLU; TET; DSA	100	
81_6		5142	5963	+	Estricto	<i>vanW</i>	32.33	3002965	GLU	97.15	
60_4		2913	4070	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.48	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
60_5		4067	7228	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.62	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
60_6		7225	8700	+	Estricto	<i>opmE</i>	99.39	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
78_23		19537	22674	+	Estricto	<i>mexY</i>	93.5	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9	
78_21		17552	18166	-	Estricto	<i>MexZ</i>	96.19	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	97.14	
2_74		81755	82819	+	Estricto	<i>MexC</i>	98.59	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47	
2_75		82847	85978	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
2_76		85984	87423	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.58	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
2_73		80932	81495	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
105_2		2094	3551	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100	
8_100		96365	97042	-	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100	
64_27		32430	33137	+	Estricto	<i>ParR</i>	99.15	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100	
64_28		33138	34424	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	FEN; PEM; DSA	100	
10_82		77957	78118	-	Estricto	<i>ArmR</i>	98.11	3004056		100	
105_4		6709	7860	-	Estricto	<i>MexA</i>	99.74	3000377		100	
105_3	3553	6693	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100		
105_5	8135	8578	+	Estricto	<i>MexR</i>	99.32	3000506	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100		
10_84	78756	79397	+	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818		100		
9_16	16069	16707	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819		100		

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS20215	7_93	103317	104447	+	Estricto	<i>MexV</i>	99.47	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	7_94	104498	107554	+	Estricto	<i>MexW</i>	99.9	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	79_19	23446	26577	-	Estricto	<i>MuxB</i>	99.9	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	79_18	20339	23449	-	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	79_17	18846	20342	-	Estricto	<i>OpmB</i>	99.8	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100
	142_5	4346	6334	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.4	3002985	MAC; PEP	100
	10_40	31528	32631	-	Estricto	<i>MexJ</i>	99.46	3003692	MAC; TET; DSA	100
	10_39	28446	31523	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.71	3003693	MAC; TET; DSA	100
	10_41	32727	33365	+	Estricto	<i>MexL</i>	99.53	3003710	MAC; TET; DSA	100
	23_35	38646	39839	+	Perfecto	<i>bla_{ppc-19a}</i>	100	3005295	MON; CPN; CFP	100
	130_13	12113	12778	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	130_12	10656	12089	-	Estricto	<i>basS</i>	99.16	3003583	PEP	100
	46_34	39538	40209	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	46_33	38246	39541	-	Estricto	<i>cprS</i>	99.54	3005064	PEP	100
	61_10	10655	11812	+	Estricto	<i>mexM</i>	98.7	3003704	FEN	100
	61_11	11809	14919	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.71	3003705	FEN	100
	22_39	51725	52363	-	Estricto	<i>catB7</i>	98.11	3002679	FEN	100
	125_11	8876	9283	+	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100
	4_16	18954	19793	+	Estricto	<i>sulI</i>	99.64	3000410	SUL	100
	4_22	24805	25980	-	Estricto	<i>tet(D)</i>	52.82	3000168	TET	99.24
PS20412	28_47	53481	54287	-	Estricto	<i>APH(3')-IIB</i>	99.25	3002645	AMG	100
	2_207	227584	227916	+	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	28_65	70992	72200	-	Perfecto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	100
	8_42	43772	44560	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-486}</i>	100	3003643	CPN; CFP; PAM	100
	2_190	205581	207029	+	Estricto	<i>OpmH</i>	97.51	3003682	DSA	100
	58_16	18444	19596	-	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82
	58_15	17377	18447	-	Estricto	<i>TriB</i>	99.72	3003680	DSA	100
	58_14	14333	17380	-	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100
	4_5	3127	4560	+	Estricto	<i>PmpM</i>	99.79	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	18_81	91493	91963	-	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	3_250	271710	272048	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	15_99	117726	118970	-	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	15_98	114516	117704	-	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100
	15_101	120336	121355	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100
	15_100	119201	120115	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	15_97	113101	114519	-	Perfecto	<i>OprN</i>	100	3000805	FLU; DMP; FEN	100
	7_61	56260	56445	-	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	60_21	24871	25317	+	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	60_22	25325	26437	+	Perfecto	<i>MexH</i>	100	3000807	FLU; TET; DSA	100
	60_23	26450	29539	+	Perfecto	<i>MexI</i>	100	3000808	FLU; TET; DSA	100
	60_24	29536	30999	+	Perfecto	<i>OpmD</i>	100	3000809	FLU; TET; DSA	100
	31_24	21449	22270	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	69_14	15372	16529	-	Perfecto	<i>mexP</i>	100	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	69_13	12214	15375	-	Estricto	<i>mexQ</i>	99.53	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	69_12	10742	12217	-	Estricto	<i>opmE</i>	98.78	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	39_34	36663	39800	-	Estricto	<i>mexY</i>	93.59	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	39_36	41171	41803	+	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	1_295	316630	317794	-	Perfecto	<i>MexC</i>	100	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	1_294	313471	316602	-	Estricto	<i>MexD</i>	95.52	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_293	312026	313465	-	Estricto	<i>OprJ</i>	99.58	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_296	317954	318517	+	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	12_42	47478	48935	+	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	5_171	184501	185178	-	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	57_3	2494	3201	-	Estricto	<i>ParR</i>	99.15	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	57_2	1207	2493	-	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	FEN; PEM; DSA	100
	3_142	156336	156497	-	Perfecto	<i>ArmR</i>	100	3004056		100
	12_40	43169	44320	+	Estricto	<i>MexA</i>	99.74	3000377		100
	12_41	44336	47476	+	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100
	12_39	42451	42894	-	Estricto	<i>MexR</i>	99.32	3000506	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	3_144	157248	157775	+	Estricto	<i>nalC</i>	98.86	3000818		82.16
35_49	59412	60050	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819		100	
1_67	64839	65969	+	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100	
1_68	66020	69076	+	Estricto	<i>MexW</i>	99.9	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100	
15_63	72421	73701	+	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100	
15_64	73698	76829	+	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS20412	15_65	76826	79936	+	Estricto	<i>MuxC</i>	99.9	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	15_66	79933	81429	+	Perfecto	<i>OpmB</i>	100	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100
	35_28	34922	36910	+	Perfecto	<i>arnA</i>	100	3002985	MAC; PEP	100
	3_100	109879	110982	-	Perfecto	<i>MexJ</i>	100	3003692	MAC; TET; DSA	100
	3_99	106797	109874	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.9	3003693	MAC; TET; DSA	100
	3_101	111078	111716	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100
	28_38	39932	41125	+	Estricto	<i>bla_{PDc}5</i>	99.75	3002502	MON; CPN; CFP; CFM; PAM	100
	20_13	12029	12694	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	20_12	10572	12005	-	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100
	19_35	39528	40199	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	19_34	38236	39531	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
	30_40	45211	46368	+	Estricto	<i>mexM</i>	98.7	3003704	FEN	100
	30_41	46365	49475	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100
	33_14	11468	12106	+	Estricto	<i>catB7</i>	99.06	3002679	FEN	100
6_21	21761	22168	-	Estricto	<i>FosA</i>	99.26	3000149	FOS	100	
PS20490	84_14	14104	14910	+	Estricto	<i>APH(3')-IIIb</i>	99.25	3002645	AMG	100
	18_34	47256	47588	-	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	209_4	1238	2446	-	Estricto	<i>bcr-1</i>	99.75	3003801	BIC	100
	7_3	2701	3489	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-494}</i>	100	3005727	CPN; CFP; PAM	100
	11_4	2779	4227	-	Estricto	<i>OpmH</i>	96.89	3003682	DSA	100
	80_7	6899	8002	+	Estricto	<i>TriA</i>	99.73	3003679	DSA	95.82
	80_8	7999	9069	+	Perfecto	<i>TriB</i>	100	3003680	DSA	100
	80_9	9066	12113	+	Estricto	<i>TriC</i>	99.9	3003681	DSA	100
	63_13	8958	10391	-	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	102_5	3623	4093	-	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	10_58	56085	56423	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	127_3	4228	5472	-	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	127_2	1018	4206	-	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100
	127_5	6838	7857	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100
	127_4	5703	6617	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	12_20	22425	22610	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	178_1	40	486	-	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	303_2	752	3841	-	Estricto	<i>MexI</i>	99.9	3000808	FLU; TET; DSA	100
	78_22	19082	19903	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	34_4	3188	4345	+	Perfecto	<i>mexP</i>	100	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	34_5	4342	7503	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.72	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	34_6	7500	8975	+	Estricto	<i>opmE</i>	99.39	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	101_7	5556	8693	-	Estricto	<i>mexY</i>	93.5	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	101_9	10064	10696	+	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	135_9	11473	12537	+	Estricto	<i>MexC</i>	99.44	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	135_10	12565	15696	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	135_8	10650	11213	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	87_12	9851	10528	+	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	47_27	32443	33150	+	Perfecto	<i>ParR</i>	100	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	47_28	33151	34437	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	31_3	3983	5134	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	31_2	827	3967	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	31_4	5409	5852	+	Estricto	<i>MexR</i>	100	3000506	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	49_30	33929	34261	-	Estricto	<i>nalC</i>	99.09	3000818	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	51.64
	4_6	4839	5477	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	56_4	3126	4256	+	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	56_5	4307	7363	+	Estricto	<i>MexW</i>	99.9	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	172_11	10941	12221	+	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100
	213_4	1636	3624	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.55	3002985	MAC; PEP	100
	13_42	44974	46077	+	Estricto	<i>MexJ</i>	99.73	3003692	MAC; TET; DSA	100
	13_43	46082	49159	+	Estricto	<i>MexK</i>	99.8	3003693	MAC; TET; DSA	100
	13_41	44240	44878	-	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100
	62_3	1785	2978	-	Perfecto	<i>bla_{PDc}3</i>	100	3002500	MON; CPN; CFP; CFM; PAM	100
	149_13	12072	12737	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	149_12	10615	12048	-	Estricto	<i>basS</i>	99.16	3003583	PEP	100
	203_5	6214	6885	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
203_4	4922	6217	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100	
85_2	1266	4376	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100	
40_21	32417	33055	-	Estricto	<i>catB7</i>	98.11	3002679	FEN	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
PS20490	17_45	46774	47181	+	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
	3_48	50041	50595	-	Perfecto	<i>AAC(6')-33</i>	100	3002587	AMG	100	
	3_46	48323	48973	-	Estricto	<i>AAC(6')-Ib9</i>	100	3002580	AMG	106.4	
	3_44	46586	47365	-	Estricto	<i>aadA</i>	99.23	3002601	AMG	98.48	
	325_8	4731	5534	+	Estricto	<i>APH(3'')-Ib</i>	99.63	3002639	AMG	100	
	26_8	11926	12732	-	Estricto	<i>APH(3'')-Iib</i>	99.25	3002645	AMG	100	
	325_9	5534	6370	+	Estricto	<i>APH(6)-Id</i>	99.64	3002660	AMG	100	
	85_3	2067	2399	+	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100	
	26_25	29437	30645	-	Estricto	<i>bcr-1</i>	99.75	3003801	BIC	100	
	3_47	49015	49878	-	Perfecto	<i>bla_{GES-19}</i>	100	3002348	CPN; CFP; PAM	100	
	3_45	47414	48241	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-2}</i>	100	3001397	CPN; CFP; PAM	100	
	36_26	23804	24592	-	Estricto	<i>bla_{OXA-846}</i>	99.62	3005130	CPN; CFP; PAM	100	
	2_55	64578	66026	+	Estricto	<i>OpmH</i>	99.79	3003682	DSA	100	
	3_43	46075	46422	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100	
	17_7	6740	7843	+	Estricto	<i>TriA</i>	99.18	3003679	DSA	95.82	
	17_8	7840	8910	+	Perfecto	<i>TriB</i>	100	3003680	DSA	100	
	17_9	8907	11954	+	Estricto	<i>TriC</i>	99.9	3003681	DSA	100	
	152_2	713	3478	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.67	3003684	FLU	99.78	
	193_5	3080	4513	+	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100	
	384_1	4	369	+	Estricto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	77.56	
	14_8	7971	8309	+	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100	
	429_2	750	1994	-	Estricto	<i>MexE</i>	99.28	3000803	FLU; DMP; FEN	100	
	429_4	3360	4379	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100	
	429_3	2225	3139	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61	
	172_5	2771	2956	-	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100	
	520_2	859	3351	-	Estricto	<i>adeF</i>	65.93	3000777	FLU; TET	78.38	
	182_9	10448	10894	+	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100	
	437_2	431	3520	-	Estricto	<i>MexI</i>	99.9	3000808	FLU; TET; DSA	100	
	460_3	1799	2620	-	Estricto	<i>vanW</i>	32.33	3002965	GLU	97.15	
	9_13	11494	12651	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.48	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
	PS20503	9_14	12648	15809	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.62	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
		472_2	655	3792	+	Estricto	<i>mexY</i>	93.5	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
		525_2	620	1234	+	Estricto	<i>MexZ</i>	96.19	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	97.14
310_5		2994	6125	-	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
310_4		1549	2988	-	Estricto	<i>OprJ</i>	99.58	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
464_2		790	1353	+	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
147_2		2179	3636	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100	
116_12		9655	10332	+	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100	
451_2		422	1129	-	Estricto	<i>ParR</i>	99.15	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100	
6_16		18379	18540	-	Estricto	<i>ArmR</i>	98.11	3004056	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
147_4		6794	7945	-	Estricto	<i>MexA</i>	99.74	3000377	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
147_3		3638	6778	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
147_5		8220	8663	+	Estricto	<i>MexR</i>	99.32	3000506	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
6_18		19178	19819	+	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
133_14		12477	13115	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
7_46		48164	49294	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.47	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100	
7_45		45057	48113	-	Estricto	<i>MexW</i>	99.9	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100	
68_2		1558	3054	+	Estricto	<i>OpmB</i>	99.8	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100	
25_20		25651	27639	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.4	3002985	MAC; PEP	100	
125_16		14533	15171	-	Estricto	<i>MexL</i>	99.53	3003710	MAC; TET; DSA	100	
9_42		46932	48125	+	Perfecto	<i>bla_{PDC-19a}</i>	100	3005295	MON; CPN; CFP	100	
145_13		12067	12732	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100	
145_12		10610	12043	-	Estricto	<i>basS</i>	99.16	3003583	PEP	100	
111_11		14139	14810	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100	
111_10		12847	14142	-	Estricto	<i>cprS</i>	99.54	3005064	PEP	100	
92_21		13388	14026	+	Estricto	<i>catB7</i>	98.11	3002679	FEN	100	
178_3		2052	2459	-	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
3_42		45242	46081	-	Estricto	<i>sulI</i>	99.64	3000410	SUL	100	
3_36		39055	40230	+	Estricto	<i>tet(D)</i>	52.82	3000168	TET	99.24	
PS201139		22_7	7669	8001	+	Estricto	<i>emrE</i>	95.45	3004038	AMG	100
		34_45	46569	47813	+	Estricto	<i>bcr-1</i>	93.27	3003801	BIC	102.99
		2_112	124635	125423	+	Estricto	<i>bla_{OXA-50}</i>	87.02	3001796	CPN; CFP; PAM	100
		5_163	173986	175431	+	Estricto	<i>OpmH</i>	96.87	3003682	DSA	99.79
	84_15	14884	15954	+	Estricto	<i>TriB</i>	95.79	3003680	DSA	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS201139	84_16	15951	18998	+	Estricto	<i>TriC</i>	99.21	3003681	DSA	100
	27_19	21542	22975	+	Estricto	<i>PmpM</i>	99.16	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	74_18	17354	17824	+	Estricto	<i>soxR</i>	96.15	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	7_29	31100	31438	+	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	77_6	4445	5689	+	Estricto	<i>MexE</i>	99.03	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	77_4	2026	3045	-	Estricto	<i>MexS</i>	98.53	3000813	FLU; DMP; FEN	100
	77_5	3265	4179	+	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	77_8	8896	10314	+	Estricto	<i>OprN</i>	97.88	3000805	FLU; DMP; FEN	100
	10_72	66303	66488	-	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	77_7	5711	8899	+	Estricto	<i>adeF</i>	67.49	3000777	FLU; TET	100.28
	83_5	4259	7426	+	Estricto	<i>adeF</i>	59.83	3000777	FLU; TET	99.62
	111_1	176	622	+	Estricto	<i>MexG</i>	96.62	3000806	FLU; TET; DSA	100
	111_2	630	1742	+	Estricto	<i>MexH</i>	94.05	3000807	FLU; TET; DSA	100
	18_63	69192	70013	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.2	3002965	GLU	97.15
	83_4	3105	4262	+	Estricto	<i>mexP</i>	89.09	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	4_105	117106	118269	-	Estricto	<i>MexC</i>	88.37	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	4_106	118395	118994	+	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	86.56	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	106.42
	45_42	47604	49061	+	Estricto	<i>OprM</i>	99.38	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	67_8	4977	5654	+	Estricto	<i>cpxR*</i>	98.22	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	1_211	185965	186672	-	Estricto	<i>ParR</i>	94.47	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
									FEN; PEM; DSA	
	45_40	43295	44446	+	Estricto	<i>MexA</i>	99.74	3000377		100
	45_41	44462	47602	+	Estricto	<i>MexB</i>	99.24	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100
	45_39	42577	43020	-	Estricto	<i>MexR</i>	96.6	3000506	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	19_41	39983	40621	-	Estricto	<i>nalD</i>	98.11	3000819		100
	30_8	8373	9503	-	Estricto	<i>MexV</i>	95.48	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	3_185	189660	192791	+	Estricto	<i>MuxB</i>	99.42	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	3_186	192788	195898	+	Estricto	<i>MuxC</i>	98.94	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	3_187	195895	197394	+	Estricto	<i>OpmB</i>	97.19	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100.2
	25_64	70162	73239	-	Estricto	<i>MexK</i>	98.73	3003693	MAC; TET; DSA	100
26_7	9075	10268	-	Perfecto	<i>bla_{PDC-42}</i>	100	3006789	MON; CPN; CFP	100	
14_2	715	1446	-	Estricto	<i>cprR</i>	98.65	3005063	PEP	108.97	
PS201267	26_10	8660	9466	+	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.88	3002645	AMG	100
	55_27	32773	33105	-	Estricto	<i>emrE</i>	99.09	3004038	AMG	100
	109_4	1238	2446	-	Estricto	<i>bcr-1</i>	99.5	3003801	BIC	100
	29_19	18673	19461	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-396}</i>	100	3001582	CPN; CFP; PAM	100
	7_14	16045	17493	-	Perfecto	<i>OpmH</i>	100	3003682	DSA	100
	21_76	77886	79038	+	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82
	21_77	79034	80104	+	Estricto	<i>TriB</i>	99.72	3003680	DSA	100
	21_78	80101	83148	+	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100
	28_5	3130	4563	+	Estricto	<i>PmpM</i>	99.79	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	54_19	15050	15388	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	76_3	2559	3803	+	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	76_4	3825	7013	+	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100
	76_1	174	1193	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100
	76_2	1414	2328	+	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	76_5	7010	8428	+	Perfecto	<i>OprN</i>	100	3000805	FLU; DMP; FEN	100
	9_58	55441	55626	-	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	78_2	165	611	-	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	114_2	956	4045	+	Perfecto	<i>MexI</i>	100	3000808	FLU; TET; DSA	100
	114_3	4042	5505	+	Perfecto	<i>OpmD</i>	100	3000809	FLU; TET; DSA	100
	3_80	85232	86053	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.95	3002965	GLU	97.15
	71_20	24966	26123	-	Perfecto	<i>mexP</i>	100	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	71_19	21808	24969	-	Estricto	<i>mexQ</i>	99.72	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	71_18	20336	21811	-	Estricto	<i>opmE</i>	99.19	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	70_9	8489	11626	-	Estricto	<i>mexY</i>	93.79	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	70_11	12997	13629	+	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	1_9	11535	12599	+	Estricto	<i>MexC</i>	99.72	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	1_10	12627	15758	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_11	15764	17203	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.37	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_8	10712	11275	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	99.47	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	44_2	2178	3635	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
91_3	907	1584	-	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100	
90_13	16188	16895	+	Perfecto	<i>ParR</i>	100	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100	
90_14	16896	18182	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	FEN; PEM; DSA	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS201267	6_38	41764	41925	-	Perfecto	<i>ArmR</i>	100	3004056	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	44_4	6793	7944	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377		100
	44_3	3637	6777	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378		100
	44_5	8219	8662	+	Estricto	<i>MexR</i>	100	3000506		100
	6_40	42563	43204	+	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818		100
	10_16	16127	16765	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819		100
	1_238	263638	264768	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	1_237	260531	263587	-	Perfecto	<i>MexW</i>	100	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	38_14	20785	22065	-	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100
	38_13	17657	20788	-	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	38_12	14550	17660	-	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	38_11	13054	14553	-	Estricto	<i>OpmB</i>	98.6	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100.2
	46_38	36690	38678	+	Perfecto	<i>arnA</i>	100	3002985	MAC; PEP	100
	10_119	128260	129363	-	Perfecto	<i>MexJ</i>	100	3003692	MAC; TET; DSA	100
	10_118	125178	128255	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.9	3003693	MAC; TET; DSA	100
	10_120	129459	130097	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100
	26_19	21822	23015	-	Perfecto	<i>bla_{PPC-3}</i>	100	3002500	MON; CPN; CFP; CFM; PAM	100
	18_80	87561	88226	+	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	18_81	88250	89683	+	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100
	5_93	105997	106668	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	5_92	104705	106000	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
	17_40	38031	39188	-	Estricto	<i>mexM</i>	98.7	3003704	FEN	100
	17_39	34924	38034	-	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100
	3_39	51089	51727	-	Estricto	<i>catB7</i>	99.06	3002679	FEN	100
15_78	78423	78830	+	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
PS21222	69_9	8366	8698	+	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	187_1	3	1007	-	Estricto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	83.33
	186_7	4958	5758	-	Perfecto	<i>bla_{VIM-2}</i>	100	3002272	CPN; CFP; CFM; PAM; PEM	100
	6_16	13503	14291	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-395}</i>	100	3001581	CPN; CFP; PAM	100
	445_4	2149	3597	-	Estricto	<i>OpmH</i>	97.1	3003682	DSA	100
	186_6	4424	4771	-	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	64_14	13653	14756	+	Estricto	<i>TriA</i>	99.73	3003679	DSA	95.82
	64_15	14753	15823	+	Estricto	<i>TriB</i>	99.72	3003680	DSA	100
	64_16	15820	18867	+	Estricto	<i>TriC</i>	99.9	3003681	DSA	100
	136_1	1	2733	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.34	3003684	FLU	98.7
	382_5	2247	3680	-	Estricto	<i>PmpM</i>	99.79	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	454_3	2273	2743	-	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	108_5	4686	5024	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	284_3	4090	5334	-	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	284_5	6700	7413	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	70.21
	284_4	5565	6479	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	114_10	6656	6841	-	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	284_2	883	4068	-	Estricto	<i>adeF</i>	67.21	3000777	FLU; TET	100.19
	401_3	3557	4669	-	Perfecto	<i>MexH</i>	100	3000807	FLU; TET; DSA	100
	401_2	455	3544	-	Estricto	<i>MexI</i>	99.9	3000808	FLU; TET; DSA	100
	468_3	1552	2373	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.95	3002965	GLU	97.15
	274_4	3019	4176	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.48	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	274_5	4173	7334	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.43	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	412_3	558	1190	-	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	102_14	15152	18283	-	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	102_13	13707	15146	-	Estricto	<i>OprJ</i>	99.16	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	395_2	988	1551	+	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	86_2	2141	3598	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	507_4	2519	3196	-	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	192_3	2543	3250	-	Perfecto	<i>ParR</i>	100	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	192_2	1256	2542	-	Estricto	<i>ParS</i>	99.53	3005067	FEN; PEM; DSA	100
	86_4	6756	7907	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	86_3	3600	6740	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378		100
	86_5	8182	8625	+	Estricto	<i>MexR</i>	99.32	3000506		100
	484_3	1233	1874	-	Estricto	<i>nalC</i>	99.53	3000818		100
	410_5	3172	3810	-	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819	100	
	41_7	7017	8147	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	41_6	3910	6966	-	Perfecto	<i>MexW</i>	100	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	165_7	9637	10917	-	Estricto	<i>MuxA</i>	99.3	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100
	165_6	6509	9640	-	Estricto	<i>MuxB</i>	99.9	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS21222	165_5	3402	6512	-	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	165_4	1906	3405	-	Estricto	<i>OpmB</i>	98.8	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100.2
	44_20	25403	27280	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.52	3002985	MAC; PEP	94.56
	525_2	893	1996	-	Estricto	<i>MexJ</i>	99.73	3003692	MAC; TET; DSA	100
	525_3	2092	2730	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100
	636_1	59	1252	-	Perfecto	<i>bla_{PPC-3}</i>	100	3002500	MON; CPN; CFP; CFM; PAM	100
	9_32	32888	33553	+	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	9_33	33577	35010	+	Estricto	<i>basS</i>	98.95	3003583	PEP	100
	157_2	318	1613	+	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
	194_1	17	1174	+	Estricto	<i>mexM</i>	98.7	3003704	FEN	100
	194_2	1171	4281	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100
	260_3	2118	2756	-	Estricto	<i>catB7</i>	99.06	3002679	FEN	100
	223_6	5192	5521	+	Estricto	<i>FosA</i>	99.08	3000149	FOS	80.74
	186_5	3591	4430	-	Perfecto	<i>sull</i>	100	3000410	SUL	100
PS21575	12_99	103613	104419	-	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.51	3002645	AMG	100
	3_64	88022	88354	-	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	12_116	121124	122332	-	Perfecto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	100
	7_105	105805	106593	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-486}</i>	100	3003643	CPN; CFP; PAM	100
	3_81	108909	110357	-	Estricto	<i>OpmH</i>	97.3	3003682	DSA	100
	21_16	18506	19658	-	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82
	21_15	17439	18509	-	Estricto	<i>TriB</i>	99.44	3003680	DSA	100
	21_14	14395	17442	-	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100
	4_194	203780	205213	-	Estricto	<i>PmpM</i>	99.79	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	18_19	17445	17915	+	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	17_55	61848	62186	+	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	24_51	61649	62893	-	Estricto	<i>MexE</i>	99.76	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	24_50	58439	61627	-	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100
	24_53	64259	65278	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100
	24_52	63124	64038	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	24_49	57024	58442	-	Perfecto	<i>OprN</i>	100	3000805	FLU; DMP; FEN	100
	2_29	31600	31785	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	27_6	7574	8020	-	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	27_5	6454	7566	-	Perfecto	<i>MexH</i>	100	3000807	FLU; TET; DSA	100
	27_4	3352	6441	-	Estricto	<i>MexI</i>	99.9	3000808	FLU; TET; DSA	100
	27_3	1892	3355	-	Estricto	<i>OpmD</i>	99.59	3000809	FLU; TET; DSA	100
	26_47	52136	52957	-	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	76_14	14575	15732	-	Perfecto	<i>mexP</i>	100	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	76_13	11417	14578	-	Estricto	<i>mexQ</i>	99.62	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	76_12	9945	11420	-	Estricto	<i>opmE</i>	99.19	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	35_23	19555	22692	+	Estricto	<i>mexY</i>	93.5	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	35_21	17552	18184	-	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	1_28	31770	32834	+	Estricto	<i>MexC</i>	99.44	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	1_29	32862	35993	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_30	35999	37438	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.16	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_27	30947	31510	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	38_2	2196	3653	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	52_27	23439	24116	-	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	15_104	116190	116897	+	Estricto	<i>ParR</i>	98.72	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	15_105	116898	118184	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	FEN; PEM; DSA	100
	38_4	6811	7962	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377		100
	38_3	3655	6795	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100
	38_5	8237	8680	+	Estricto	<i>MexR</i>	100	3000506	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	45_30	33870	34511	-	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818		100
	31_49	59387	60025	+	Estricto	<i>nalD</i>	99.53	3000819		100
	1_257	284137	285267	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.47	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	1_256	281030	284086	-	Perfecto	<i>MexW</i>	100	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	24_15	16345	17625	+	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100
	24_16	17622	20753	+	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	24_17	20750	23860	+	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	24_18	23857	25353	+	Perfecto	<i>OpmB</i>	100	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100
31_28	34941	36929	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.7	3002985	MAC; PEP	100	
10_100	110203	111306	-	Estricto	<i>MexJ</i>	99.73	3003692	MAC; TET; DSA	100	
10_99	107121	110198	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.8	3003693	MAC; TET; DSA	100	
10_101	111402	112040	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100	
12_90	90077	91270	+	Perfecto	<i>bla_{PPC-1}</i>	100	3002497	MON; CPN; CFP	100	

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS21575	19_80	87601	88266	+	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	19_81	88290	89723	+	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100
	5_103	116817	117488	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	5_102	115525	116820	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
	44_50	45552	46709	-	Estricto	<i>mexM</i>	98.7	3003704	FEN	100
	44_49	42445	45555	-	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100
	30_13	9314	9952	+	Estricto	<i>catB7</i>	99.53	3002679	FEN	100
PS21632	2_266	262271	262678	+	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100
	96_10	8697	9503	+	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.88	3002645	AMG	100
	40_31	36048	36380	+	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	8_82	84836	85624	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-904}</i>	100	3006092	CPN; CFP; PAM	100
	40_14	14045	15493	+	Estricto	<i>OpmH</i>	97.3	3003682	DSA	100
	62_12	14508	15660	-	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82
	62_11	13441	14511	-	Estricto	<i>TriB</i>	99.44	3003680	DSA	100
	62_10	10397	13444	-	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100
	54_31	27998	29431	-	Estricto	<i>PmpM</i>	99.79	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	12_47	43001	43339	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	232_5	5473	6717	-	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	232_7	8083	8142	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	5.9
	238_12	6695	7480	-	Estricto	<i>MexS</i>	99.62	3000813	FLU; DMP; FEN	76.99
	232_6	6948	7862	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	232_3	848	2266	-	Perfecto	<i>OprN</i>	100	3000805	FLU; DMP; FEN	100
	6_86	86163	86348	-	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	232_4	2263	5451	-	Estricto	<i>adeF</i>	67.3	3000777	FLU; TET	100.28
	192_7	5878	8967	-	Perfecto	<i>MexI</i>	100	3000808	FLU; TET; DSA	100
	192_6	4418	5881	-	Estricto	<i>OpmD</i>	99.59	3000809	FLU; TET; DSA	100
	2_97	89022	89843	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	239_4	3014	4171	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.74	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	239_5	4168	7329	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.91	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	185_1	1	1404	+	Estricto	<i>opmE</i>	98.92	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	95.11
	137_8	6579	9716	+	Estricto	<i>mexY</i>	93.5	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	137_6	4576	5208	-	Estricto	<i>MexZ</i>	99.52	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	13_58	63443	64507	-	Estricto	<i>MexC</i>	98.87	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	13_57	60284	63415	-	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	13_56	58839	60278	-	Estricto	<i>OprJ</i>	99.16	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	13_59	64767	65330	+	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	35_2	2189	3646	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	112_19	17419	18096	+	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	82_16	20287	20994	+	Estricto	<i>ParR</i>	99.15	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	82_17	20995	22281	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	FEN; PEM; DSA	100
	70_14	16349	16510	-	Perfecto	<i>ArmR</i>	100	3004056		100
	35_4	6804	7955	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377		100
	35_3	3648	6788	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100
	35_5	8230	8673	+	Estricto	<i>MexR</i>	100	3000506	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	70_16	17148	17789	+	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818		100
	9_72	74222	74860	-	Estricto	<i>nalD</i>	99.53	3000819		100
	4_103	99653	100783	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	4_102	96546	99602	-	Estricto	<i>MexW</i>	99.8	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	24_11	17504	18784	-	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100
	24_10	14376	17507	-	Estricto	<i>MuxB</i>	99.81	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	24_9	11269	14379	-	Estricto	<i>MuxC</i>	99.9	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	24_8	9773	11272	-	Estricto	<i>OpmB</i>	98.8	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100.2
	34_9	9251	11239	-	Estricto	<i>arnA</i>	99.4	3002985	MAC; PEP	100
	164_9	9128	12205	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.9	3003693	MAC; TET; DSA	100
169_2	200	838	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100	
66_21	23686	24351	+	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100	
66_22	24375	25808	+	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100	
104_6	5911	6582	+	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100	
104_7	6579	7874	+	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100	
63_27	28107	29264	-	Estricto	<i>mexM</i>	98.96	3003704	FEN	100	
63_26	25000	28110	-	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100	
163_11	7372	8010	+	Estricto	<i>catB7</i>	98.58	3002679	FEN	100	
76_25	20565	20972	+	Estricto	<i>FosA</i>	99.26	3000149	FOS	100	
PS21634	16_98	102923	103738	-	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.15	3002645	AMG	101.12
	1_180	200955	201287	+	Estricto	<i>emrE</i>	99.09	3004038	AMG	100

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob	
PS21634	58_7	6843	8051	+	Perfecto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	100	
	7_100	112408	113196	+	Estricto	<i>bla_{OXA-851}</i>	99.62	3006043	CPN; CFP; PAM	100	
	1_163	178954	180402	+	Perfecto	<i>OpnH</i>	100	3003682	DSA	100	
	22_76	78163	79266	+	Estricto	<i>TriA</i>	99.73	3003679	DSA	95.82	
	22_77	79263	80333	+	Perfecto	<i>TriB</i>	100	3003680	DSA	100	
	22_78	80330	83377	+	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100	
	28_80	77118	78551	-	Estricto	<i>PmpM</i>	99.79	3004077	FLU; AMG; DSA	100	
	32_19	16935	17405	+	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100	
	2_96	100206	100544	+	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100	
	12_4	2625	3869	+	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100	
	12_5	3891	7079	+	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100	
	12_2	240	1259	-	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100	
	12_3	1480	2394	+	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61	
	12_6	7076	8494	+	Estricto	<i>OprN</i>	99.79	3000805	FLU; DMP; FEN	100	
	8_119	131763	131948	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100	
	31_6	7502	7948	-	Estricto	<i>MexG</i>	99.32	3000806	FLU; TET; DSA	100	
	31_5	6382	7494	-	Perfecto	<i>MexH</i>	100	3000807	FLU; TET; DSA	100	
	31_4	3280	6369	-	Perfecto	<i>MexI</i>	100	3000808	FLU; TET; DSA	100	
	31_3	1820	3283	-	Perfecto	<i>OpnD</i>	100	3000809	FLU; TET; DSA	100	
	11_47	52162	52983	-	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15	
	54_4	3202	4359	+	Perfecto	<i>mexP</i>	100	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
	54_5	4356	7517	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.53	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
	54_6	7514	8989	+	Estricto	<i>opmE</i>	99.39	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100	
	39_34	36662	39799	-	Estricto	<i>mexY</i>	93.59	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9	
	39_36	41170	41802	+	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100	
	21_60	67513	68577	-	Estricto	<i>MexC</i>	99.72	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47	
	21_59	64354	67485	-	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
	21_58	62909	64348	-	Estricto	<i>OprJ</i>	99.37	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
	21_61	68837	69400	+	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100	
	14_82	91685	93142	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100	
	18_19	17419	18096	+	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100	
	5_104	116370	117077	+	Perfecto	<i>ParR</i>	100	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100	
	5_105	117078	118364	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.77	3005067	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100	
	14_84	96300	97451	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100	
	14_83	93144	96284	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378		100	
	14_85	97726	98169	+	Estricto	<i>MexR</i>	100	3000506		100	
	2_201	212405	213046	-	Estricto	<i>nalC</i>	98.59	3000818		100	
	2_348	372386	373024	-	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819		100	
	4_66	64336	65466	+	Estricto	<i>MexV</i>	99.47	3003030		MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	4_67	65517	68573	+	Perfecto	<i>MexW</i>	100	3003031		MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	12_40	47894	49174	-	Estricto	<i>MuxA</i>	99.53	3004073		MAC; MON; TET; AMC	100
	12_39	44766	47897	-	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074		MAC; MON; TET; AMC	100
	12_38	41659	44769	-	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075		MAC; MON; TET; AMC	100
	12_37	40166	41662	-	Perfecto	<i>OpnB</i>	100	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100	
	2_369	395524	397512	-	Estricto	<i>arnA</i>	99.7	3002985	MAC; PEP	100	
	2_244	259204	260307	+	Perfecto	<i>MexJ</i>	100	3003692	MAC; TET; DSA	100	
	2_245	260312	263389	+	Estricto	<i>MexK</i>	99.8	3003693	MAC; TET; DSA	100	
2_243	258470	259108	-	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100		
16_89	89374	90567	+	Perfecto	<i>bla_{PDC-3}</i>	100	3002500	MON; CPN; CFP; CFM; PAM	100		
19_13	12054	12719	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100		
19_12	10597	12030	-	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100		
6_96	111971	112642	+	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100		
6_97	112639	113934	+	Estricto	<i>cprS</i>	99.77	3005064	PEP	100		
30_77	77148	78305	-	Estricto	<i>mexM</i>	98.44	3003704	FEN	100		
30_76	74041	77151	-	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100		
11_124	113665	114303	+	Estricto	<i>catB7</i>	98.58	3002679	FEN	100		
3_222	246460	246867	-	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100		
PS21804	7_10	8050	8856	+	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.51	3002645	AMG	100	
	8_91	106723	107055	+	Estricto	<i>emrE</i>	99.09	3004038	AMG	100	
	119_7	6843	8051	+	Perfecto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	100	
	3_100	113212	114000	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-494}</i>	100	3005727	CPN; CFP; PAM	100	
	8_74	84720	86168	+	Estricto	<i>OpnH</i>	97.3	3003682	DSA	100	
	52_15	15672	16824	+	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82	
	52_16	16820	17890	+	Estricto	<i>TriB</i>	99.72	3003680	DSA	100	
52_17	17887	20934	+	Estricto	<i>TriC</i>	99.9	3003681	DSA	100		

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS21804	106_15	9298	10731	-	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	49_19	17347	17817	+	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	2_52	56149	56487	+	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	27_3	1570	2814	+	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	27_4	2836	6024	+	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100
	27_1	1	204	-	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	20.06
	27_2	425	1339	+	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	27_5	6021	7439	+	Estricto	<i>OprN</i>	99.79	3000805	FLU; DMP; FEN	100
	5_4	4576	4761	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	34_45	49149	49595	+	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	34_46	49603	50715	+	Estricto	<i>MexH</i>	99.73	3000807	FLU; TET; DSA	100
	34_47	50728	53817	+	Estricto	<i>MexI</i>	99.9	3000808	FLU; TET; DSA	100
	34_48	53814	55277	+	Estricto	<i>OpmD</i>	99.79	3000809	FLU; TET; DSA	100
	22_22	19146	19967	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	89_4	3190	4347	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.48	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	89_5	4344	7505	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.53	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	89_6	7502	8977	+	Estricto	<i>opmE</i>	99.19	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	68_21	16813	19950	+	Estricto	<i>mexY</i>	93.69	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	68_19	14810	15442	-	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	1_28	31846	33010	+	Perfecto	<i>MexC</i>	100	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	1_29	33037	36168	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.52	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_30	36174	37613	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.37	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	1_27	31122	31685	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	99.47	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	83_15	19187	20644	+	Estricto	<i>OprM</i>	99.79	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	46_19	18589	19266	+	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	18_79	85532	86239	+	Estricto	<i>ParR</i>	99.57	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	18_80	86240	87526	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.53	3005067	FEN; PEM; DSA	100
	83_13	14878	16029	+	Estricto	<i>MexA</i>	99.74	3000377	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	100
	83_14	16045	19185	+	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378		100
	83_12	14160	14603	-	Estricto	<i>MexR</i>	100	3000506		100
	2_157	170414	171055	-	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818		100
	54_27	29492	30130	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819	100	
	1_360	375547	376677	-	Estricto	<i>MexV</i>	99.73	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	1_359	372440	375496	-	Estricto	<i>MexW</i>	99.71	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	27_39	46839	48119	-	Estricto	<i>MuxA</i>	99.77	3004073	MAC; MON; TET; AMC	100
	27_38	43711	46842	-	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	27_37	40604	43714	-	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	27_36	39111	40607	-	Estricto	<i>OpmB</i>	99.6	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100
	54_6	5002	6990	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.7	3002985	MAC; PEP	100
	2_200	217192	218295	+	Estricto	<i>MexJ</i>	99.46	3003692	MAC; TET; DSA	100
	2_201	218300	221377	+	Estricto	<i>MexK</i>	99.71	3003693	MAC; TET; DSA	100
	2_199	216458	217096	-	Estricto	<i>MexL</i>	99.53	3003710	MAC; TET; DSA	100
	7_19	21210	22403	-	Perfecto	<i>bla_{IPC-113}</i>	100	3006491	MON; CPN; CFP	100
	14_80	87576	88241	+	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	14_81	88265	89698	+	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100
	4_108	121398	122069	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	4_107	120106	121401	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
32_10	11616	12773	+	Estricto	<i>mexM</i>	98.7	3003704	FEN	100	
32_11	12770	15880	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.61	3003705	FEN	100	
71_19	21776	22414	+	Estricto	<i>catB7</i>	99.06	3002679	FEN	100	
47_35	33866	34273	+	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
PS21817	18_50	56663	57469	-	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.88	3002645	AMG	100
	4_28	36835	37167	-	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	137_4	1238	2446	-	Perfecto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	100
	1_152	165691	166479	-	Perfecto	<i>bla_{OXA-486}</i>	100	3003643	CPN; CFP; PAM	100
	4_45	57721	59169	-	Perfecto	<i>OpmH</i>	100	3003682	DSA	100
	44_16	18468	19620	-	Perfecto	<i>TriA</i>	100	3003679	DSA	95.82
	44_15	17401	18471	-	Estricto	<i>TriB</i>	99.44	3003680	DSA	100
	44_14	14357	17404	-	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100
	90_1	13	2784	-	Estricto	<i>gyrA</i>	99.89	3003684	FLU	100
	57_27	24119	25552	-	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	143_2	151	621	-	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	11_77	79683	80021	-	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	176_3	3900	5144	-	Perfecto	<i>MexE</i>	100	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	176_2	690	3878	-	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS21817	176_5	6510	7529	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100
	176_4	5375	6289	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	6_4	4585	4770	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	170_1	204	650	+	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	170_2	658	1770	+	Perfecto	<i>MexH</i>	100	3000807	FLU; TET; DSA	100
	170_3	1783	4872	+	Perfecto	<i>MexI</i>	100	3000808	FLU; TET; DSA	100
	170_4	4869	6332	+	Perfecto	<i>OpmD</i>	100	3000809	FLU; TET; DSA	100
	22_25	22169	22990	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	87_4	3218	4375	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.48	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	87_5	4372	7533	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.34	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	87_6	7530	9005	+	Estricto	<i>opmE</i>	99.39	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	79_16	12410	15547	+	Estricto	<i>mexY</i>	93.59	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	79_14	10407	11039	-	Estricto	<i>MexZ</i>	100	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	12_9	11367	12531	+	Perfecto	<i>MexC</i>	100	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	12_10	12558	15689	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.33	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	12_11	15695	17134	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.16	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	12_8	10643	11206	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	71_15	19608	21065	+	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	7_99	97538	98215	-	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	41_27	32453	33160	+	Perfecto	<i>ParR</i>	100	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET;	100
	41_28	33161	34447	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.53	3005067	FEN; PEM; DSA	100
	2_144	158185	158346	-	Perfecto	<i>ArmR</i>	100	3004056		100
	71_13	15299	16450	+	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377		100
	71_14	16466	19606	+	Estricto	<i>MexB</i>	99.9	3000378	MAC; FLU; MON; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP;	100
	71_12	14593	15024	-	Estricto	<i>MexR</i>	96.6	3000506	AMC; DMP; SUL; FEN; PEM	97.28
	2_146	158984	159625	+	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818		100
	106_14	13034	13672	+	Estricto	<i>nalD</i>	100	3000819		100
	10_68	68338	69468	+	Estricto	<i>MexV</i>	99.47	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	10_69	69519	72575	+	Estricto	<i>MexW</i>	99.71	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	117_2	1131	4262	+	Estricto	<i>MuxB</i>	99.9	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	117_3	4259	7369	+	Perfecto	<i>MuxC</i>	100	3004075	MAC; MON; TET; AMC	100
	117_4	7366	8862	+	Estricto	<i>OpmB</i>	99.6	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100
	39_28	34905	36893	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.7	3002985	MAC; PEP	100
	2_102	111744	112847	-	Perfecto	<i>MexJ</i>	100	3003692	MAC; TET; DSA	100
	2_101	108662	111739	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.9	3003693	MAC; TET; DSA	100
	2_103	112943	113581	+	Perfecto	<i>MexL</i>	100	3003710	MAC; TET; DSA	100
	18_41	43127	44320	+	Perfecto	<i>bla_{PDC-24}</i>	100	3006618	MON; CPN; CFP	100
	107_13	12099	12764	-	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	107_12	10642	12075	-	Perfecto	<i>basS</i>	100	3003583	PEP	100
	98_13	15600	16271	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	98_12	14308	15603	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
	108_1	149	1306	+	Estricto	<i>mexM</i>	98.96	3003704	FEN	100
	108_2	1303	4413	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.71	3003705	FEN	100
	29_22	34130	34768	-	Estricto	<i>catB7</i>	99.06	3002679	FEN	100
47_17	14330	14737	-	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
PS21832	390_2	532	1104	-	Estricto	<i>AAC(6')-Ib8</i>	100	3002579	AMG	84.44
	364_2	905	1684	+	Estricto	<i>aadA</i>	99.23	3002601	AMG	98.48
	174_14	10849	11643	-	Estricto	<i>APH(3')-IIa</i>	92.05	3002644	AMG	100
	68_9	12228	13034	-	Estricto	<i>APH(3')-IIb</i>	98.88	3002645	AMG	100
	1_50	68703	69035	-	Perfecto	<i>emrE</i>	100	3004038	AMG	100
	69_24	16813	18021	+	Perfecto	<i>bcr-1</i>	100	3003801	BIC	100
	364_1	13	753	+	Perfecto	<i>bla_{IMP-75}</i>	100	3005480	CPN; CFP; CFM; PAM; PEM	101.63
	13_53	55378	56166	+	Perfecto	<i>bla_{OXA-396}</i>	100	3001582	CPN; CFP; PAM	100
	1_67	89604	91052	-	Estricto	<i>OpmH</i>	97.1	3003682	DSA	100
	351_1	111	458	+	Perfecto	<i>qacEdelta1</i>	100	3005010	DSA	100
	64_16	18460	19563	-	Estricto	<i>TriA</i>	99.73	3003679	DSA	95.82
	64_15	17393	18463	-	Estricto	<i>TriB</i>	99.72	3003680	DSA	100
	64_14	14349	17396	-	Perfecto	<i>TriC</i>	100	3003681	DSA	100
	14_19	16790	19555	+	Estricto	<i>gyrA</i>	99.57	3003684	FLU	99.78
	119_18	12352	13785	-	Perfecto	<i>PmpM</i>	100	3004077	FLU; AMG; DSA	100
	212_11	8714	9184	+	Perfecto	<i>soxR</i>	100	3004107	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	24_12	11850	12188	+	Perfecto	<i>YajC</i>	100	3005040	FLU; CFP; GLC; PAM; TET; RIF; FEN; DSA	100
	155_3	4125	5369	-	Estricto	<i>MexE</i>	99.76	3000803	FLU; DMP; FEN	100
	155_2	915	4103	-	Perfecto	<i>MexF</i>	100	3000804	FLU; DMP; FEN	100
	155_5	6735	7754	+	Estricto	<i>MexS</i>	100	3000813	FLU; DMP; FEN	100

Cepa	Contig	Inicio	Final	OR	Hit	Gen de resistencia	%ID	ARO	Clase de antibiótico	%Cob
PS21832	155_4	5600	6514	-	Estricto	<i>MexT</i>	99.63	3000814	FLU; DMP; FEN	87.61
	142_8	9422	9607	+	Perfecto	<i>rsmA</i>	100	3005069	FLU; DMP; FEN	100
	65_1	63	509	-	Perfecto	<i>MexG</i>	100	3000806	FLU; TET; DSA	100
	238_2	924	4013	+	Perfecto	<i>MexI</i>	100	3000808	FLU; TET; DSA	100
	238_3	4010	5473	+	Estricto	<i>OpmD</i>	99.79	3000809	FLU; TET; DSA	100
	174_13	10466	10828	-	Estricto	<i>BLMT</i>	88.24	3005036	GLU	95.24
	293_3	1559	2380	+	Estricto	<i>vanW</i>	31.58	3002965	GLU	97.15
	121_4	2365	3522	+	Estricto	<i>mexP</i>	99.48	3003698	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	121_5	3519	6680	+	Estricto	<i>mexQ</i>	99.62	3003699	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	121_6	6677	8152	+	Estricto	<i>opmE</i>	99.39	3003700	MAC; CPN; TET; DMP; FEN; DSA	100
	78_5	2701	5838	-	Estricto	<i>mexY</i>	93.69	3003033	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	99.9
	78_7	7209	7841	+	Estricto	<i>MexZ</i>	99.52	3003709	MAC; FLU; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; DSA	100
	59_9	11473	12537	+	Estricto	<i>MexC</i>	99.15	3000800	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	91.47
	59_10	12565	15696	+	Estricto	<i>MexD</i>	95.43	3000801	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	59_11	15702	17141	+	Estricto	<i>OprJ</i>	99.16	3000802	MAC; FLU; AMG; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	59_8	10650	11213	-	Estricto	<i>Type A NfxB</i>	100	3004059	MAC; FLU; CFP; PAM; TET; AMC; DMP; FEN	100
	86_2	2191	3648	-	Perfecto	<i>OprM</i>	100	3000379	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; PEP; AMC; DMP; SUL; FEN; PEM; DSA	100
	110_19	18596	19273	+	Perfecto	<i>cpxR*</i>	100	3004054	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	89_16	20263	20970	+	Estricto	<i>ParR</i>	99.57	3005068	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	89_17	20971	22257	+	Estricto	<i>ParS</i>	99.3	3005067	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	12_63	66886	67047	-	Estricto	<i>ArmR</i>	98.11	3004056	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	86_4	6806	7957	-	Perfecto	<i>MexA</i>	100	3000377	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	86_3	3650	6790	-	Estricto	<i>MexB</i>	99.71	3000378	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	86_5	8232	8675	+	Estricto	<i>MexR</i>	99.32	3000506	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	12_65	67685	68326	+	Estricto	<i>nalC</i>	99.06	3000818	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	36_29	32572	33210	+	Estricto	<i>nalD</i>	99.53	3000819	MAC; FLU; MON; AMG; CPN; CFP; CFM; PAM; TET; FEN; PEM; DSA	100
	10_69	68851	69981	+	Perfecto	<i>MexV</i>	100	3003030	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	10_70	70032	73088	+	Estricto	<i>MexW</i>	99.8	3003031	MAC; FLU; TET; FEN; DSA	100
	250_2	2212	5343	-	Perfecto	<i>MuxB</i>	100	3004074	MAC; MON; TET; AMC	100
	325_2	880	2376	+	Perfecto	<i>OpmB</i>	100	3004072	MAC; MON; TET; AMC	100
	36_8	8083	10071	+	Estricto	<i>arnA</i>	99.4	3002985	MAC; PEP	100
	12_21	20415	21518	-	Estricto	<i>MexJ</i>	99.73	3003692	MAC; TET; DSA	100
	12_20	17333	20410	-	Estricto	<i>MexK</i>	99.9	3003693	MAC; TET; DSA	100
	12_22	21614	22252	+	Estricto	<i>MexL</i>	99.53	3003710	MAC; TET; DSA	100
	49_1	45	1238	-	Perfecto	<i>bla_{PPC-5}</i>	100	3002502	MON; CPN; CFP; CFM; PAM	100
	3_80	87629	88294	+	Estricto	<i>basR</i>	99.55	3003582	PEP	100
	3_81	88318	89751	+	Estricto	<i>basS</i>	99.79	3003583	PEP	100
	33_38	42835	43506	-	Perfecto	<i>cprR</i>	100	3005063	PEP	100
	33_37	41543	42838	-	Perfecto	<i>cprS</i>	100	3005064	PEP	100
	173_2	909	4019	+	Estricto	<i>mexN</i>	99.71	3003705	FEN	100
129_10	8394	9032	-	Estricto	<i>catB7</i>	99.06	3002679	FEN	100	
30_15	12661	13068	-	Perfecto	<i>FosA</i>	100	3000149	FOS	100	
351_2	452	1291	+	Estricto	<i>sull</i>	99.64	3000410	SUL	100	

OR: Orientación, %ID: Porcentaje de identidad, ARO: Número de Antibiotic Resistance Ontology en la Comprehensive Antibiotic Resistance Database, %Cob: Porcentaje de cobertura, AMG: Aminoglucósidos, CPN: Carbapenémicos, CFP: Cefalosporinas, PAM: Penams, DSA: Desinfectantes y antisépticos, FLU: Fluoroquinolonas, TET: Tetraciclinas, GLC: Gliciliclinas, MAC: Macrólidos, LIN: Lincosamidas, RIF: Rifamicina, DMP: Diaminopirimidinas, FEN: Fenicoles, PEM: Penems, PEP: Péptidos, FOS: Ácidos fosfónicos, SUL: Sulfonamidas, EST: Estreptograminas, AMC: Aminocumarinas, MON: Monobactámicos, BIC: Bicyclomicinas. Los genes subrayados representan mutaciones puntuales. *El gen *cpxR* no está asociado con resistencia a desinfectantes y antisépticos, pero se agrupó con *oprM* por conveniencia de espacio debido a su casi idéntico perfil de resistencias asociadas.

ANEXO 5. Alineamiento en BLASTn para análisis del viruloma de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
A20511	<i>tsaP</i>	1155	8	164603	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	158980	157826	0	2067	
	<i>pilR</i>	1422	19	73604	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	33136	31715	0	2466	
	<i>pilS</i>	1569	19	73604	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	34729	33161	0	2726	
	<i>gspO</i>	861	1	364238	100	861	100%	0	0	1	861	313194	314054	0	1591	
	<i>pilC</i>	1227	1	364238	100	1227	100%	0	0	1	1227	311968	313194	0	2266	
	<i>pilB</i>	1713	1	364238	100	1713	100%	0	0	1	1713	310226	311938	0	3164	
	<i>fimV</i>	1365	1	364238	100	1365	100%	0	0	1	1365	202602	203966	0	2521	
	<i>pilF</i>	801	1	364238	100	801	100%	0	0	1	801	123493	122693	0	1480	
	<i>pilU</i>	1119	6	174924	100	1119	100%	0	0	1	1119	147711	148829	0	2067	
	<i>pilT</i>	1038	6	174924	100	1038	100%	0	0	1	1038	146646	147683	0	1917	
	<i>pilJ</i>	2079	9	147033	100	2079	100%	0	0	1	2079	130250	128172	0	3840	
	<i>pilI</i>	537	9	147033	100	537	100%	0	0	1	537	130833	130297	0	992	
	<i>pilH</i>	363	9	147033	100	363	100%	0	0	1	363	131256	130894	0	671	
	<i>pilG</i>	384	9	147033	100	384	100%	0	0	1	384	131663	131280	0	710	
	<i>fimT</i>	516	12	114068	100	516	100%	0	0	1	516	101128	100613	0	953	
	<i>pilE</i>	426	4	196445	100	426	100%	0	0	1	426	139661	139236	0	787	
	RS16840		483	4	196445	100	483	100%	0	0	1	483	140140	139658	0	893
	<i>pilY1</i>	3855	4	196445	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	144007	140153	0	6876	
	<i>pilX</i>	819	4	196445	98.657	819	100%	11	0	1	819	144837	144019	0	1452	
	<i>pilW</i>	1002	4	196445	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	145835	144834	0	1812	
	<i>pilV</i>	561	4	196445	99.822	561	100%	1	0	1	561	146396	145836	0	1031	
	<i>fimU</i>	474	4	196445	98.523	474	100%	7	0	1	474	146863	146390	0	837	
	<i>pilA</i>	438	4	196445	96.119	438	100%	14	2	1	438	156596	156162	0	712	
	<i>pilQ</i>	2166	4	196445	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	171555	169390	0	3812	
	<i>pilP</i>	528	4	196445	99.242	528	100%	4	0	1	528	172150	171623	0	953	
	<i>pilO</i>	741	4	196445	99.595	741	100%	3	0	1	741	172901	172161	0	1352	
	<i>pilN</i>	642	4	196445	99.533	642	100%	3	0	1	642	173539	172898	0	1170	
	<i>pilM</i>	1059	4	196445	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	174597	173539	0	1884	
	<i>bap</i>	6069	17	86038	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	1	5662	0	10445	
	<i>bap</i>	6069	17	86038	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.04E-15	84.2	
	<i>bap</i>	6069	118	302	99.338	302	5%	2	0	106	407	1	302	3.08E-155	547	
	<i>bap</i>	6069	118	302	92.5	80	1%	6	0	1	80	223	302	3.70E-25	115	
	<i>bap</i>	6069	118	302	97.368	38	1%	1	0	433	470	1	38	3.78E-10	65.8	
	<i>bap</i>	6069	129	162	95.541	157	3%	7	0	129	285	1	157	2.71E-66	252	
	<i>bap</i>	6069	131	142	90.141	142	2%	14	0	291	432	1	142	2.78E-46	185	
	<i>bap</i>	6069	131	142	95.238	105	2%	5	0	1	105	38	142	1.01E-40	167	
	<i>bap</i>	6069	140	110	97.778	45	1%	1	0	84	128	66	110	4.86E-14	78.7	
	<i>csuA-B</i>	537	7	165579	100	537	100%	0	0	1	537	142321	142857	0	992	
	<i>csuA</i>	548	7	165579	99.818	549	100%	0	1	1	548	142932	143480	0	1007	
	<i>csuB</i>	519	7	165579	100	519	100%	0	0	1	519	143486	144004	0	959	
	<i>csuC</i>	834	7	165579	100	834	100%	0	0	1	834	143998	144831	0	1541	
	<i>csuD</i>	2499	7	165579	100	2499	100%	0	0	1	2499	144828	147326	0	4615	
	<i>csuE</i>	1020	7	165579	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	147323	148342	0	1873	
<i>pgaA</i>	2439	31	38698	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	3209	771	0	4494		
<i>pgaB</i>	1830	16	94757	100	1066	58%	0	0	765	1830	1	1066	0	1969		
<i>pgaB</i>	1830	31	38698	100	771	42%	0	0	1	771	771	1	0	1424		
<i>pgaC</i>	1248	16	94757	100	1248	100%	0	0	1	1248	1066	2313	0	2305		
<i>pgaD</i>	465	16	94757	100	465	100%	0	0	1	465	2310	2774	0	859		
<i>abaI</i>	567	8	164603	98.765	567	100%	7	0	1	567	102404	101838	0	1009		
<i>abaR</i>	717	8	164603	98.466	717	100%	11	0	1	717	103644	104360	0	1264		
A20912	<i>tsaP</i>	1155	9	162451	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	156828	155674	0	2067	
	<i>pilR</i>	1422	14	106354	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	65808	64387	0	2466	
	<i>pilS</i>	1569	14	106354	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	67401	65833	0	2726	
	<i>gspO/pilD</i>	861	1	364195	100	861	100%	0	0	1	861	51045	50185	0	1591	
	<i>pilC</i>	1227	1	364195	100	1227	100%	0	0	1	1227	52271	51045	0	2266	
	<i>pilB</i>	1713	1	364195	100	1713	100%	0	0	1	1713	54013	52301	0	3164	
	<i>fimV</i>	1365	1	364195	100	1365	100%	0	0	1	1365	161637	160273	0	2521	
	<i>pilF</i>	801	1	364195	100	801	100%	0	0	1	801	240746	241546	0	1480	
	<i>pilU</i>	1119	3	264147	100	1119	100%	0	0	1	1119	17048	15930	0	2067	
	<i>pilT</i>	1038	3	264147	100	1038	100%	0	0	1	1038	18113	17076	0	1917	
	<i>pilJ</i>	2079	10	146981	100	2079	100%	0	0	1	2079	130197	128119	0	3840	
	<i>pilI</i>	537	10	146981	100	537	100%	0	0	1	537	130780	130244	0	992	
	<i>pilH</i>	363	10	146981	100	363	100%	0	0	1	363	131203	130841	0	671	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A20912	<i>pilG</i>	384	10	146981	100	384	100%	0	0	1	384	131610	131227	0	710
	<i>fimT</i>	516	19	75059	100	516	100%	0	0	1	516	12941	13456	0	953
	<i>pilE</i>	426	6	189553	100	426	100%	0	0	1	426	136820	137245	0	787
	<i>RS16840</i>	483	6	189553	100	483	100%	0	0	1	483	136341	136823	0	893
	<i>pilYI</i>	3855	6	189553	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	132474	136328	0	6876
	<i>pilX</i>	819	6	189553	98.657	819	100%	11	0	1	819	131644	132462	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	6	189553	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	130646	131647	0	1812
	<i>pilV</i>	561	6	189553	99.822	561	100%	1	0	1	561	130085	130645	0	1031
	<i>fimU</i>	474	6	189553	98.523	474	100%	7	0	1	474	129618	130091	0	837
	<i>pilA</i>	438	6	189553	96.119	438	100%	14	2	1	438	119885	120319	0	712
	<i>pilQ</i>	2166	6	189553	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	104926	107091	0	3812
	<i>pilP</i>	528	6	189553	99.242	528	100%	4	0	1	528	104331	104858	0	953
	<i>pilO</i>	741	6	189553	99.595	741	100%	3	0	1	741	103580	104320	0	1352
	<i>pilN</i>	642	6	189553	99.533	642	100%	3	0	1	642	102942	103583	0	1170
	<i>pilM</i>	1059	6	189553	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	101884	102942	0	1884
	<i>bap</i>	6069	2	277201	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	1	5662	0	10445
	<i>bap</i>	6069	2	277201	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.07E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	89	147	100	147	2%	0	0	106	252	147	1	2.13E-72	272
	<i>bap</i>	6069	89	147	95.122	41	1%	2	0	436	476	144	104	3.87E-10	65.8
	<i>bap</i>	6069	88	151	92.715	151	2%	11	0	87	237	151	1	2.81E-56	219
	<i>bap</i>	6069	88	151	95.161	62	1%	3	0	415	476	150	89	3.82E-20	99
	<i>bap</i>	6069	90	143	89.474	76	1%	8	0	84	159	66	141	1.37E-19	97.1
	<i>csuA-B</i>	537	8	177856	100	537	100%	0	0	1	537	23259	22723	0	992
	<i>csuA</i>	548	8	177856	99.818	549	100%	0	1	1	548	22648	22100	0	1007
	<i>csuB</i>	519	8	177856	100	519	100%	0	0	1	519	22094	21576	0	959
	<i>csuC</i>	834	8	177856	100	834	100%	0	0	1	834	21582	20749	0	1541
	<i>csuD</i>	2499	8	177856	100	2499	100%	0	0	1	2499	20752	18254	0	4615
	<i>csuE</i>	1020	8	177856	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	18257	17238	0	1873
	<i>pgaA</i>	2439	12	111365	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	35490	37928	0	4494
	<i>pgaB</i>	1830	12	111365	100	1830	100%	0	0	1	1830	37928	39757	0	3380
	<i>pgaC</i>	1248	12	111365	100	1248	100%	0	0	1	1248	39757	41004	0	2305
	<i>pgaD</i>	465	12	111365	100	465	100%	0	0	1	465	41001	41465	0	859
	<i>abaI</i>	567	9	162451	98.765	567	100%	7	0	1	567	100252	99686	0	1009
<i>abaR</i>	717	9	162451	98.466	717	100%	11	0	1	717	101492	102208	0	1264	
A20997	<i>tsaP</i>	1155	8	165451	98.615	1155	100%	16	0	1	1155	159826	158672	0	2045
	<i>pilR</i>	1422	17	88597	98.805	1422	100%	17	0	1	1422	48133	46712	0	2532
	<i>pilS</i>	1569	17	88597	98.088	1569	100%	30	0	1	1569	49725	48157	0	2732
	<i>gspO</i>	861	1	347272	97.909	861	100%	18	0	1	861	296237	297097	0	1491
	<i>pilC</i>	1227	1	347272	98.941	1227	100%	13	0	1	1227	295011	296237	0	2194
	<i>pilB</i>	1713	1	347272	98.949	1713	100%	18	0	1	1713	293269	294981	0	3064
	<i>fimV</i>	1365	1	347272	99.267	1365	100%	10	0	1	1365	185646	187010	0	2466
	<i>pilF</i>	801	1	347272	99.376	801	100%	5	0	1	801	106091	105291	0	1452
	<i>pilU</i>	1119	2	321860	98.481	1119	100%	17	0	1	1119	26416	25298	0	1973
	<i>pilT</i>	1038	2	321860	98.073	1038	100%	20	0	1	1038	27481	26444	0	1807
	<i>pilJ</i>	2079	9	162521	99.327	2079	100%	14	0	1	2079	130728	132806	0	3762
	<i>pilI</i>	537	9	162521	99.441	537	100%	3	0	1	537	130145	130681	0	976
	<i>pilH</i>	363	9	162521	99.449	363	100%	2	0	1	363	129722	130084	0	660
	<i>pilG</i>	384	9	162521	99.74	384	100%	1	0	1	384	129315	129698	0	704
	<i>fimT</i>	516	9	162521	98.837	516	100%	6	0	1	516	101011	100496	0	920
	<i>pilE</i>	426	3	238740	100	426	100%	0	0	1	426	142815	142390	0	787
	<i>RS16840</i>	483	3	238740	97.723	483	100%	11	0	1	483	143294	142812	0	832
	<i>pilYI</i>	3855	3	238740	99.326	3855	100%	26	0	1	3855	147161	143307	0	6975
	<i>pilX</i>	819	3	238740	98.657	819	100%	11	0	1	819	147991	147173	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	3	238740	99.202	1002	100%	8	0	1	1002	148989	147988	0	1807
	<i>pilV</i>	561	3	238740	99.643	561	100%	2	0	1	561	149550	148990	0	1026
	<i>fimU</i>	474	3	238740	99.156	474	100%	4	0	1	474	150017	149544	0	854
	<i>pilA</i>	438	3	238740	96.939	98	22%	3	0	1	98	158543	158446	2.59E-41	165
	<i>pilQ</i>	2166	3	238740	98.846	2166	100%	25	0	1	2166	173504	171339	0	3862
	<i>pilP</i>	528	3	238740	98.485	528	100%	8	0	1	528	174094	173567	0	931
	<i>pilO</i>	741	3	238740	98.92	741	100%	8	0	1	741	174845	174105	0	1325
	<i>pilN</i>	642	3	238740	99.377	642	100%	4	0	1	642	175483	174842	0	1164
	<i>pilM</i>	1059	3	238740	99.15	1059	100%	9	0	1	1059	176541	175483	0	1906
	<i>bap</i>	6069	29	37982	98.475	5246	86%	70	9	829	6069	37703	32463	0	9236
	<i>csuA-B</i>	537	20	80254	98.51	537	100%	8	0	1	537	10897	10361	0	948

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A20997	<i>csuA</i>	548	20	80254	97.814	549	100%	11	1	1	548	10286	9738	0	946
	<i>csuB</i>	519	20	80254	98.844	519	100%	6	0	1	519	9732	9214	0	926
	<i>csuC</i>	834	20	80254	98.681	834	100%	11	0	1	834	9220	8387	0	1480
	<i>csuD</i>	2499	20	80254	98.279	2499	100%	43	0	1	2499	8390	5892	0	4377
	<i>csuE</i>	1020	20	80254	98.039	1020	100%	20	0	1	1020	5895	4876	0	1773
	<i>pgaA</i>	2439	15	93152	98.36	2439	100%	40	0	1	2439	47846	50284	0	4283
	<i>pgaB</i>	1830	15	93152	98.47	1830	100%	28	0	1	1830	50284	52113	0	3225
	<i>pgaC</i>	1248	15	93152	97.837	1248	100%	27	0	1	1248	52113	53360	0	2156
	<i>pgaD</i>	465	15	93152	98.065	465	100%	9	0	1	465	53357	53821	0	809
	<i>abaI</i>	567	8	165451	99.295	567	100%	4	0	1	567	104041	103475	0	1026
<i>abaR</i>	717	8	165451	98.605	717	100%	10	0	1	717	105282	105998	0	1269	
A201742	<i>tsaP</i>	1155	26	51656	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	45939	44785	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	20	79904	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	39436	38015	0	2466
	<i>pilS</i>	1569	20	79904	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	41029	39461	0	2726
	<i>gspO</i>	861	6	139982	100	861	100%	0	0	1	861	51045	50185	0	1591
	<i>pilC</i>	1227	6	139982	100	1227	100%	0	0	1	1227	52271	51045	0	2266
	<i>pilB</i>	1713	6	139982	100	1713	100%	0	0	1	1713	54013	52301	0	3164
	<i>fimV</i>	1365	1	223972	100	1365	100%	0	0	1	1365	202500	203864	0	2521
	<i>pilF</i>	801	1	223972	100	801	100%	0	0	1	801	123391	122591	0	1480
	<i>pilU</i>	1119	5	164611	100	1119	100%	0	0	1	1119	16901	15783	0	2067
	<i>pilT</i>	1038	5	164611	100	1038	100%	0	0	1	1038	17966	16929	0	1917
	<i>pilJ</i>	2079	19	82224	100	2079	100%	0	0	1	2079	16785	18863	0	3840
	<i>pilI</i>	537	19	82224	100	537	100%	0	0	1	537	16202	16738	0	992
	<i>pilH</i>	363	19	82224	100	363	100%	0	0	1	363	15779	16141	0	671
	<i>pilG</i>	384	19	82224	100	384	100%	0	0	1	384	15372	15755	0	710
	<i>fimT</i>	516	11	114069	100	516	100%	0	0	1	516	12942	13457	0	953
	<i>pilE</i>	426	4	177763	100	426	100%	0	0	1	426	152637	153062	0	787
	<i>RS16840</i>	483	4	177763	100	483	100%	0	0	1	483	152158	152640	0	893
	<i>pilYI</i>	3855	4	177763	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	148291	152145	0	6876
	<i>pilX</i>	819	4	177763	98.657	819	100%	11	0	1	819	147461	148279	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	4	177763	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	146463	147464	0	1812
	<i>pilV</i>	561	4	177763	99.822	561	100%	1	0	1	561	145902	146462	0	1031
	<i>fimU</i>	474	4	177763	98.523	474	100%	7	0	1	474	145435	145908	0	837
	<i>pilA</i>	438	4	177763	96.119	438	100%	14	2	1	438	135702	136136	0	712
	<i>pilQ</i>	2166	4	177763	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	120743	122908	0	3812
	<i>pilP</i>	528	4	177763	99.242	528	100%	4	0	1	528	120148	120675	0	953
	<i>pilO</i>	741	4	177763	99.595	741	100%	3	0	1	741	119397	120137	0	1352
	<i>pilN</i>	642	4	177763	99.533	642	100%	3	0	1	642	118759	119400	0	1170
	<i>pilM</i>	1059	4	177763	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	117701	118759	0	1884
	<i>bap</i>	6069	18	86039	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	1	5662	0	10445
	<i>bap</i>	6069	18	86039	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.04E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	181	172	97.076	171	3%	5	0	82	252	171	1	2.06E-77	289
	<i>bap</i>	6069	181	172	92.647	68	1%	5	0	409	476	171	104	3.73E-20	99
	<i>bap</i>	6069	192	109	100	109	2%	0	0	299	407	109	1	2.76E-51	202
	<i>bap</i>	6069	192	109	92.5	80	1%	6	0	1	80	80	1	3.70E-25	115
	<i>bap</i>	6069	185	143	89.474	76	1%	8	0	84	159	78	3	1.34E-19	97.1
	<i>csuA-B</i>	537	30	42501	100	537	100%	0	0	1	537	19243	19779	0	992
	<i>csuA</i>	548	30	42501	99.818	549	100%	0	1	1	548	19854	20402	0	1007
	<i>csuB</i>	519	30	42501	100	519	100%	0	0	1	519	20408	20926	0	959
	<i>csuC</i>	834	30	42501	100	834	100%	0	0	1	834	20920	21753	0	1541
	<i>csuD</i>	2499	30	42501	100	2499	100%	0	0	1	2499	21750	24248	0	4615
<i>csuE</i>	1020	30	42501	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	24245	25264	0	1873	
<i>pgaA</i>	2439	9	126407	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	90918	88480	0	4494	
<i>pgaB</i>	1830	9	126407	100	1830	100%	0	0	1	1830	88480	86651	0	3380	
<i>pgaC</i>	1248	9	126407	100	1248	100%	0	0	1	1248	86651	85404	0	2305	
<i>pgaD</i>	465	9	126407	100	465	100%	0	0	1	465	85407	84943	0	859	
<i>abaI</i>	567	24	57233	98.765	567	100%	7	0	1	567	2122	2688	0	1009	
<i>abaR</i>	717	24	57233	98.466	717	100%	11	0	1	717	882	166	0	1264	
A201836	<i>tsaP</i>	1155	34	43786	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	38162	37008	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	17	74502	98.805	1422	100%	17	0	1	1422	34038	32617	0	2532
	<i>pilS</i>	1569	17	74502	98.088	1569	100%	30	0	1	1569	35630	34062	0	2732
	<i>gspO</i>	861	1	239633	97.909	861	100%	18	0	1	861	18598	17738	0	1491
	<i>pilC</i>	1227	1	239633	98.941	1227	100%	13	0	1	1227	19824	18598	0	2194
	<i>pilB</i>	1713	1	239633	98.949	1713	100%	18	0	1	1713	21566	19854	0	3064

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A201836	<i>fimV</i>	1365	1	239633	99.267	1365	100%	10	0	1	1365	129092	127728	0	2466
	<i>pilF</i>	801	1	239633	99.376	801	100%	5	0	1	801	208647	209447	0	1452
	<i>pilU</i>	1119	53	24591	98.391	1119	100%	18	0	1	1119	20245	21363	0	1967
	<i>pilT</i>	1038	53	24591	98.17	1038	100%	19	0	1	1038	19180	20217	0	1812
	<i>pilJ</i>	2079	4	151002	99.327	2079	100%	14	0	1	2079	59494	57416	0	3762
	<i>pilI</i>	537	4	151002	99.441	537	100%	3	0	1	537	60077	59541	0	976
	<i>pilH</i>	363	4	151002	99.449	363	100%	2	0	1	363	60500	60138	0	660
	<i>pilG</i>	384	4	151002	99.74	384	100%	1	0	1	384	60907	60524	0	704
	<i>fimT</i>	516	4	151002	98.837	516	100%	6	0	1	516	89211	89726	0	920
	<i>pilE</i>	426	3	159777	91.315	426	100%	37	0	1	426	115889	116314	5.88E-167	582
	<i>RS16840</i>	483	3	159777	98.344	483	100%	8	0	1	483	115410	115892	0	848
	<i>pilY1</i>	3855	3	159777	99.222	3855	100%	30	0	1	3855	111543	115397	0	6953
	<i>pilX</i>	819	3	159777	98.535	819	100%	12	0	1	819	110713	111531	0	1447
	<i>pilW</i>	1002	3	159777	98.603	1002	100%	14	0	1	1002	109715	110716	0	1773
	<i>pilV</i>	561	3	159777	99.109	561	100%	5	0	1	561	109154	109714	0	1009
	<i>fimU</i>	474	3	159777	98.945	474	100%	5	0	1	474	108687	109160	0	848
	<i>pilA</i>	438	3	159777	95.89	438	100%	15	2	1	438	98952	99386	0	706
	<i>pilQ</i>	2166	3	159777	98.846	2166	100%	25	0	1	2166	83995	86160	0	3862
	<i>pilP</i>	528	3	159777	98.485	528	100%	8	0	1	528	83405	83932	0	931
	<i>pilO</i>	741	3	159777	99.055	741	100%	7	0	1	741	82654	83394	0	1330
	<i>pilN</i>	642	3	159777	99.377	642	100%	4	0	1	642	82016	82657	0	1164
	<i>pilM</i>	1059	3	159777	99.15	1059	100%	9	0	1	1059	80958	82016	0	1906
	<i>bap</i>	6069	20	62393	98.475	5246	86%	70	9	829	6069	62234	56994	0	9236
	<i>csuA-B</i>	537	45	32911	98.51	537	100%	8	0	1	537	22314	22850	0	948
	<i>csuA</i>	548	45	32911	97.814	549	100%	11	1	1	548	22925	23473	0	946
	<i>csuB</i>	519	45	32911	98.844	519	100%	6	0	1	519	23479	23997	0	926
	<i>csuC</i>	834	45	32911	98.681	834	100%	11	0	1	834	23991	24824	0	1480
	<i>csuD</i>	2499	45	32911	98.279	2499	100%	43	0	1	2499	24821	27319	0	4377
	<i>csuE</i>	1020	45	32911	97.941	1020	100%	21	0	1	1020	27316	28335	0	1768
	<i>pgaA</i>	2439	19	66723	98.319	2439	100%	41	0	1	2439	37495	39933	0	4277
	<i>pgaB</i>	1830	19	66723	98.47	1830	100%	28	0	1	1830	39933	41762	0	3225
	<i>pgaC</i>	1248	19	66723	97.837	1248	100%	27	0	1	1248	41762	43009	0	2156
	<i>pgaD</i>	465	19	66723	98.065	465	100%	9	0	1	465	43006	43470	0	809
<i>abaI</i>	567	6	119885	98.765	567	100%	7	0	1	567	18218	18784	0	1009	
<i>abaR</i>	717	6	119885	98.466	717	100%	11	0	1	717	16978	16262	0	1264	
A201863	<i>tsaP</i>	1155	23	59074	98.615	1155	100%	16	0	1	1155	53449	52295	0	2045
	<i>pilR</i>	1422	15	88597	98.805	1422	100%	17	0	1	1422	48133	46712	0	2532
	<i>pilS</i>	1569	15	88597	98.088	1569	100%	30	0	1	1569	49725	48157	0	2732
	<i>gspO</i>	861	1	347174	97.909	861	100%	18	0	1	861	51036	50176	0	1491
	<i>pilC</i>	1227	1	347174	98.941	1227	100%	13	0	1	1227	52262	51036	0	2194
	<i>pilB</i>	1713	1	347174	98.949	1713	100%	18	0	1	1713	54004	52292	0	3064
	<i>fimV</i>	1365	1	347174	99.267	1365	100%	10	0	1	1365	161529	160165	0	2466
	<i>pilF</i>	801	1	347174	99.376	801	100%	5	0	1	801	241084	241884	0	1452
	<i>pilU</i>	1119	4	156195	98.481	1119	100%	17	0	1	1119	129832	130950	0	1973
	<i>pilT</i>	1038	4	156195	98.073	1038	100%	20	0	1	1038	128767	129804	0	1807
	<i>pilJ</i>	2079	26	58100	99.327	2079	100%	14	0	1	2079	47114	49192	0	3762
	<i>pilI</i>	537	26	58100	99.441	537	100%	3	0	1	537	46531	47067	0	976
	<i>pilH</i>	363	26	58100	99.449	363	100%	2	0	1	363	46108	46470	0	660
	<i>pilG</i>	384	26	58100	99.74	384	100%	1	0	1	384	45701	46084	0	704
	<i>fimT</i>	516	26	58100	98.837	516	100%	6	0	1	516	17397	16882	0	920
	<i>pilE</i>	426	20	64223	100	426	100%	0	0	1	426	12946	12521	0	787
	<i>RS16840</i>	483	20	64223	97.723	483	100%	11	0	1	483	13425	12943	0	832
	<i>pilY1</i>	3855	20	64223	99.326	3855	100%	26	0	1	3855	17292	13438	0	6975
	<i>pilX</i>	819	20	64223	98.657	819	100%	11	0	1	819	18122	17304	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	20	64223	99.202	1002	100%	8	0	1	1002	19120	18119	0	1807
	<i>pilV</i>	561	20	64223	99.643	561	100%	2	0	1	561	19681	19121	0	1026
	<i>fimU</i>	474	20	64223	99.156	474	100%	4	0	1	474	20148	19675	0	854
	<i>pilA</i>	438	20	64223	96.939	98	22%	3	0	1	98	28674	28577	2.55E-41	165
	<i>pilQ</i>	2166	20	64223	98.846	2166	100%	25	0	1	2166	43635	41470	0	3862
	<i>pilP</i>	528	20	64223	98.485	528	100%	8	0	1	528	44225	43698	0	931
	<i>pilO</i>	741	20	64223	98.92	741	100%	8	0	1	741	44976	44236	0	1325
	<i>pilN</i>	642	20	64223	99.377	642	100%	4	0	1	642	45614	44973	0	1164
	<i>pilM</i>	1059	20	64223	99.15	1059	100%	9	0	1	1059	46672	45614	0	1906
	<i>bap</i>	6069	19	70434	98.475	5246	86%	70	9	829	6069	70278	65038	0	9236

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
A201863	<i>csuA-B</i>	537	17	79601	98.51	537	100%	8	0	1	537	68706	69242	0	948	
	<i>csuA</i>	548	17	79601	97.814	549	100%	11	1	1	548	69317	69865	0	946	
	<i>csuB</i>	519	17	79601	98.844	519	100%	6	0	1	519	69871	70389	0	926	
	<i>csuC</i>	834	17	79601	98.681	834	100%	11	0	1	834	70383	71216	0	1480	
	<i>csuD</i>	2499	17	79601	98.279	2499	100%	43	0	1	2499	71213	73711	0	4377	
	<i>csuE</i>	1020	17	79601	98.039	1020	100%	20	0	1	1020	73708	74727	0	1773	
	<i>pgaA</i>	2439	12	93152	98.36	2439	100%	40	0	1	2439	45307	42869	0	4283	
	<i>pgaB</i>	1830	12	93152	98.47	1830	100%	28	0	1	1830	42869	41040	0	3225	
	<i>pgaC</i>	1248	12	93152	97.837	1248	100%	27	0	1	1248	41040	39793	0	2156	
	<i>pgaD</i>	465	12	93152	98.065	465	100%	9	0	1	465	39796	39332	0	809	
	<i>abaI</i>	567	10	106246	99.295	567	100%	4	0	1	567	104032	103466	0	1026	
	<i>abaR</i>	717	10	106246	98.605	717	100%	10	0	1	717	105273	105989	0	1269	
	A201884	<i>tsaP</i>	1155	6	162451	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	5624	6778	0	2067
<i>pilR</i>		1422	14	105785	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	39978	41399	0	2466	
<i>pilS</i>		1569	14	105785	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	38385	39953	0	2726	
<i>gspO</i>		861	1	364029	100	861	100%	0	0	1	861	51045	50185	0	1591	
<i>pilC</i>		1227	1	364029	100	1227	100%	0	0	1	1227	52271	51045	0	2266	
<i>pilB</i>		1713	1	364029	100	1713	100%	0	0	1	1713	54013	52301	0	3164	
<i>fimV</i>		1365	1	364029	100	1365	100%	0	0	1	1365	161471	160107	0	2521	
<i>pilF</i>		801	1	364029	100	801	100%	0	0	1	801	240580	241380	0	1480	
<i>pilU</i>		1119	2	252202	100	1119	100%	0	0	1	1119	17042	15924	0	2067	
<i>pilT</i>		1038	2	252202	100	1038	100%	0	0	1	1038	18107	17070	0	1917	
<i>pilJ</i>		2079	36	27710	100	2079	100%	0	0	1	2079	16785	18863	0	3840	
<i>pilI</i>		537	36	27710	100	537	100%	0	0	1	537	16202	16738	0	992	
<i>pilH</i>		363	36	27710	100	363	100%	0	0	1	363	15779	16141	0	671	
<i>pilG</i>		384	36	27710	100	384	100%	0	0	1	384	15372	15755	0	710	
<i>fimT</i>		516	17	75059	100	516	100%	0	0	1	516	12941	13456	0	953	
<i>pilE</i>		426	5	189449	100	426	100%	0	0	1	426	52734	52309	0	787	
<i>RS16840</i>		483	5	189449	100	483	100%	0	0	1	483	53213	52731	0	893	
<i>pilY1</i>		3855	5	189449	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	57080	53226	0	6876	
<i>pilX</i>		819	5	189449	98.657	819	100%	11	0	1	819	57910	57092	0	1452	
<i>pilW</i>		1002	5	189449	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	58908	57907	0	1812	
<i>pilV</i>		561	5	189449	99.822	561	100%	1	0	1	561	59469	58909	0	1031	
<i>fimU</i>		474	5	189449	98.523	474	100%	7	0	1	474	59936	59463	0	837	
<i>pilA</i>		438	5	189449	96.119	438	100%	14	2	1	438	69669	69235	0	712	
<i>pilQ</i>		2166	5	189449	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	84628	82463	0	3812	
<i>pilP</i>		528	5	189449	99.242	528	100%	4	0	1	528	85223	84696	0	953	
<i>pilO</i>		741	5	189449	99.595	741	100%	3	0	1	741	85974	85234	0	1352	
<i>pilN</i>		642	5	189449	99.533	642	100%	3	0	1	642	86612	85971	0	1170	
<i>pilM</i>		1059	5	189449	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	87670	86612	0	1884	
<i>bap</i>		6069	33	37652	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	1	5662	0	10445	
<i>bap</i>		6069	33	37652	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.07E-15	84.2	
<i>bap</i>		6069	118	147	100	147	2%	0	0	106	252	1	147	2.13E-72	272	
<i>bap</i>		6069	118	147	97.368	38	1%	1	0	433	470	1	38	3.87E-10	65.8	
<i>bap</i>		6069	117	151	92.715	151	2%	11	0	87	237	1	151	2.81E-56	219	
<i>bap</i>		6069	117	151	95.161	62	1%	3	0	415	476	2	63	3.82E-20	99	
<i>bap</i>		6069	120	133	90.909	66	1%	6	0	84	149	68	3	2.30E-17	89.8	
<i>csuA-B</i>		537	7	152882	100	537	100%	0	0	1	537	23259	22723	0	992	
<i>csuA</i>		548	7	152882	99.818	549	100%	0	1	1	548	22648	22100	0	1007	
<i>csuB</i>		519	7	152882	100	519	100%	0	0	1	519	22094	21576	0	959	
<i>csuC</i>		834	7	152882	100	834	100%	0	0	1	834	21582	20749	0	1541	
<i>csuD</i>		2499	7	152882	100	2499	100%	0	0	1	2499	20752	18254	0	4615	
<i>csuE</i>		1020	7	152882	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	18257	17238	0	1873	
<i>pgaA</i>		2439	12	111365	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	75876	73438	0	4494	
<i>pgaB</i>		1830	12	111365	100	1830	100%	0	0	1	1830	73438	71609	0	3380	
<i>pgaC</i>		1248	12	111365	100	1248	100%	0	0	1	1248	71609	70362	0	2305	
<i>pgaD</i>		465	12	111365	100	465	100%	0	0	1	465	70365	69901	0	859	
<i>abaI</i>		567	6	162451	98.765	567	100%	7	0	1	567	62200	62766	0	1009	
<i>abaR</i>		717	6	162451	98.466	717	100%	11	0	1	717	60960	60244	0	1264	
A202386		<i>tsaP</i>	1155	7	115927	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	110303	109149	0	2067
		<i>pilR</i>	1422	19	66175	98.805	1422	100%	17	0	1	1422	32141	33562	0	2532
		<i>pilS</i>	1569	19	66175	98.088	1569	100%	30	0	1	1569	30549	32117	0	2732
	<i>gspO</i>	861	2	239732	97.909	861	100%	18	0	1	861	18598	17738	0	1491	
	<i>pilC</i>	1227	2	239732	98.941	1227	100%	13	0	1	1227	19824	18598	0	2194	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
A202386	<i>pilB</i>	1713	2	239732	98.949	1713	100%	18	0	1	1713	21566	19854	0	3064	
	<i>fimV</i>	1365	2	239732	99.267	1365	100%	10	0	1	1365	129191	127827	0	2466	
	<i>pilF</i>	801	2	239732	99.376	801	100%	5	0	1	801	208746	209546	0	1452	
	<i>pilU</i>	1119	44	28641	98.391	1119	100%	18	0	1	1119	24295	25413	0	1967	
	<i>pilT</i>	1038	44	28641	98.17	1038	100%	19	0	1	1038	23230	24267	0	1812	
	<i>pilJ</i>	2079	10	102495	99.327	2079	100%	14	0	1	2079	10987	8909	0	3762	
	<i>pilI</i>	537	10	102495	99.441	537	100%	3	0	1	537	11570	11034	0	976	
	<i>pilH</i>	363	10	102495	99.449	363	100%	2	0	1	363	11993	11631	0	660	
	<i>pilG</i>	384	10	102495	99.74	384	100%	1	0	1	384	12400	12017	0	704	
	<i>fimT</i>	516	10	102495	98.837	516	100%	6	0	1	516	40704	41219	0	920	
	<i>pilE</i>	426	6	119139	91.315	426	100%	37	0	1	426	1607	2032	5.72E-167	582	
	RS16840	483	6	119139	98.344	483	100%	8	0	1	483	1128	1610	0	848	
	<i>pilYI</i>	3855	8	114285	99.307	2743	71%	19	0	1	2743	111543	114285	0	4961	
	<i>pilYI</i>	3855	6	119139	99.013	1115	29%	11	0	2741	3855	1	1115	0	1999	
	<i>pilX</i>	819	8	114285	98.535	819	100%	12	0	1	819	110713	111531	0	1447	
	<i>pilW</i>	1002	8	114285	98.603	1002	100%	14	0	1	1002	109715	110716	0	1773	
	<i>pilV</i>	561	8	114285	99.109	561	100%	5	0	1	561	109154	109714	0	1009	
	<i>fimU</i>	474	8	114285	98.945	474	100%	5	0	1	474	108687	109160	0	848	
	<i>pilA</i>	438	8	114285	95.89	438	100%	15	2	1	438	98952	99386	0	706	
	<i>pilQ</i>	2166	8	114285	98.846	2166	100%	25	0	1	2166	83995	86160	0	3862	
	<i>pilP</i>	528	8	114285	98.485	528	100%	8	0	1	528	83405	83932	0	931	
	<i>pilO</i>	741	8	114285	99.055	741	100%	7	0	1	741	82654	83394	0	1330	
	<i>pilN</i>	642	8	114285	99.377	642	100%	4	0	1	642	82016	82657	0	1164	
	<i>pilM</i>	1059	8	114285	99.15	1059	100%	9	0	1	1059	80958	82016	0	1906	
	<i>bap</i>	6069	36	37981	98.475	5246	86%	70	9	829	6069	280	5520	0	9236	
	csuA-B	537	41	31976	98.51	537	100%	8	0	1	537	21379	21915	0	948	
	<i>csuA</i>	548	41	31976	97.814	549	100%	11	1	1	548	21990	22538	0	946	
	<i>csuB</i>	519	41	31976	98.844	519	100%	6	0	1	519	22544	23062	0	926	
	<i>csuC</i>	834	41	31976	98.681	834	100%	11	0	1	834	23056	23889	0	1480	
	<i>csuD</i>	2499	41	31976	98.279	2499	100%	43	0	1	2499	23886	26384	0	4377	
	<i>csuE</i>	1020	41	31976	97.843	1020	100%	22	0	1	1020	26381	27400	0	1762	
	<i>pgaA</i>	2439	18	66720	98.319	2439	100%	41	0	1	2439	37495	39933	0	4277	
	<i>pgaB</i>	1830	18	66720	98.47	1830	100%	28	0	1	1830	39933	41762	0	3225	
	<i>pgaC</i>	1248	18	66720	97.837	1248	100%	27	0	1	1248	41762	43009	0	2156	
	<i>pgaD</i>	465	18	66720	98.065	465	100%	9	0	1	465	43006	43470	0	809	
	<i>abaI</i>	567	7	115927	98.765	567	100%	7	0	1	567	53727	53161	0	1009	
	<i>abaR</i>	717	7	115927	98.466	717	100%	11	0	1	717	54967	55683	0	1264	
	A2112	<i>tsaP</i>	1155	8	163598	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	157975	156821	0	2067
		<i>pilR</i>	1422	19	65409	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	24941	23520	0	2466
		<i>pilS</i>	1569	19	65409	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	26534	24966	0	2726
		<i>gspO</i>	861	1	364158	100	861	100%	0	0	1	861	313114	313974	0	1591
		<i>pilC</i>	1227	1	364158	100	1227	100%	0	0	1	1227	311888	313114	0	2266
<i>pilB</i>		1713	1	364158	100	1713	100%	0	0	1	1713	310146	311858	0	3164	
<i>fimV</i>		1365	1	364158	100	1365	100%	0	0	1	1365	202522	203886	0	2521	
<i>pilF</i>		801	1	364158	100	801	100%	0	0	1	801	123413	122613	0	1480	
<i>pilU</i>		1119	10	134858	100	1119	100%	0	0	1	1119	117806	118924	0	2067	
<i>pilT</i>		1038	10	134858	100	1038	100%	0	0	1	1038	116741	117778	0	1917	
<i>pilJ</i>		2079	9	147030	100	2079	100%	0	0	1	2079	130247	128169	0	3840	
<i>pilI</i>		537	9	147030	100	537	100%	0	0	1	537	130830	130294	0	992	
<i>pilH</i>		363	9	147030	100	363	100%	0	0	1	363	131253	130891	0	671	
<i>pilG</i>		384	9	147030	100	384	100%	0	0	1	384	131660	131277	0	710	
<i>fimT</i>		516	13	114115	100	516	100%	0	0	1	516	101174	100659	0	953	
<i>pilE</i>		426	3	266496	100	426	100%	0	0	1	426	126660	127085	0	787	
RS16840		483	3	266496	100	483	100%	0	0	1	483	126181	126663	0	893	
<i>pilYI</i>		3855	3	266496	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	122314	126168	0	6876	
<i>pilX</i>		819	3	266496	98.657	819	100%	11	0	1	819	121484	122302	0	1452	
<i>pilW</i>		1002	3	266496	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	120486	121487	0	1812	
<i>pilV</i>		561	3	266496	99.822	561	100%	1	0	1	561	119925	120485	0	1031	
<i>fimU</i>		474	3	266496	98.523	474	100%	7	0	1	474	119458	119931	0	837	
<i>pilA</i>		438	3	266496	96.119	438	100%	14	2	1	438	109725	110159	0	712	
<i>pilQ</i>	2166	3	266496	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	94766	96931	0	3812		
<i>pilP</i>	528	3	266496	99.242	528	100%	4	0	1	528	94171	94698	0	953		
<i>pilO</i>	741	3	266496	99.595	741	100%	3	0	1	741	93420	94160	0	1352		
<i>pilN</i>	642	3	266496	99.533	642	100%	3	0	1	642	92782	93423	0	1170		

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A2112	<i>pilM</i>	1059	3	266496	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	91724	92782	0	1884
	<i>bap</i>	6069	16	86039	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	86039	80378	0	10445
	<i>bap</i>	6069	16	86039	88.406	69	1%	8	0	81	149	86039	85971	1.05E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	99	222	96.833	221	4%	7	0	82	302	221	1	7.20E-102	370
	<i>bap</i>	6069	99	222	92.647	68	1%	5	0	409	476	221	154	3.75E-20	99
	<i>bap</i>	6069	114	105	100	105	2%	0	0	303	407	105	1	4.65E-49	195
	<i>bap</i>	6069	114	105	92.5	80	1%	6	0	1	80	80	1	3.73E-25	115
	<i>bap</i>	6069	111	112	87.5	112	2%	14	0	191	302	1	112	1.33E-29	130
	<i>bap</i>	6069	103	143	89.474	76	1%	8	0	84	159	66	141	1.35E-19	97.1
	<i>csuA-B</i>	537	20	61724	100	537	100%	0	0	1	537	22973	22437	0	992
	<i>csuA</i>	548	20	61724	99.818	549	100%	0	1	1	548	22362	21814	0	1007
	<i>csuB</i>	519	20	61724	100	519	100%	0	0	1	519	21808	21290	0	959
	<i>csuC</i>	834	20	61724	100	834	100%	0	0	1	834	21296	20463	0	1541
	<i>csuD</i>	2499	20	61724	100	2499	100%	0	0	1	2499	20466	17968	0	4615
	<i>csuE</i>	1020	20	61724	99.902	1020	100%	1	0	1	1020	17971	16952	0	1879
	<i>pgaA</i>	2439	11	131814	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	33855	36293	0	4494
	<i>pgaB</i>	1830	11	131814	100	1830	100%	0	0	1	1830	36293	38122	0	3380
	<i>pgaC</i>	1248	11	131814	100	1248	100%	0	0	1	1248	38122	39369	0	2305
	<i>pgaD</i>	465	11	131814	100	465	100%	0	0	1	465	39366	39830	0	859
	<i>abaI</i>	567	8	163598	98.765	567	100%	7	0	1	567	101399	100833	0	1009
<i>abaR</i>	717	8	163598	98.466	717	100%	11	0	1	717	102639	103355	0	1264	
A21273	<i>tsaP</i>	1155	14	93346	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	5624	6778	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	13	109126	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	68658	67237	0	2466
	<i>pilS</i>	1569	13	109126	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	70251	68683	0	2726
	<i>gspO</i>	861	1	341885	100	861	100%	0	0	1	861	313114	313974	0	1591
	<i>pilC</i>	1227	1	341885	100	1227	100%	0	0	1	1227	311888	313114	0	2266
	<i>pilB</i>	1713	1	341885	100	1713	100%	0	0	1	1713	310146	311858	0	3164
	<i>fimV</i>	1365	1	341885	100	1365	100%	0	0	1	1365	202522	203886	0	2521
	<i>pilF</i>	801	1	341885	100	801	100%	0	0	1	801	123413	122613	0	1480
	<i>pilU</i>	1119	23	49625	100	1119	100%	0	0	1	1119	27204	26086	0	2067
	<i>pilT</i>	1038	23	49625	100	1038	100%	0	0	1	1038	28269	27232	0	1917
	<i>pilJ</i>	2079	9	146981	100	2079	100%	0	0	1	2079	130197	128119	0	3840
	<i>pilI</i>	537	9	146981	100	537	100%	0	0	1	537	130780	130244	0	992
	<i>pilH</i>	363	9	146981	100	363	100%	0	0	1	363	131203	130841	0	671
	<i>pilG</i>	384	9	146981	100	384	100%	0	0	1	384	131610	131227	0	710
	<i>fimT</i>	516	30	38075	100	516	100%	0	0	1	516	12942	13457	0	953
	<i>pilE</i>	426	2	292473	100	426	100%	0	0	1	426	152637	153062	0	787
	<i>RS16840</i>	483	2	292473	100	483	100%	0	0	1	483	152158	152640	0	893
	<i>pilYI</i>	3855	2	292473	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	148291	152145	0	6876
	<i>pilX</i>	819	2	292473	98.657	819	100%	11	0	1	819	147461	148279	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	2	292473	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	146463	147464	0	1812
	<i>pilV</i>	561	2	292473	99.822	561	100%	1	0	1	561	145902	146462	0	1031
	<i>fimU</i>	474	2	292473	98.523	474	100%	7	0	1	474	145435	145908	0	837
	<i>pilA</i>	438	2	292473	96.119	438	100%	14	2	1	438	135702	136136	0	712
	<i>pilQ</i>	2166	2	292473	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	120743	122908	0	3812
	<i>pilP</i>	528	2	292473	99.242	528	100%	4	0	1	528	120148	120675	0	953
	<i>pilO</i>	741	2	292473	99.595	741	100%	3	0	1	741	119397	120137	0	1352
	<i>pilN</i>	642	2	292473	99.533	642	100%	3	0	1	642	118759	119400	0	1170
	<i>pilM</i>	1059	2	292473	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	117701	118759	0	1884
	<i>bap</i>	6069	15	86039	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	1	5662	0	10445
	<i>bap</i>	6069	15	86039	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.06E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	90	302	99.338	302	5%	2	0	106	407	302	1	3.11E-155	547
	<i>bap</i>	6069	90	302	92.5	80	1%	6	0	1	80	80	1	3.74E-25	115
	<i>bap</i>	6069	90	302	95.122	41	1%	2	0	436	476	299	259	3.82E-10	65.8
	<i>bap</i>	6069	115	101	97.222	36	1%	1	0	84	119	66	101	4.94E-09	62.1
	<i>csuA-B</i>	537	31	34999	100	537	100%	0	0	1	537	18168	18704	0	992
	<i>csuA</i>	548	31	34999	99.818	549	100%	0	1	1	548	18779	19327	0	1007
	<i>csuB</i>	519	31	34999	100	519	100%	0	0	1	519	19333	19851	0	959
	<i>csuC</i>	834	31	34999	100	834	100%	0	0	1	834	19845	20678	0	1541
	<i>csuD</i>	2499	31	34999	100	2499	100%	0	0	1	2499	20675	23173	0	4615
	<i>csuE</i>	1020	31	34999	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	23170	24189	0	1873
<i>pgaA</i>	2439	10	133449	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	97960	95522	0	4494	
<i>pgaB</i>	1830	10	133449	99.945	1830	100%	1	0	1	1830	95522	93693	0	3374	
<i>pgaC</i>	1248	10	133449	100	1248	100%	0	0	1	1248	93693	92446	0	2305	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A21273	<i>pgaD</i>	465	10	133449	100	465	100%	0	0	1	465	92449	91985	0	859
	<i>abaI</i>	567	14	93346	99.295	567	100%	4	0	1	567	62201	62767	0	1026
	<i>abaR</i>	717	14	93346	98.605	717	100%	10	0	1	717	60960	60244	0	1269
A21315	<i>tsaP</i>	1155	28	59430	98.615	1155	100%	16	0	1	1155	5626	6780	0	2045
	<i>pilR</i>	1422	26	61174	98.805	1422	100%	17	0	1	1422	26697	28118	0	2532
	<i>pilS</i>	1569	26	61174	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	25105	26673	0	2726
	<i>gspO</i>	861	9	108546	97.909	861	100%	18	0	1	861	19472	18612	0	1491
	<i>pilC</i>	1227	9	108546	98.941	1227	100%	13	0	1	1227	20698	19472	0	2194
	<i>pilB</i>	1713	9	108546	98.949	1713	100%	18	0	1	1713	22440	20728	0	3064
	<i>fimV</i>	1365	3	122488	99.267	1365	100%	10	0	1	1365	12818	11454	0	2466
	<i>pilF</i>	801	3	122488	99.376	801	100%	5	0	1	801	92373	93173	0	1452
	<i>pilU</i>	1119	5	116609	98.481	1119	100%	17	0	1	1119	26364	25246	0	1973
	<i>pilT</i>	1038	5	116609	98.073	1038	100%	20	0	1	1038	27429	26392	0	1807
	<i>pilJ</i>	2079	20	74842	99.327	2079	100%	14	0	1	2079	27148	25070	0	3762
	<i>pilI</i>	537	20	74842	99.441	537	100%	3	0	1	537	27731	27195	0	976
	<i>pilH</i>	363	20	74842	99.449	363	100%	2	0	1	363	28154	27792	0	660
	<i>pilG</i>	384	20	74842	99.74	384	100%	1	0	1	384	28561	28178	0	704
	<i>fimT</i>	516	20	74842	98.837	516	100%	6	0	1	516	56865	57380	0	920
	<i>pilE</i>	426	7	115215	100	426	100%	0	0	1	426	95926	96351	0	787
	<i>RS16840</i>	483	7	115215	97.516	483	100%	12	0	1	483	95447	95929	0	826
	<i>pilY1</i>	3855	7	115215	99.326	3855	100%	26	0	1	3855	91580	95434	0	6975
	<i>pilX</i>	819	7	115215	98.657	819	100%	11	0	1	819	90750	91568	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	7	115215	99.202	1002	100%	8	0	1	1002	89752	90753	0	1807
	<i>pilV</i>	561	7	115215	99.643	561	100%	2	0	1	561	89191	89751	0	1026
	<i>fimU</i>	474	7	115215	99.156	474	100%	4	0	1	474	88724	89197	0	854
	<i>pilA</i>	438	7	115215	97.895	95	22%	2	0	1	95	80198	80292	2.52E-41	165
	<i>pilQ</i>	2166	7	115215	98.846	2166	100%	25	0	1	2166	65237	67402	0	3862
	<i>pilP</i>	528	7	115215	98.485	528	100%	8	0	1	528	64647	65174	0	931
	<i>pilO</i>	741	7	115215	99.055	741	100%	7	0	1	741	63896	64636	0	1330
	<i>pilN</i>	642	7	115215	99.377	642	100%	4	0	1	642	63258	63899	0	1164
	<i>pilM</i>	1059	7	115215	99.15	1059	100%	9	0	1	1059	62200	63258	0	1906
	<i>bap</i>	6069	25	62029	98.475	5246	86%	70	9	829	6069	61750	56510	0	9236
	<i>csuA-B</i>	537	15	78891	98.51	537	100%	8	0	1	537	14513	13977	0	948
	<i>csuA</i>	548	15	78891	97.814	549	100%	11	1	1	548	13902	13354	0	946
	<i>csuB</i>	519	15	78891	98.844	519	100%	6	0	1	519	13348	12830	0	926
	<i>csuC</i>	834	15	78891	98.681	834	100%	11	0	1	834	12836	12003	0	1480
<i>csuD</i>	2499	15	78891	98.279	2499	100%	43	0	1	2499	12006	9508	0	4377	
<i>csuE</i>	1020	15	78891	98.039	1020	100%	20	0	1	1020	9511	8492	0	1773	
<i>pgaA</i>	2439	12	89151	98.36	2439	100%	40	0	1	2439	43844	46282	0	4283	
<i>pgaB</i>	1830	12	89151	98.47	1830	100%	28	0	1	1830	46282	48111	0	3225	
<i>pgaC</i>	1248	12	89151	97.837	1248	100%	27	0	1	1248	48111	49358	0	2156	
<i>pgaD</i>	465	12	89151	98.065	465	100%	9	0	1	465	49355	49819	0	809	
<i>abaI</i>	567	52	27800	99.295	567	100%	4	0	1	567	1984	2550	0	1026	
<i>abaR</i>	717	52	27800	98.605	717	100%	10	0	1	717	743	27	0	1269	
A21329	<i>tsaP</i>	1155	22	61321	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	55698	54544	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	18	65410	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	40469	41890	0	2466
	<i>pilS</i>	1569	18	65410	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	38876	40444	0	2726
	<i>gspO</i>	861	2	261871	100	861	100%	0	0	1	861	51045	50185	0	1591
	<i>pilC</i>	1227	2	261871	100	1227	100%	0	0	1	1227	52271	51045	0	2266
	<i>pilB</i>	1713	2	261871	100	1713	100%	0	0	1	1713	54013	52301	0	3164
	<i>fimV</i>	1365	2	261871	100	1365	100%	0	0	1	1365	161637	160273	0	2521
	<i>pilF</i>	801	2	261871	100	801	100%	0	0	1	801	240746	241546	0	1480
	<i>pilU</i>	1119	36	35466	100	1119	100%	0	0	1	1119	18422	19540	0	2067
	<i>pilT</i>	1038	36	35466	100	1038	100%	0	0	1	1038	17357	18394	0	1917
	<i>pilJ</i>	2079	41	27807	100	2079	100%	0	0	1	2079	16785	18863	0	3840
	<i>pilI</i>	537	41	27807	100	537	100%	0	0	1	537	16202	16738	0	992
	<i>pilH</i>	363	41	27807	100	363	100%	0	0	1	363	15779	16141	0	671
	<i>pilG</i>	384	41	27807	100	384	100%	0	0	1	384	15372	15755	0	710
	<i>fimT</i>	516	24	51091	100	516	100%	0	0	1	516	12942	13457	0	953
	<i>pilE</i>	426	4	182031	100	426	100%	0	0	1	426	152637	153062	0	787
	<i>RS16840</i>	483	4	182031	100	483	100%	0	0	1	483	152158	152640	0	893
	<i>pilY1</i>	3855	4	182031	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	148291	152145	0	6876
	<i>pilX</i>	819	4	182031	98.657	819	100%	11	0	1	819	147461	148279	0	1452
<i>pilW</i>	1002	4	182031	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	146463	147464	0	1812	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A21329	<i>pilV</i>	561	4	182031	99.822	561	100%	1	0	1	561	145902	146462	0	1031
	<i>fimU</i>	474	4	182031	98.523	474	100%	7	0	1	474	145435	145908	0	837
	<i>pilA</i>	438	4	182031	96.119	438	100%	14	2	1	438	135702	136136	0	712
	<i>pilQ</i>	2166	4	182031	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	120743	122908	0	3812
	<i>pilP</i>	528	4	182031	99.242	528	100%	4	0	1	528	120148	120675	0	953
	<i>pilO</i>	741	4	182031	99.595	741	100%	3	0	1	741	119397	120137	0	1352
	<i>pilN</i>	642	4	182031	99.533	642	100%	3	0	1	642	118759	119400	0	1170
	<i>pilM</i>	1059	4	182031	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	117701	118759	0	1884
	<i>bap</i>	6069	32	37652	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	1	5662	0	10445
	<i>bap</i>	6069	32	37652	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.04E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	148	147	100	147	2%	0	0	106	252	1	147	2.06E-72	272
	<i>bap</i>	6069	148	147	97.368	38	1%	1	0	433	470	1	38	3.75E-10	65.8
	<i>bap</i>	6069	154	110	97.778	45	1%	1	0	84	128	66	110	4.82E-14	78.7
	<i>csuA-B</i>	537	6	162739	100	537	100%	0	0	1	537	23108	22572	0	992
	<i>csuA</i>	548	6	162739	99.818	549	100%	0	1	1	548	22497	21949	0	1007
	<i>csuB</i>	519	6	162739	100	519	100%	0	0	1	519	21943	21425	0	959
	<i>csuC</i>	834	6	162739	100	834	100%	0	0	1	834	21431	20598	0	1541
	<i>csuD</i>	2499	6	162739	100	2499	100%	0	0	1	2499	20601	18103	0	4615
	<i>csuE</i>	1020	6	162739	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	18106	17087	0	1873
	<i>pgaA</i>	2439	13	86382	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	50893	48455	0	4494
	<i>pgaB</i>	1830	13	86382	100	1830	100%	0	0	1	1830	48455	46626	0	3380
	<i>pgaC</i>	1248	13	86382	100	1248	100%	0	0	1	1248	46626	45379	0	2305
	<i>pgaD</i>	465	13	86382	100	465	100%	0	0	1	465	45382	44918	0	859
	<i>abaI</i>	567	11	103291	98.765	567	100%	7	0	1	567	102404	101838	0	1009
	<i>abaR</i>	717	22	61321	98.466	717	100%	11	0	1	717	362	1078	0	1264
A21621	<i>tsaP</i>	1155	13	93346	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	87723	86569	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	12	109126	97.89	1422	100%	30	0	1	1422	40469	41890	0	2460
	<i>pilS</i>	1569	12	109126	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	38876	40444	0	2726
	<i>gspO</i>	861	1	341863	100	861	100%	0	0	1	861	313092	313952	0	1591
	<i>pilC</i>	1227	1	341863	100	1227	100%	0	0	1	1227	311866	313092	0	2266
	<i>pilB</i>	1713	1	341863	100	1713	100%	0	0	1	1713	310124	311836	0	3164
	<i>fimV</i>	1365	1	341863	100	1365	100%	0	0	1	1365	202500	203864	0	2521
	<i>pilF</i>	801	1	341863	100	801	100%	0	0	1	801	123391	122591	0	1480
	<i>pilU</i>	1119	29	39467	100	1119	100%	0	0	1	1119	22422	23540	0	2067
	<i>pilT</i>	1038	29	39467	100	1038	100%	0	0	1	1038	21357	22394	0	1917
	<i>pilJ</i>	2079	8	146981	100	2079	100%	0	0	1	2079	16785	18863	0	3840
	<i>pilI</i>	537	8	146981	100	537	100%	0	0	1	537	16202	16738	0	992
	<i>pilH</i>	363	8	146981	100	363	100%	0	0	1	363	15779	16141	0	671
	<i>pilG</i>	384	8	146981	100	384	100%	0	0	1	384	15372	15755	0	710
	<i>fimT</i>	516	31	38075	100	516	100%	0	0	1	516	25134	24619	0	953
	<i>pilE</i>	426	5	182031	100	426	100%	0	0	1	426	29395	28970	0	787
	<i>RS16840</i>	483	5	182031	100	483	100%	0	0	1	483	29874	29392	0	893
	<i>pilY1</i>	3855	5	182031	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	33741	29887	0	6876
	<i>pilX</i>	819	5	182031	98.657	819	100%	11	0	1	819	34571	33753	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	5	182031	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	35569	34568	0	1812
	<i>pilV</i>	561	5	182031	99.822	561	100%	1	0	1	561	36130	35570	0	1031
	<i>fimU</i>	474	5	182031	98.523	474	100%	7	0	1	474	36597	36124	0	837
	<i>pilA</i>	438	5	182031	96.119	438	100%	14	2	1	438	46330	45896	0	712
	<i>pilQ</i>	2166	5	182031	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	61289	59124	0	3812
	<i>pilP</i>	528	5	182031	99.242	528	100%	4	0	1	528	61884	61357	0	953
	<i>pilO</i>	741	5	182031	99.595	741	100%	3	0	1	741	62635	61895	0	1352
	<i>pilN</i>	642	5	182031	99.533	642	100%	3	0	1	642	63273	62632	0	1170
	<i>pilM</i>	1059	5	182031	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	64331	63273	0	1884
	<i>bap</i>	6069	21	68795	99.965	5662	93%	2	0	408	6069	68795	63134	0	10445
	<i>bap</i>	6069	21	68795	88.406	69	1%	8	0	81	149	68795	68727	1.05E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	123	172	97.076	171	3%	5	0	82	252	171	1	2.08E-77	289
	<i>bap</i>	6069	123	172	92.647	68	1%	5	0	409	476	171	104	3.76E-20	99
	<i>bap</i>	6069	131	108	100	108	2%	0	0	300	407	108	1	1.00E-50	200
	<i>bap</i>	6069	131	108	92.5	80	1%	6	0	1	80	80	1	3.74E-25	115
	<i>bap</i>	6069	125	143	89.474	76	1%	8	0	84	159	78	3	1.35E-19	97.1
	<i>csuA-B</i>	537	32	36074	100	537	100%	0	0	1	537	16832	16296	0	992
	<i>csuA</i>	548	32	36074	99.818	549	100%	0	1	1	548	16221	15673	0	1007
	<i>csuB</i>	519	32	36074	100	519	100%	0	0	1	519	15667	15149	0	959
	<i>csuC</i>	834	32	36074	100	834	100%	0	0	1	834	15155	14322	0	1541

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A21621	<i>csuD</i>	2499	32	36074	100	2499	100%	0	0	1	2499	14325	11827	0	4615
	<i>csuE</i>	1020	32	36074	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	11830	10811	0	1873
	<i>pgaA</i>	2439	9	133449	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	35490	37928	0	4494
	<i>pgaB</i>	1830	9	133449	99.945	1830	100%	1	0	1	1830	37928	39757	0	3374
	<i>pgaC</i>	1248	9	133449	100	1248	100%	0	0	1	1248	39757	41004	0	2305
	<i>pgaD</i>	465	9	133449	100	465	100%	0	0	1	465	41001	41465	0	859
A21668	<i>abaI</i>	567	13	93346	99.295	567	100%	4	0	1	567	31146	30580	0	1026
	<i>abaR</i>	717	13	93346	98.605	717	100%	10	0	1	717	32387	33103	0	1269
	<i>tsaP</i>	1155	7	163908	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	158285	157131	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	11	106276	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	65808	64387	0	2466
	<i>pilS</i>	1569	11	106276	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	67401	65833	0	2726
	<i>gspO</i>	861	1	341863	100	861	100%	0	0	1	861	28772	27912	0	1591
	<i>pilC</i>	1227	1	341863	100	1227	100%	0	0	1	1227	29998	28772	0	2266
	<i>pilB</i>	1713	1	341863	100	1713	100%	0	0	1	1713	31740	30028	0	3164
	<i>fimV</i>	1365	1	341863	100	1365	100%	0	0	1	1365	139364	138000	0	2521
	<i>pilF</i>	801	1	341863	100	801	100%	0	0	1	801	218473	219273	0	1480
	<i>pilU</i>	1119	29	44468	100	1119	100%	0	0	1	1119	17046	15928	0	2067
	<i>pilT</i>	1038	29	44468	100	1038	100%	0	0	1	1038	18111	17074	0	1917
	<i>pilJ</i>	2079	18	82224	100	2079	100%	0	0	1	2079	16785	18863	0	3840
	<i>pilI</i>	537	18	82224	100	537	100%	0	0	1	537	16202	16738	0	992
	<i>pilH</i>	363	18	82224	100	363	100%	0	0	1	363	15779	16141	0	671
	<i>pilG</i>	384	18	82224	100	384	100%	0	0	1	384	15372	15755	0	710
	<i>fimT</i>	516	8	114069	100	516	100%	0	0	1	516	12942	13457	0	953
	<i>pilE</i>	426	6	199875	100	426	100%	0	0	1	426	27209	26784	0	787
	<i>RS16840</i>	483	6	199875	100	483	100%	0	0	1	483	27688	27206	0	893
	<i>pilYI</i>	3855	6	199875	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	31555	27701	0	6876
	<i>pilX</i>	819	6	199875	98.657	819	100%	11	0	1	819	32385	31567	0	1452
	<i>pilW</i>	1002	6	199875	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	33383	32382	0	1812
	<i>pilV</i>	561	6	199875	99.822	561	100%	1	0	1	561	33944	33384	0	1031
	<i>fimU</i>	474	6	199875	98.523	474	100%	7	0	1	474	34411	33938	0	837
	<i>pilA</i>	438	6	199875	96.119	438	100%	14	2	1	438	44144	43710	0	712
	<i>pilQ</i>	2166	6	199875	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	59103	56938	0	3812
	<i>pilP</i>	528	6	199875	99.242	528	100%	4	0	1	528	59698	59171	0	953
	<i>pilO</i>	741	6	199875	99.595	741	100%	3	0	1	741	60449	59709	0	1352
	<i>pilN</i>	642	6	199875	99.533	642	100%	3	0	1	642	61087	60446	0	1170
	<i>pilM</i>	1059	6	199875	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	62145	61087	0	1884
	<i>bap</i>	6069	16	86038	99.947	5662	93%	2	1	408	6069	1	5661	0	10438
	<i>bap</i>	6069	16	86038	90.476	63	1%	6	0	81	143	1	63	1.07E-15	84.2
	<i>bap</i>	6069	111	172	97.076	171	3%	5	0	82	252	171	1	2.10E-77	289
<i>bap</i>	6069	111	172	92.647	68	1%	5	0	409	476	171	104	3.81E-20	99	
<i>bap</i>	6069	117	108	100	108	2%	0	0	300	407	108	1	1.01E-50	200	
<i>bap</i>	6069	117	108	92.5	80	1%	6	0	1	80	80	1	3.78E-25	115	
<i>bap</i>	6069	112	143	89.474	76	1%	8	0	84	159	66	141	1.37E-19	97.1	
<i>csuA-B</i>	537	14	93277	100	537	100%	0	0	1	537	23259	22723	0	992	
<i>csuA</i>	548	14	93277	99.818	549	100%	0	1	1	548	22648	22100	0	1007	
<i>csuB</i>	519	14	93277	100	519	100%	0	0	1	519	22094	21576	0	959	
<i>csuC</i>	834	14	93277	100	834	100%	0	0	1	834	21582	20749	0	1541	
<i>csuD</i>	2499	14	93277	100	2499	100%	0	0	1	2499	20752	18254	0	4615	
<i>csuE</i>	1020	14	93277	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	18257	17238	0	1873	
<i>pgaA</i>	2439	21	70360	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	70150	67712	0	4494	
<i>pgaB</i>	1830	21	70360	100	1830	100%	0	0	1	1830	67712	65883	0	3380	
<i>pgaC</i>	1248	21	70360	100	1248	100%	0	0	1	1248	65883	64636	0	2305	
<i>pgaD</i>	465	21	70360	100	465	100%	0	0	1	465	64639	64175	0	859	
<i>abaI</i>	567	7	163908	98.765	567	100%	7	0	1	567	101709	101143	0	1009	
<i>abaR</i>	717	7	163908	98.466	717	100%	11	0	1	717	102949	103665	0	1264	
A21671	<i>tsaP</i>	1155	7	163908	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	158285	157131	0	2067
	<i>pilR</i>	1422	11	106276	97.961	1422	100%	29	0	1	1422	40469	41890	0	2466
	<i>pilS</i>	1569	11	106276	98.024	1569	100%	31	0	1	1569	38876	40444	0	2726
	<i>gspO</i>	861	1	341863	100	861	100%	0	0	1	861	28772	27912	0	1591
	<i>pilC</i>	1227	1	341863	100	1227	100%	0	0	1	1227	29998	28772	0	2266
	<i>pilB</i>	1713	1	341863	100	1713	100%	0	0	1	1713	31740	30028	0	3164
	<i>fimV</i>	1365	1	341863	100	1365	100%	0	0	1	1365	139364	138000	0	2521
	<i>pilF</i>	801	1	341863	100	801	100%	0	0	1	801	218473	219273	0	1480
	<i>pilU</i>	1119	29	44465	100	1119	100%	0	0	1	1119	27423	28541	0	2067

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
A21671	<i>pilT</i>	1038	29	44465	100	1038	100%	0	0	1	1038	26358	27395	0	1917	
	<i>pilJ</i>	2079	38	27807	100	2079	100%	0	0	1	2079	11023	8945	0	3840	
	<i>pilI</i>	537	38	27807	100	537	100%	0	0	1	537	11606	11070	0	992	
	<i>pilH</i>	363	38	27807	100	363	100%	0	0	1	363	12029	11667	0	671	
	<i>pilG</i>	384	38	27807	100	384	100%	0	0	1	384	12436	12053	0	710	
	<i>fimT</i>	516	9	114069	100	516	100%	0	0	1	516	101128	100613	0	953	
	<i>pilE</i>	426	6	202061	100	426	100%	0	0	1	426	172667	173092	0	787	
	<i>RS16840</i>	483	6	202061	100	483	100%	0	0	1	483	172188	172670	0	893	
	<i>pilY1</i>	3855	6	202061	98.859	3855	100%	44	0	1	3855	168321	172175	0	6876	
	<i>pilX</i>	819	6	202061	98.657	819	100%	11	0	1	819	167491	168309	0	1452	
	<i>pilW</i>	1002	6	202061	99.301	1002	100%	7	0	1	1002	166493	167494	0	1812	
	<i>pilV</i>	561	6	202061	99.822	561	100%	1	0	1	561	165932	166492	0	1031	
	<i>fimU</i>	474	6	202061	98.523	474	100%	7	0	1	474	165465	165938	0	837	
	<i>pilA</i>	438	6	202061	96.119	438	100%	14	2	1	438	155732	156166	0	712	
	<i>pilQ</i>	2166	6	202061	98.43	2166	100%	34	0	1	2166	140773	142938	0	3812	
	<i>pilP</i>	528	6	202061	99.242	528	100%	4	0	1	528	140178	140705	0	953	
	<i>pilO</i>	741	6	202061	99.595	741	100%	3	0	1	741	139427	140167	0	1352	
	<i>pilN</i>	642	6	202061	99.533	642	100%	3	0	1	642	138789	139430	0	1170	
	<i>pilM</i>	1059	6	202061	98.772	1059	100%	13	0	1	1059	137731	138789	0	1884	
	<i>bap</i>	6069	16	86038	99.947	5662	93%	2	1	408	6069	86038	80378	0	10438	
	<i>bap</i>	6069	16	86038	88.406	69	1%	8	0	81	149	86038	85970	1.07E-15	84.2	
	<i>bap</i>	6069	107	172	97.076	171	3%	5	0	82	252	171	1	2.10E-77	289	
	<i>bap</i>	6069	107	172	92.647	68	1%	5	0	409	476	171	104	3.81E-20	99	
	<i>bap</i>	6069	112	107	100	107	2%	0	0	301	407	107	1	3.65E-50	198	
	<i>bap</i>	6069	112	107	92.5	80	1%	6	0	1	80	80	1	3.78E-25	115	
	<i>bap</i>	6069	108	143	89.474	76	1%	8	0	84	159	66	141	1.37E-19	97.1	
	<i>csuA-B</i>	537	13	93277	100	537	100%	0	0	1	537	23259	22723	0	992	
	<i>csuA</i>	548	13	93277	99.818	549	100%	0	1	1	548	22648	22100	0	1007	
	<i>csuB</i>	519	13	93277	100	519	100%	0	0	1	519	22094	21576	0	959	
	<i>csuC</i>	834	13	93277	100	834	100%	0	0	1	834	21582	20749	0	1541	
	<i>csuD</i>	2499	13	93277	100	2499	100%	0	0	1	2499	20752	18254	0	4615	
	<i>csuE</i>	1020	13	93277	99.804	1020	100%	2	0	1	1020	18257	17238	0	1873	
	<i>pgaA</i>	2439	12	103571	99.918	2439	100%	2	0	1	2439	33458	35896	0	4494	
	<i>pgaB</i>	1830	12	103571	100	1830	100%	0	0	1	1830	35896	37725	0	3380	
	<i>pgaC</i>	1248	12	103571	100	1248	100%	0	0	1	1248	37725	38972	0	2305	
	<i>pgaD</i>	465	12	103571	100	465	100%	0	0	1	465	38969	39433	0	859	
	<i>abaI</i>	567	7	163908	98.765	567	100%	7	0	1	567	101709	101143	0	1009	
	<i>abaR</i>	717	7	163908	98.466	717	100%	11	0	1	717	102949	103665	0	1264	
	A21841	<i>tsaP</i>	1155	22	60317	98.961	1155	100%	12	0	1	1155	5625	6779	0	2067
		<i>pilR</i>	1422	17	74499	98.805	1422	100%	17	0	1	1422	34035	32614	0	2532
		<i>pilS</i>	1569	17	74499	98.088	1569	100%	30	0	1	1569	35627	34059	0	2732
		<i>gspO</i>	861	1	239731	97.909	861	100%	18	0	1	861	221134	221994	0	1491
		<i>pilC</i>	1227	1	239731	98.941	1227	100%	13	0	1	1227	219908	221134	0	2194
		<i>pilB</i>	1713	1	239731	98.949	1713	100%	18	0	1	1713	218166	219878	0	3064
		<i>fimV</i>	1365	1	239731	99.267	1365	100%	10	0	1	1365	110542	111906	0	2466
		<i>pilF</i>	801	1	239731	99.376	801	100%	5	0	1	801	30987	30187	0	1452
		<i>pilU</i>	1119	42	30759	98.391	1119	100%	18	0	1	1119	26257	27375	0	1967
<i>pilT</i>		1038	42	30759	98.17	1038	100%	19	0	1	1038	25192	26229	0	1812	
<i>pilJ</i>		2079	10	102592	99.327	2079	100%	14	0	1	2079	11084	9006	0	3762	
<i>pilI</i>		537	10	102592	99.441	537	100%	3	0	1	537	11667	11131	0	976	
<i>pilH</i>		363	10	102592	99.449	363	100%	2	0	1	363	12090	11728	0	660	
<i>pilG</i>		384	10	102592	99.74	384	100%	1	0	1	384	12497	12114	0	704	
<i>fimT</i>		516	10	102592	98.837	516	100%	6	0	1	516	40801	41316	0	920	
<i>pilE</i>		426	6	142815	91.315	426	100%	37	0	1	426	26824	26399	5.68E-167	582	
<i>RS16840</i>		483	6	142815	98.344	483	100%	8	0	1	483	27303	26821	0	848	
<i>pilY1</i>		3855	6	142815	99.222	3855	100%	30	0	1	3855	31170	27316	0	6953	
<i>pilX</i>		819	6	142815	98.535	819	100%	12	0	1	819	32000	31182	0	1447	
<i>pilW</i>		1002	6	142815	98.603	1002	100%	14	0	1	1002	32998	31997	0	1773	
<i>pilV</i>		561	6	142815	99.109	561	100%	5	0	1	561	33559	32999	0	1009	
<i>fimU</i>		474	6	142815	98.945	474	100%	5	0	1	474	34026	33553	0	848	
<i>pilA</i>		438	6	142815	95.89	438	100%	15	2	1	438	43761	43327	0	706	
<i>pilQ</i>		2166	6	142815	98.846	2166	100%	25	0	1	2166	58718	56553	0	3862	
<i>pilP</i>		528	6	142815	98.485	528	100%	8	0	1	528	59308	58781	0	931	
<i>pilO</i>	741	6	142815	99.055	741	100%	7	0	1	741	60059	59319	0	1330		

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
A21841	<i>pilN</i>	642	6	142815	99.377	642	100%	4	0	1	642	60697	60056	0	1164
	<i>pilM</i>	1059	6	142815	99.15	1059	100%	9	0	1	1059	61755	60697	0	1906
	<i>bap</i>	6069	21	62028	98.475	5246	86%	70	9	829	6069	280	5520	0	9236
	<i>csuA-B</i>	537	40	32511	98.51	537	100%	8	0	1	537	21914	22450	0	948
	<i>csuA</i>	548	40	32511	97.814	549	100%	11	1	1	548	22525	23073	0	946
	<i>csuB</i>	519	40	32511	98.844	519	100%	6	0	1	519	23079	23597	0	926
	<i>csuC</i>	834	40	32511	98.681	834	100%	11	0	1	834	23591	24424	0	1480
	<i>csuD</i>	2499	40	32511	98.279	2499	100%	43	0	1	2499	24421	26919	0	4377
	<i>csuE</i>	1020	40	32511	97.941	1020	100%	21	0	1	1020	26916	27935	0	1768
	<i>pgaA</i>	2439	4	152027	98.319	2439	100%	41	0	1	2439	37494	39932	0	4277
	<i>pgaB</i>	1830	4	152027	98.47	1830	100%	28	0	1	1830	39932	41761	0	3225
	<i>pgaC</i>	1248	4	152027	97.837	1248	100%	27	0	1	1248	41761	43008	0	2156
	<i>pgaD</i>	465	4	152027	98.065	465	100%	9	0	1	465	43005	43469	0	809
	<i>abaI</i>	567	9	103593	98.765	567	100%	7	0	1	567	1887	2453	0	1009
<i>abaR</i>	717	9	103593	98.454	647	90%	10	0	1	647	647	1	0	1140	
<i>abaR</i>	717	22	60317	98.63	73	10%	1	0	645	717	60317	60245	1.53E-30	130	
PS2098	<i>pilT</i>	1035	35	51005	99.71	1035	100%	3	0	1	1035	43388	42354	0	1895
	<i>pilU</i>	1149	35	51005	100	1149	100%	0	0	1	1149	42176	41028	0	2122
	<i>pilG</i>	408	35	51005	100	408	100%	0	0	1	408	30319	29912	0	754
	<i>pilH</i>	366	35	51005	100	366	100%	0	0	1	366	29865	29500	0	676
	<i>pilI</i>	537	35	51005	100	537	100%	0	0	1	537	29449	28913	0	992
	<i>pilJ</i>	2049	35	51005	99.707	2049	100%	6	0	1	2049	28828	26780	0	3751
	<i>pilK</i>	876	35	51005	99.543	876	100%	4	0	1	876	26719	25844	0	1596
	<i>chpA</i>	7419	35	51005	99.623	7419	100%	28	0	1	7419	25832	18414	0	13546
	<i>chpA</i>	7419	35	51005	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	21158	21055	7.56E-30	132
	<i>chpB</i>	1032	35	51005	99.128	1032	100%	9	0	1	1032	18421	17390	0	1857
	<i>chpC</i>	507	35	51005	98.619	507	100%	7	0	1	507	17393	16887	0	898
	<i>chpD</i>	795	35	51005	99.245	795	100%	6	0	1	795	16879	16085	0	1435
	<i>chpE</i>	612	35	51005	99.346	612	100%	4	0	1	612	16009	15398	0	1109
	<i>vfr</i>	645	103	21556	100	645	100%	0	0	1	645	15077	15721	0	1192
	<i>fimL</i>	1689	59	35661	99.882	1689	100%	2	0	1	1689	31823	33511	0	3109
	<i>pilZ</i>	357	21	70813	100	357	100%	0	0	1	357	21873	22229	0	660
	<i>fimV</i>	2760	55	36863	99.891	2760	100%	3	0	1	2760	29823	32582	0	5081
	<i>rpoS</i>	1005	6	110352	99.701	1005	100%	3	0	1	1005	13140	12136	0	1840
	<i>pilF</i>	759	41	45983	99.736	759	100%	2	0	1	759	20113	19355	0	1391
	<i>rpoN</i>	1494	26	65253	99.598	1494	100%	6	0	1	1494	14844	16337	0	2726
	<i>pilA</i>	450	19	72568	95.673	208	46%	7	2	1	207	26267	26061	1.12E-91	333
	<i>pilB</i>	1701	19	72568	99.471	1701	100%	9	0	1	1701	26499	28199	0	3092
	<i>pilB</i>	1701	4	126837	78.295	258	15%	45	7	1137	1389	77978	78229	1.02E-37	156
	<i>pilB</i>	1701	4	126837	92	50	3%	4	0	949	998	77789	77838	3.79E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	117	18554	74.613	323	19%	78	3	949	1269	816	496	1.02E-32	139
	<i>pilC</i>	1125	19	72568	99.556	1125	100%	5	0	1	1125	28299	29423	0	2050
	<i>xcpA</i>	873	19	72568	99.427	873	100%	5	0	1	873	29427	30299	0	1585
	<i>pilS</i>	1593	19	72568	99.623	1593	100%	6	0	1	1593	50112	51704	0	2909
	<i>pilR</i>	1338	19	72568	99.925	1338	100%	1	0	1	1338	51719	53056	0	2466
	<i>fimT</i>	510	19	72568	99.412	510	100%	3	0	1	510	54331	54840	0	926
	<i>fimU</i>	507	19	72568	99.803	507	100%	1	0	1	507	54946	55452	0	931
	<i>pilV</i>	558	19	72568	99.821	558	100%	1	0	1	558	55443	56000	0	1026
	<i>pilW</i>	825	19	72568	99.758	825	100%	2	0	1	825	55997	56821	0	1513
	<i>pilX</i>	588	19	72568	99.83	588	100%	1	0	1	588	56818	57405	0	1081
	<i>pilY1</i>	3486	19	72568	95.865	2926	84%	112	3	561	3486	57992	60908	0	4724
	<i>pilY1</i>	3486	19	72568	85.195	385	11%	45	10	1	379	57417	57795	2.46E-106	385
	<i>pilY2</i>	348	19	72568	100	348	100%	0	0	1	348	60910	61257	0	643
	<i>pilE</i>	426	19	72568	99.531	426	100%	2	0	1	426	61254	61679	0	776
	<i>fimX</i>	2076	16	76317	99.855	2076	100%	3	0	1	2076	56353	54278	0	3818
	<i>pilQ</i>	2145	22	70246	99.953	2145	100%	1	0	1	2145	55924	53780	0	3956
	<i>pilP</i>	525	22	70246	100	525	100%	0	0	1	525	56502	55978	0	970
	<i>pilO</i>	624	22	70246	99.679	624	100%	2	0	1	624	57122	56499	0	1142
<i>pilN</i>	597	22	70246	100	597	100%	0	0	1	597	57715	57119	0	1103	
<i>pilM</i>	1065	22	70246	100	1065	100%	0	0	1	1065	58779	57715	0	1967	
<i>crc</i>	780	14	81519	99.872	780	100%	1	0	1	780	61966	62745	0	1435	
<i>flgB</i>	408	37	48728	100	408	100%	0	0	1	408	33815	33408	0	754	
<i>flgC</i>	441	37	48728	100	441	100%	0	0	1	441	33402	32962	0	815	
<i>flgD</i>	714	37	48728	99.86	714	100%	1	0	1	714	32949	32236	0	1314	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS2098	<i>flgE</i>	1389	37	48728	99.784	1389	100%	3	0	1	1389	32208	30820	0	2549
	<i>flgF</i>	750	37	48728	100	750	100%	0	0	1	750	30602	29853	0	1386
	<i>flgG</i>	786	37	48728	100	786	100%	0	0	1	786	29806	29021	0	1452
	<i>flgH</i>	696	37	48728	99.856	696	100%	1	0	1	696	28975	28280	0	1280
	<i>flgI</i>	1110	37	48728	100	1110	100%	0	0	1	1110	28268	27159	0	2050
	<i>flgJ</i>	1203	37	48728	99.751	1203	100%	3	0	1	1203	27148	25946	0	2206
	<i>flgK</i>	2052	37	48728	99.464	2052	100%	11	0	1	2052	25927	23876	0	3729
	<i>flgL</i>	1320	37	48728	99.242	1320	100%	10	0	1	1320	23850	22531	0	2383
	<i>fliC</i>	1467	37	48728	99.864	1467	100%	2	0	1	1467	15032	13566	0	2699
	<i>fleI</i>	372	37	48728	99.731	372	100%	1	0	1	372	13487	13116	0	682
	<i>fliD</i>	1425	37	48728	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	13030	11606	0	2627
	<i>fliS</i>	381	37	48728	100	381	100%	0	0	1	381	11484	11104	0	704
	<i>fliP</i>	297	37	48728	100	297	100%	0	0	1	297	11081	10785	6.55E-157	549
	<i>fleQ</i>	1473	37	48728	99.932	1473	100%	1	0	1	1473	10503	9031	0	2715
	<i>fleQ</i>	1473	70	29768	80.858	303	21%	48	9	498	795	16324	16621	5.11E-60	230
	<i>fleQ</i>	1473	70	29768	80	305	21%	47	14	498	795	11627	11924	5.14E-55	213
	<i>fleQ</i>	1473	13	83159	74.836	457	31%	91	19	507	951	10489	10045	1.12E-46	185
	<i>fleQ</i>	1473	9	100083	75	416	28%	92	12	511	920	69095	68686	1.45E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	2	209023	74.86	358	24%	78	11	507	858	99116	98765	1.14E-36	152
	<i>fleQ</i>	1473	2	209023	78.395	162	11%	29	6	622	780	69143	69301	4.18E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	4	126837	76.451	293	20%	53	15	507	791	26233	26517	1.90E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	141	13926	74.315	292	20%	64	10	508	792	7715	8002	5.37E-25	113
	<i>fleQ</i>	1473	82	25162	75	184	12%	41	4	586	765	1471	1289	5.44E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	37	48728	99.917	1209	100%	1	0	1	1209	8918	7710	0	2228
	<i>fleS</i>	1209	4	126837	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	25517	25565	1.61E-09	62.1
	<i>fleR</i>	1422	37	48728	100	1422	100%	0	0	1	1422	7705	6284	0	2627
	<i>fliE</i>	330	37	48728	100	330	100%	0	0	1	330	6037	5708	3.32E-175	610
	<i>fliF</i>	1797	37	48728	100	1797	100%	0	0	1	1797	5685	3889	0	3319
	<i>fliG</i>	1017	37	48728	100	1017	100%	0	0	1	1017	3883	2867	0	1879
	<i>fliH</i>	807	37	48728	100	807	100%	0	0	1	807	2865	2059	0	1491
	<i>fliI</i>	1356	37	48728	100	1356	100%	0	0	1	1356	2069	714	0	2505
	<i>fliJ</i>	444	37	48728	100	444	100%	0	0	1	444	700	257	0	821
	<i>fliK</i>	1284	33	55483	99.533	1284	100%	6	0	1	1284	7841	9124	0	2338
	<i>fliL</i>	522	33	55483	100	522	100%	0	0	1	522	9368	9889	0	965
	<i>fliM</i>	972	33	55483	99.897	972	100%	1	0	1	972	9897	10868	0	1790
	<i>fliN</i>	474	33	55483	99.578	474	100%	2	0	1	474	10896	11369	0	865
	<i>fliO</i>	453	33	55483	100	453	100%	0	0	1	453	11371	11823	0	837
	<i>fliP</i>	768	33	55483	100	768	100%	0	0	1	768	11820	12587	0	1419
	<i>fliQ</i>	270	33	55483	100	270	100%	0	0	1	270	12635	12904	6.06E-142	499
	<i>fliR</i>	777	33	55483	100	777	100%	0	0	1	777	12904	13680	0	1435
	<i>fliB</i>	1137	33	55483	99.824	1137	100%	2	0	1	1137	13683	14819	0	2089
	<i>fliA</i>	2124	33	55483	99.812	2124	100%	4	0	1	2124	17666	19789	0	3901
	<i>fliF</i>	1290	33	55483	99.767	1290	100%	3	0	1	1290	19873	21162	0	2366
	<i>fleN</i>	843	33	55483	100	843	100%	0	0	1	843	21301	22143	0	1557
	<i>fliA</i>	744	33	55483	100	744	100%	0	0	1	744	22140	22883	0	1375
	<i>cheY</i>	375	33	55483	99.733	375	100%	1	0	1	375	22985	23359	0	688
	<i>cheZ</i>	789	33	55483	99.873	789	100%	1	0	1	789	23379	24167	0	1452
	PA1458	2262	33	55483	99.867	2262	100%	3	0	1	2262	24368	26629	0	4161
	PA1458	2262	33	55483	77.016	248	11%	30	14	707	954	24936	25156	6.41E-26	117
	PA1458	2262	33	55483	77.016	248	11%	30	14	569	789	25074	25321	6.41E-26	117
	PA1459	1107	33	55483	99.819	1107	100%	2	0	1	1107	26683	27789	0	2034
	<i>motC</i>	741	33	55483	100	741	100%	0	0	1	741	27878	28618	0	1369
	<i>motD</i>	891	33	55483	99.663	891	100%	3	0	1	891	28631	29521	0	1629
	PA1464	480	33	55483	99.792	480	100%	1	0	1	480	31432	31911	0	881
	PA3348	825	31	60668	100	825	100%	0	0	1	825	27390	26566	0	1524
	PA3349	933	31	60668	100	933	100%	0	0	1	933	28399	27467	0	1724
	<i>flgA</i>	699	31	60668	99.857	699	100%	1	0	1	699	28531	29229	0	1286
	<i>flgM</i>	324	31	60668	98.457	324	100%	5	0	1	324	29374	29697	1.54E-163	571
	<i>flgN</i>	471	31	60668	98.938	471	100%	5	0	1	471	29752	30222	0	843
	<i>motY</i>	966	170	8839	99.586	966	100%	4	0	1	966	8800	7835	0	1762
	<i>motB</i>	1044	16	76317	99.425	1044	100%	6	0	1	1044	62845	63888	0	1895
	<i>motA</i>	852	16	76317	98.944	852	100%	9	0	1	852	61974	62825	0	1524
	<i>algU</i>	582	23	69824	99.828	582	100%	1	0	1	582	60808	60227	0	1070
	<i>mucA</i>	585	23	69824	99.829	585	100%	1	0	1	585	60195	59611	0	1075

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS2098	<i>mucB</i>	951	23	69824	99.685	951	100%	3	0	1	951	59602	58652	0	1740
	<i>mucC</i>	456	23	69824	99.781	456	100%	1	0	1	456	58655	58200	0	837
	<i>mucD</i>	1425	23	69824	99.298	1425	100%	10	0	1	1425	58160	56736	0	2577
	<i>algD</i>	1311	18	75162	100	1311	100%	0	0	1	1311	59503	58193	0	2422
	<i>alg8</i>	1485	18	75162	99.933	1485	100%	1	0	1	1485	58052	56568	0	2737
	<i>alg44</i>	1170	18	75162	100	1170	100%	0	0	1	1170	56485	55316	0	2161
	<i>algK</i>	1428	18	75162	99.86	1428	100%	2	0	1	1428	55302	53875	0	2627
	<i>algE</i>	1473	18	75162	99.457	1473	100%	8	0	1	1473	53878	52406	0	2676
	<i>algG</i>	1632	18	75162	99.694	1632	100%	5	0	1	1632	52385	50754	0	2987
	<i>algX</i>	1425	18	75162	99.368	1425	100%	9	0	1	1425	50741	49317	0	2582
	<i>algL</i>	1104	18	75162	99.909	1104	100%	1	0	1	1104	49313	48210	0	2034
	<i>algI</i>	1563	18	75162	99.68	1563	100%	5	0	1	1563	47968	46406	0	2859
	<i>algI</i>	1563	134	15396	81.395	129	8%	19	5	678	804	12835	12960	4.44E-21	100
	<i>algJ</i>	1176	18	75162	99.66	1176	100%	4	0	1	1176	46391	45216	0	2150
	<i>algF</i>	651	18	75162	99.539	651	100%	3	0	1	651	45143	44493	0	1186
	<i>algA</i>	1446	18	75162	99.654	1446	100%	5	0	1	1446	44296	42851	0	2643
	<i>mucP</i>	1353	6	110352	99.704	1353	100%	4	0	1	1353	43097	41745	0	2477
	<i>mucE</i>	270	84	24699	99.63	270	100%	1	0	1	270	14382	14113	2.82E-140	494
	<i>algW</i>	1170	26	65253	100	1168	100%	0	0	1	1168	1808	2975	0	2158
	<i>algP</i>	1059	124	17441	100	649	61%	0	0	1	649	649	1	0	1199
	<i>algP</i>	1059	124	17441	91.266	229	22%	20	0	496	724	229	1	3.52E-85	313
	<i>algP</i>	1059	124	17441	90.393	229	22%	22	0	571	799	229	1	7.63E-82	302
	<i>algP</i>	1059	124	17441	90.26	154	15%	15	0	421	574	154	1	7.96E-52	202
	<i>algP</i>	1059	124	17441	82.759	174	16%	25	4	796	968	229	60	2.92E-36	150
	<i>algP</i>	1059	4	126837	100	251	24%	0	0	809	1059	126837	126587	9.20E-131	464
	<i>algP</i>	1059	4	126837	90.909	121	11%	11	0	584	704	126837	126717	3.76E-40	163
	<i>algP</i>	1059	4	126837	89.831	118	11%	12	0	737	854	126834	126717	8.13E-37	152
	<i>algP</i>	1059	4	126837	83.23	161	15%	22	4	434	590	126837	126678	4.89E-34	143
	<i>algP</i>	1059	13	83159	86.047	86	8%	9	2	532	614	83069	83154	6.47E-18	89.8
	<i>algP</i>	1059	13	83159	85.915	71	7%	10	0	694	764	83084	83154	5.03E-14	76.8
	<i>algP</i>	1059	13	83159	85.915	71	7%	10	0	844	914	83084	83154	5.03E-14	76.8
	<i>algP</i>	1059	13	83159	86.765	68	6%	9	0	769	836	83084	83151	5.03E-14	76.8
	<i>algQ</i>	483	124	17441	99.586	483	100%	2	0	1	483	1948	1466	0	881
	<i>algR</i>	747	124	17441	99.598	747	100%	3	0	1	747	7839	7093	0	1363
	<i>algZ</i>	1077	124	17441	99.629	1077	100%	4	0	1	1077	8920	7844	0	1967
	<i>algC</i>	2607	14	81519	99.847	2607	100%	4	0	1	2607	51013	53619	0	4793
	<i>algB</i>	1350	2	209023	99.926	1350	100%	1	0	1	1350	68519	69868	0	2488
	<i>algB</i>	1350	2	209023	78.333	120	9%	20	6	629	745	98997	98881	8.34E-13	73.1
	<i>algB</i>	1350	37	48728	78.616	159	12%	28	6	628	783	9879	9724	3.83E-21	100
	<i>algB</i>	1350	13	83159	79.07	129	10%	21	6	631	756	10368	10243	3.85E-16	84.2
<i>algB</i>	1350	4	126837	79.845	129	10%	15	10	624	745	26344	26468	3.85E-16	84.2	
<i>algB</i>	1350	9	100083	81.633	98	7%	14	4	664	759	68945	68850	1.79E-14	78.7	
<i>algB</i>	1350	70	29768	95.122	41	3%	2	0	710	750	16533	16573	1.40E-10	65.8	
<i>lasI</i>	606	54	36915	100	606	100%	0	0	1	606	33701	34306	0	1120	
<i>lasR</i>	720	54	36915	99.722	720	100%	2	0	1	720	32618	33337	0	1319	
PS20215	<i>pilT</i>	1035	107	20173	99.227	1035	100%	8	0	1	1035	685	1719	0	1868
	<i>pilU</i>	1149	107	20173	99.739	1149	100%	3	0	1	1149	1897	3045	0	2106
	<i>pilG</i>	408	107	20173	100	408	100%	0	0	1	408	13755	14162	0	754
	<i>pilH</i>	366	107	20173	100	366	100%	0	0	1	366	14209	14574	0	676
	<i>pilI</i>	537	107	20173	100	537	100%	0	0	1	537	14625	15161	0	992
	<i>pilJ</i>	2049	107	20173	99.512	2049	100%	10	0	1	2049	15246	17294	0	3729
	<i>pilK</i>	876	107	20173	99.315	876	100%	6	0	1	876	17355	18230	0	1585
	<i>chpA</i>	7419	238	3046	97.606	3049	41%	49	2	2165	5195	3043	1	0	5204
	<i>chpA</i>	7419	238	3046	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	521	418	7.97E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	105	20596	98.976	2245	30%	23	0	5175	7419	20585	18341	0	4019
	<i>chpA</i>	7419	107	20173	99.469	1695	23%	9	0	1	1695	18242	19936	0	3081
	<i>chpA</i>	7419	107	20173	98.387	248	3%	4	0	1806	2053	20173	19926	1.51E-121	436
	<i>chpB</i>	1032	105	20596	98.934	1032	100%	11	0	1	1032	18348	17317	0	1845
	<i>chpC</i>	507	105	20596	98.817	507	100%	6	0	1	507	17320	16814	0	904
	<i>chpD</i>	795	105	20596	99.874	795	100%	1	0	1	795	16806	16012	0	1463
	<i>chpE</i>	612	105	20596	98.693	612	100%	8	0	1	612	15935	15324	0	1086
	<i>vfr</i>	645	15	97554	99.845	645	100%	1	0	1	645	96870	96226	0	1186
	<i>fimL</i>	1689	64	34450	99.408	1689	100%	10	0	1	1689	3847	2159	0	3064
	<i>pilZ</i>	357	112	19098	98.599	357	100%	5	0	1	357	14950	14594	0	632

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20215	<i>finV</i>	2760	17	90648	98.45	2775	101%	28	1	1	2760	83622	86396	0	4872
	<i>rpoS</i>	1005	9	114064	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	68609	67605	0	1823
	<i>pilF</i>	759	57	37485	99.078	759	100%	7	0	1	759	1213	455	0	1363
	<i>pilF</i>	759	57	37485	100	30	4%	0	0	314	343	1	30	4.91E-08	56.5
	<i>rpoN</i>	1494	12	106449	99.598	1494	100%	6	0	1	1494	12603	14096	0	2726
	<i>pilA</i>	450	12	106449	95.089	224	50%	11	0	1	224	89588	89365	9.05E-98	353
	<i>pilB</i>	1701	12	106449	99.001	1701	100%	17	0	1	1701	89820	91520	0	3048
	<i>pilB</i>	1701	46	42112	76.577	333	20%	64	13	950	1275	8418	8743	3.83E-42	171
	<i>pilB</i>	1701	11	108046	78.846	260	15%	40	11	1137	1389	107425	107676	2.31E-39	161
	<i>pilB</i>	1701	11	108046	92	50	3%	4	0	949	998	107236	107285	4.00E-12	71.3
	<i>pilC</i>	1125	12	106449	99.111	1125	100%	10	0	1	1125	91620	92744	0	2023
	<i>xcpA</i>	873	12	106449	99.542	873	100%	4	0	1	873	92748	93620	0	1591
	<i>pilS</i>	1593	2	156290	99.498	1593	100%	8	0	1	1593	143681	142089	0	2898
	<i>pilR</i>	1338	2	156290	99.253	1338	100%	10	0	1	1338	142074	140737	0	2416
	<i>finT</i>	510	2	156290	97.255	510	100%	14	0	1	510	139462	138953	0	865
	<i>finU</i>	507	2	156290	99.606	507	100%	2	0	1	507	138847	138341	0	926
	<i>pilV</i>	558	2	156290	98.925	558	100%	6	0	1	558	138350	137793	0	998
	<i>pilW</i>	825	2	156290	99.03	825	100%	8	0	1	825	137796	136972	0	1480
	<i>pilX</i>	588	2	156290	99.49	588	100%	3	0	1	588	136975	136388	0	1070
	<i>pilY1</i>	3486	2	156290	95.557	2926	84%	121	4	561	3486	135801	132885	0	4674
	<i>pilY1</i>	3486	2	156290	84.935	385	11%	46	10	1	379	136376	135998	1.21E-104	379
	<i>pilY2</i>	348	2	156290	99.713	348	100%	1	0	1	348	132883	132536	0	638
	<i>pilE</i>	426	2	156290	100	426	100%	0	0	1	426	132539	132114	0	787
	<i>finX</i>	2076	1	165367	99.133	2076	100%	18	0	1	2076	160268	162343	0	3735
	<i>pilQ</i>	2145	121	17410	99.58	2145	100%	9	0	1	2145	3551	1407	0	3912
	<i>pilP</i>	525	121	17410	99.81	525	100%	1	0	1	525	4129	3605	0	965
	<i>pilO</i>	624	121	17410	99.199	624	100%	5	0	1	624	4749	4126	0	1125
	<i>pilN</i>	597	121	17410	99.832	597	100%	1	0	1	597	5342	4746	0	1098
	<i>pilM</i>	1065	121	17410	99.718	1065	100%	3	0	1	1065	6406	5342	0	1951
	<i>cre</i>	780	21	77379	99.231	780	100%	6	0	1	780	54239	55018	0	1408
	<i>flgB</i>	408	3	154570	100	408	100%	0	0	1	408	51934	51527	0	754
	<i>flgC</i>	441	3	154570	100	441	100%	0	0	1	441	51521	51081	0	815
	<i>flgD</i>	714	3	154570	99.86	714	100%	1	0	1	714	51068	50355	0	1314
	<i>flgE</i>	1389	3	154570	99.568	1389	100%	6	0	1	1389	50327	48939	0	2532
	<i>flgF</i>	750	3	154570	99.067	750	100%	7	0	1	750	48721	47972	0	1347
	<i>flgG</i>	786	3	154570	99.364	786	100%	5	0	1	786	47925	47140	0	1424
	<i>flgH</i>	696	3	154570	99.569	696	100%	3	0	1	696	47094	46399	0	1269
	<i>flgI</i>	1110	3	154570	99.55	1110	100%	5	0	1	1110	46387	45278	0	2023
	<i>flgJ</i>	1203	3	154570	99.086	1203	100%	11	0	1	1203	45267	44065	0	2161
	<i>flgK</i>	2052	3	154570	86.783	2058	100%	257	14	1	2052	44046	41998	0	2279
	<i>flgL</i>	1320	3	154570	74.361	1330	101%	293	40	1	1315	41959	40663	1.98E-148	523
	<i>fliC</i>	1467	3	154570	82.203	472	32%	80	4	1	470	29699	29230	2.99E-112	403
	<i>fliC</i>	1467	3	154570	85.169	236	16%	33	2	1233	1467	28770	28536	2.48E-63	241
	<i>fliP</i>	297	3	154570	100	32	11%	0	0	266	297	25431	25400	1.42E-09	60.2
	<i>fleQ</i>	1473	3	154570	99.05	1473	100%	14	0	1	1473	25118	23646	0	2643
	<i>fleQ</i>	1473	236	3216	75.372	471	32%	98	14	498	959	1965	2426	1.95E-54	211
	<i>fleQ</i>	1473	88	24640	79.344	305	21%	49	14	498	795	22007	22304	1.17E-51	202
	<i>fleQ</i>	1473	45	42662	74.836	457	31%	91	19	507	951	10325	9881	1.18E-46	185
	<i>fleQ</i>	1473	20	79433	74.94	415	28%	94	10	511	920	52717	52308	1.53E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	4	146689	75.14	358	24%	77	11	507	858	92933	93284	2.58E-38	158
<i>fleQ</i>	1473	4	146689	78.616	159	11%	28	6	625	780	123131	122976	4.41E-21	100	
<i>fleQ</i>	1473	11	108046	76.976	291	20%	55	11	507	791	55692	55976	9.27E-38	156	
<i>fleQ</i>	1473	97	22468	74.315	292	20%	64	10	508	792	21960	21673	5.66E-25	113	
<i>fleQ</i>	1473	75	29275	76.555	209	14%	42	7	592	795	1542	1748	2.63E-23	108	
<i>fleQ</i>	1473	175	9228	74.299	214	15%	48	6	586	794	1482	1271	4.44E-16	84.2	
<i>fleS</i>	1209	3	154570	99.256	1209	100%	9	0	1	1209	23533	22325	0	2183	
<i>fleS</i>	1209	11	108046	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	54976	55024	1.70E-09	62.1	
<i>fleR</i>	1422	3	154570	99.156	1422	100%	6	1	1	1422	22320	20905	0	2555	
<i>fliE</i>	330	3	154570	99.697	330	100%	1	0	1	330	20658	20329	1.63E-173	604	
<i>fliF</i>	1797	3	154570	99.444	1797	100%	10	0	1	1797	20306	18510	0	3264	
<i>fliG</i>	1017	3	154570	99.803	1017	100%	2	0	1	1017	18504	17488	0	1868	
<i>fliH</i>	807	3	154570	99.504	807	100%	4	0	1	807	17486	16680	0	1469	
<i>fliI</i>	1356	3	154570	99.263	1356	100%	10	0	1	1356	16690	15335	0	2449	
<i>fliJ</i>	444	3	154570	99.55	444	100%	2	0	1	444	15321	14878	0	809	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20215	<i>fliK</i>	1284	61	35302	98.52	1284	100%	19	0	1	1284	18338	19621	0	2266
	<i>fliL</i>	522	61	35302	99.617	522	100%	2	0	1	522	19865	20386	0	953
	<i>fliM</i>	972	61	35302	99.897	972	100%	1	0	1	972	20394	21365	0	1790
	<i>fliN</i>	474	61	35302	99.156	474	100%	4	0	1	474	21393	21866	0	854
	<i>fliO</i>	453	61	35302	99.558	453	100%	2	0	1	453	21868	22320	0	826
	<i>fliP</i>	768	61	35302	99.609	768	100%	3	0	1	768	22317	23084	0	1402
	<i>fliQ</i>	270	61	35302	99.63	270	100%	1	0	1	270	23129	23398	2.96E-140	494
	<i>fliR</i>	777	61	35302	99.228	777	100%	6	0	1	777	23398	24174	0	1402
	<i>flhB</i>	1137	61	35302	99.56	1137	100%	5	0	1	1137	24177	25313	0	2073
	<i>flhA</i>	2124	61	35302	99.906	2124	100%	2	0	1	2124	28130	30253	0	3912
	<i>flhF</i>	1290	61	35302	99.302	1290	100%	9	0	1	1290	30337	31626	0	2333
	<i>fleN</i>	843	61	35302	99.288	843	100%	6	0	1	843	31765	32607	0	1524
	<i>fliA</i>	744	61	35302	99.731	744	100%	2	0	1	744	32604	33347	0	1363
	<i>cheY</i>	375	61	35302	100	375	100%	0	0	1	375	33449	33823	0	693
	<i>cheZ</i>	789	61	35302	99.24	789	100%	6	0	1	789	33843	34631	0	1424
	<i>PA1458</i>	2262	167	10189	99.172	1690	75%	14	0	573	2262	1	1690	0	3044
	<i>PA1458</i>	2262	167	10189	77.016	248	11%	30	14	569	789	135	382	6.76E-26	117
	<i>PA1458</i>	2262	167	10189	77.049	244	11%	29	14	711	954	1	217	2.43E-25	115
	<i>PA1458</i>	2262	61	35302	98.936	470	21%	5	0	1	470	34833	35302	0	841
	<i>PA1459</i>	1107	167	10189	98.555	1107	100%	16	0	1	1107	1744	2850	0	1956
	<i>motC</i>	741	167	10189	98.92	741	100%	8	0	1	741	2939	3679	0	1325
	<i>motD</i>	891	167	10189	98.092	891	100%	17	0	1	891	3692	4582	0	1552
	<i>PA1464</i>	480	167	10189	98.75	480	100%	6	0	1	480	6493	6972	0	854
	<i>PA3348</i>	825	28	62257	99.273	825	100%	6	0	1	825	38501	39325	0	1491
	<i>PA3349</i>	933	28	62257	99.143	933	100%	8	0	1	933	37492	38424	0	1679
	<i>flgA</i>	699	28	62257	98.283	699	100%	12	0	1	699	37360	36662	0	1225
	<i>flgM</i>	324	28	62257	98.148	324	100%	6	0	1	324	36517	36194	7.53E-162	566
	<i>flgN</i>	471	28	62257	99.151	471	100%	4	0	1	471	36139	35669	0	848
	<i>motY</i>	966	60	35917	99.724	724	75%	2	0	243	966	1	724	0	1327
	<i>motB</i>	1044	1	165367	99.138	1044	100%	9	0	1	1044	153776	152733	0	1879
	<i>motA</i>	852	1	165367	98.122	852	100%	16	0	1	852	154647	153796	0	1485
	<i>algU</i>	582	81	27085	99.313	582	100%	4	0	1	582	19363	19944	0	1053
	<i>mucA</i>	585	81	27085	99.145	585	100%	5	0	1	585	19976	20560	0	1053
	<i>mucB</i>	951	81	27085	99.054	951	100%	9	0	1	951	20569	21519	0	1707
	<i>mucC</i>	456	81	27085	99.781	456	100%	1	0	1	456	21516	21971	0	837
	<i>mucD</i>	1425	81	27085	98.947	1425	100%	15	0	1	1425	22011	23435	0	2549
	<i>algD</i>	1311	70	30285	100	1311	100%	0	0	1	1311	14781	13471	0	2422
	<i>alg8</i>	1485	70	30285	99.865	1485	100%	2	0	1	1485	13331	11847	0	2732
	<i>alg44</i>	1170	70	30285	99.402	1170	100%	7	0	1	1170	11764	10595	0	2122
	<i>algK</i>	1428	70	30285	99.37	1428	100%	9	0	1	1428	10581	9154	0	2588
	<i>algE</i>	1473	70	30285	99.389	1473	100%	9	0	1	1473	9157	7685	0	2671
	<i>algG</i>	1632	70	30285	99.632	1632	100%	6	0	1	1632	7664	6033	0	2981
	<i>algX</i>	1425	70	30285	99.509	1425	100%	7	0	1	1425	6020	4596	0	2593
	<i>algL</i>	1104	70	30285	99.547	1104	100%	5	0	1	1104	4592	3489	0	2012
	<i>algI</i>	1563	70	30285	99.488	1563	100%	8	0	1	1563	3247	1685	0	2843
	<i>algJ</i>	1176	70	30285	99.235	1176	100%	9	0	1	1176	1670	495	0	2122
	<i>algF</i>	651	70	30285	99.763	422	65%	1	0	1	422	422	1	0	774
	<i>algF</i>	651	142	12724	98.718	156	24%	2	0	496	651	1	156	8.22E-75	278
	<i>algA</i>	1446	142	12724	99.516	1446	100%	7	0	1	1446	353	1798	0	2632
	<i>mucP</i>	1353	9	114064	99.113	1353	100%	12	0	1	1353	98574	97222	0	2433
	<i>mucE</i>	270	38	49859	98.519	270	100%	4	0	1	270	10319	10588	2.98E-135	477
	<i>algW</i>	1170	12	106449	99.457	737	63%	4	0	434	1170	1	737	0	1339
	<i>algW</i>	1170	95	22760	98.165	327	28%	6	0	1	327	327	1	6.15E-163	571
	<i>algP</i>	1059	35	51833	90.568	827	78%	36	11	1	785	14660	15486	0	1057
	<i>algP</i>	1059	35	51833	94.095	525	50%	28	3	538	1059	15083	15607	0	795
	<i>algP</i>	1059	35	51833	90.534	412	39%	31	6	455	860	15077	15486	5.63E-153	538
	<i>algP</i>	1059	35	51833	89.59	317	30%	30	3	613	926	15083	15399	2.77E-111	399
	<i>algP</i>	1059	35	51833	85.433	254	24%	31	3	688	938	15083	15333	4.91E-69	259
	<i>algQ</i>	483	35	51833	99.172	483	100%	4	0	1	483	13361	13843	0	870
	<i>algR</i>	747	35	51833	99.732	747	100%	2	0	1	747	7471	8217	0	1369
	<i>algZ</i>	1077	35	51833	99.443	1077	100%	6	0	1	1077	6390	7466	0	1956
	<i>algC</i>	2607	21	77379	99.118	2607	100%	23	0	1	2607	43285	45891	0	4687
	<i>algB</i>	1350	4	146689	99.407	1350	100%	8	0	1	1350	123758	122409	0	2449
	<i>algB</i>	1350	4	146689	78.333	120	9%	20	6	629	745	93052	93168	8.80E-13	73.1

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20215	<i>algB</i>	1350	3	154570	79.874	159	12%	26	6	628	783	24494	24339	1.86E-24	111
	<i>algB</i>	1350	75	29275	78.75	160	12%	21	11	631	782	1578	1732	1.88E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	11	108046	78.065	155	11%	20	13	598	745	55780	55927	1.13E-16	86.1
	<i>algB</i>	1350	45	42662	79.07	129	10%	21	6	631	756	10204	10079	4.06E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	20	79433	81.633	98	7%	14	4	664	759	52567	52472	1.89E-14	78.7
	<i>algB</i>	1350	236	3216	85.075	67	5%	10	0	716	782	2180	2246	1.14E-11	69.4
	<i>lasI</i>	606	61	35302	100	606	100%	0	0	1	606	7096	7701	0	1120
<i>lasR</i>	720	61	35302	100	720	100%	0	0	1	720	6013	6732	0	1330	
PS20412	<i>pilT</i>	1035	12	140361	100	1035	100%	0	0	1	1035	7696	8730	0	1912
	<i>pilU</i>	1149	12	140361	100	1149	100%	0	0	1	1149	8908	10056	0	2122
	<i>pilG</i>	408	12	140361	100	408	100%	0	0	1	408	20765	21172	0	754
	<i>pilH</i>	366	12	140361	100	366	100%	0	0	1	366	21219	21584	0	676
	<i>pilI</i>	537	12	140361	99.814	537	100%	1	0	1	537	21635	22171	0	987
	<i>pilJ</i>	2049	12	140361	99.658	2049	100%	7	0	1	2049	22256	24304	0	3746
	<i>pilK</i>	876	12	140361	99.201	876	100%	7	0	1	876	24365	25240	0	1580
	<i>chpA</i>	7419	12	140361	99.328	7437	100%	32	1	1	7419	25252	32688	0	13441
	<i>chpA</i>	7419	12	140361	90.099	101	1%	10	0	4675	4775	29446	29546	7.24E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	12	140361	90.099	101	1%	10	0	4195	4295	29944	30044	7.24E-30	132
	<i>chpB</i>	1032	12	140361	99.322	1032	100%	7	0	1	1032	32681	33712	0	1868
	<i>chpC</i>	507	12	140361	98.817	507	100%	6	0	1	507	33709	34215	0	904
	<i>chpD</i>	795	12	140361	99.371	795	100%	5	0	1	795	34223	35017	0	1441
	<i>chpE</i>	612	12	140361	99.673	612	100%	2	0	1	612	35094	35705	0	1120
	<i>vfr</i>	645	11	146087	99.69	645	100%	2	0	1	645	131000	130356	0	1181
	<i>fimL</i>	1689	57	35628	99.882	1689	100%	2	0	1	1689	31784	33472	0	3109
	<i>pilZ</i>	357	34	64519	99.72	357	100%	1	0	1	357	42645	42289	0	654
	<i>fimV</i>	2760	27	81766	99.855	2760	100%	4	0	1	2760	74702	77461	0	5075
	<i>rpoS</i>	1005	3	294808	99.502	1005	100%	5	0	1	1005	49533	48529	0	1829
	<i>pilF</i>	759	3	294808	99.473	759	100%	4	0	1	759	257991	257233	0	1380
	<i>rpoN</i>	1494	1	404399	99.665	1494	100%	5	0	1	1494	154242	155735	0	2732
	<i>pilB</i>	1701	1	404399	87.288	1707	100%	208	7	1	1701	232161	233864	0	1941
	<i>pilB</i>	1701	19	106695	76.577	333	20%	64	13	950	1275	8375	8700	3.48E-42	171
	<i>pilB</i>	1701	9	156271	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	82801	82932	4.53E-36	150
	<i>pilB</i>	1701	9	156271	92	50	3%	4	0	949	998	82612	82661	3.63E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	33	64906	74.303	323	19%	79	3	949	1269	47189	46869	4.56E-31	134
	<i>xcpA</i>	873	1	404399	100	861	99%	0	0	13	873	235100	235960	0	1591
	<i>pilS</i>	1593	1	404399	99.749	1593	100%	4	0	1	1593	255771	257363	0	2920
	<i>pilR</i>	1338	1	404399	99.701	1338	100%	4	0	1	1338	257378	258715	0	2449
	<i>fimX</i>	2076	2	313604	99.807	2076	100%	4	0	1	2076	186985	189060	0	3812
	<i>pilQ</i>	2145	2	313604	90.634	2146	100%	187	13	1	2145	299328	297196	0	2837
	<i>pilP</i>	525	2	313604	89.734	526	100%	52	2	1	525	299906	299382	0	671
	<i>pilO</i>	624	2	313604	92.788	624	100%	45	0	1	624	300526	299903	0	904
	<i>pilN</i>	597	2	313604	92.475	598	100%	43	2	1	597	301119	300523	0	854
	<i>pilM</i>	1065	2	313604	99.812	1065	100%	2	0	1	1065	302183	301119	0	1956
	<i>crc</i>	780	22	99514	99.872	780	100%	1	0	1	780	37393	36614	0	1435
	<i>flgB</i>	408	6	187337	100	408	100%	0	0	1	408	79585	79178	0	754
	<i>flgC</i>	441	6	187337	100	441	100%	0	0	1	441	79172	78732	0	815
	<i>flgD</i>	714	6	187337	100	714	100%	0	0	1	714	78719	78006	0	1319
	<i>flgE</i>	1389	6	187337	100	1389	100%	0	0	1	1389	77978	76590	0	2566
	<i>flgF</i>	750	6	187337	100	750	100%	0	0	1	750	76372	75623	0	1386
	<i>flgG</i>	786	6	187337	99.873	786	100%	1	0	1	786	75576	74791	0	1447
	<i>flgH</i>	696	6	187337	99.713	696	100%	2	0	1	696	74745	74050	0	1275
	<i>flgI</i>	1110	6	187337	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	74038	72929	0	2028
	<i>flgJ</i>	1203	6	187337	99.667	1203	100%	4	0	1	1203	72918	71716	0	2200
	<i>flgK</i>	2052	6	187337	99.805	2052	100%	4	0	1	2052	71697	69646	0	3768
	<i>flgL</i>	1320	6	187337	99.773	1320	100%	3	0	1	1320	69620	68301	0	2422
	<i>fliC</i>	1467	6	187337	99.932	1467	100%	1	0	1	1467	60802	59336	0	2704
	<i>fliE</i>	372	6	187337	99.731	372	100%	1	0	1	372	59257	58886	0	682
	<i>fliD</i>	1425	6	187337	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	58800	57376	0	2627
	<i>fliS</i>	381	6	187337	99.738	381	100%	1	0	1	381	57254	56874	0	699
<i>fliP</i>	297	6	187337	100	297	100%	0	0	1	297	56851	56555	6.27E-157	549	
<i>fleQ</i>	1473	6	187337	98.914	1473	100%	16	0	1	1473	56273	54801	0	2632	
<i>fleQ</i>	1473	21	99721	80.198	303	21%	50	9	498	795	81073	81370	1.06E-56	219	
<i>fleQ</i>	1473	21	99721	80	305	21%	47	14	498	795	76376	76673	4.93E-55	213	
<i>fleQ</i>	1473	26	82432	74.836	457	31%	91	19	507	951	9746	9302	1.07E-46	185	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20412	<i>fleQ</i>	1473	20	100461	75	416	28%	92	12	511	920	69463	69054	1.39E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	8	156694	75.14	358	24%	77	11	507	858	47854	48205	2.34E-38	158
	<i>fleQ</i>	1473	8	156694	78.616	159	11%	28	6	625	780	77715	77560	4.00E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	9	156271	76.37	292	20%	55	13	507	791	32349	32633	1.82E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	39	59354	74.315	292	20%	64	10	508	792	21939	21652	5.14E-25	113
	<i>fleQ</i>	1473	25	91995	76.555	209	14%	42	7	592	795	90454	90248	2.39E-23	108
	<i>fleQ</i>	1473	18	109404	75	184	12%	41	4	586	765	1482	1300	5.21E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	6	187337	99.504	1209	100%	6	0	1	1209	54688	53480	0	2200
	<i>fleS</i>	1209	9	156271	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	31633	31681	1.54E-09	62.1
	<i>fleR</i>	1422	6	187337	99.508	1422	100%	7	0	1	1422	53475	52054	0	2588
	<i>fliE</i>	330	6	187337	99.394	330	100%	2	0	1	330	51808	51479	6.87E-172	599
	<i>fliF</i>	1797	6	187337	99.444	1797	100%	10	0	1	1797	51456	49660	0	3264
	<i>fliG</i>	1017	6	187337	99.41	1017	100%	6	0	1	1017	49654	48638	0	1845
	<i>fliH</i>	807	6	187337	98.885	807	100%	9	0	1	807	48636	47830	0	1441
	<i>fliI</i>	1356	6	187337	99.189	1356	100%	11	0	1	1356	47840	46485	0	2444
	<i>fliJ</i>	444	6	187337	99.775	444	100%	1	0	1	444	46471	46028	0	815
	<i>fliK</i>	1284	30	74456	99.533	1284	100%	6	0	1	1284	52894	54177	0	2338
	<i>fliL</i>	522	30	74456	100	522	100%	0	0	1	522	54421	54942	0	965
	<i>fliM</i>	972	30	74456	99.897	972	100%	1	0	1	972	54950	55921	0	1790
	<i>fliN</i>	474	30	74456	100	474	100%	0	0	1	474	55949	56422	0	876
	<i>fliO</i>	453	30	74456	100	453	100%	0	0	1	453	56424	56876	0	837
	<i>fliP</i>	768	30	74456	99.74	768	100%	2	0	1	768	56873	57640	0	1408
	<i>fliQ</i>	270	30	74456	99.63	270	100%	1	0	1	270	57685	57954	2.70E-140	494
	<i>fliR</i>	777	30	74456	99.871	777	100%	1	0	1	777	57954	58730	0	1430
	<i>flhB</i>	1137	30	74456	99.912	1137	100%	1	0	1	1137	58733	59869	0	2095
	<i>flhA</i>	2124	30	74456	99.812	2124	100%	4	0	1	2124	62713	64836	0	3901
	<i>flhF</i>	1290	30	74456	99.69	1290	100%	4	0	1	1290	64920	66209	0	2361
	<i>flhN</i>	843	30	74456	99.881	843	100%	1	0	1	843	66348	67190	0	1552
	<i>fliA</i>	744	30	74456	99.731	744	100%	2	0	1	744	67187	67930	0	1363
	<i>cheY</i>	375	30	74456	100	375	100%	0	0	1	375	68032	68406	0	693
	<i>cheZ</i>	789	30	74456	99.873	789	100%	1	0	1	789	68426	69214	0	1452
	<i>PA1458</i>	2262	30	74456	99.646	2262	100%	8	0	1	2262	69415	71676	0	4133
	<i>PA1458</i>	2262	30	74456	77.016	248	11%	30	14	707	954	69983	70203	6.13E-26	117
	<i>PA1458</i>	2262	30	74456	77.016	248	11%	30	14	569	789	70121	70368	6.13E-26	117
	<i>PA1459</i>	1107	30	74456	99.819	1107	100%	2	0	1	1107	71730	72836	0	2034
	<i>motC</i>	741	30	74456	99.73	741	100%	2	0	1	741	72925	73665	0	1358
	<i>motD</i>	891	30	74456	98.325	776	87%	13	0	1	776	73678	74453	0	1362
	<i>PA1464</i>	480	44	49649	100	480	100%	0	0	1	480	47718	47239	0	887
	<i>PA3348</i>	825	5	202773	99.879	825	100%	1	0	1	825	19026	19850	0	1519
	<i>PA3349</i>	933	5	202773	100	933	100%	0	0	1	933	18017	18949	0	1724
	<i>flgA</i>	699	5	202773	99.571	699	100%	3	0	1	699	17885	17187	0	1275
	<i>flgM</i>	324	5	202773	99.691	324	100%	1	0	1	324	17042	16719	3.14E-170	593
	<i>flgN</i>	471	5	202773	99.575	471	100%	2	0	1	471	16664	16194	0	859
	<i>motY</i>	966	69	19724	99.793	966	100%	2	0	1	966	19684	18719	0	1773
	<i>motB</i>	1044	2	313604	99.617	1044	100%	4	0	1	1044	180494	179451	0	1906
	<i>motA</i>	852	2	313604	99.883	852	100%	1	0	1	852	181365	180514	0	1568
	<i>algU</i>	582	31	74428	99.656	582	100%	2	0	1	582	35668	36249	0	1064
	<i>mucA</i>	585	31	74428	99.829	585	100%	1	0	1	585	36281	36865	0	1075
	<i>mucB</i>	951	31	74428	100	951	100%	0	0	1	951	36874	37824	0	1757
	<i>mucC</i>	456	31	74428	99.561	456	100%	2	0	1	456	37821	38276	0	832
	<i>mucD</i>	1425	31	74428	99.86	1425	100%	2	0	1	1425	38316	39740	0	2621
	<i>algD</i>	1311	35	63591	99.924	1311	100%	1	0	1	1311	15721	17031	0	2416
	<i>alg8</i>	1485	35	63591	99.933	1485	100%	1	0	1	1485	17171	18655	0	2737
	<i>alg44</i>	1170	35	63591	100	1170	100%	0	0	1	1170	18738	19907	0	2161
	<i>algK</i>	1428	35	63591	99.86	1428	100%	2	0	1	1428	19921	21348	0	2627
	<i>algE</i>	1473	35	63591	99.593	1473	100%	6	0	1	1473	21345	22817	0	2687
	<i>algG</i>	1632	35	63591	99.939	1632	100%	1	0	1	1632	22838	24469	0	3009
	<i>algX</i>	1425	35	63591	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	24482	25906	0	2627
	<i>algL</i>	1104	35	63591	100	1104	100%	0	0	1	1104	25910	27013	0	2039
<i>algI</i>	1563	35	63591	99.872	1563	100%	2	0	1	1563	27255	28817	0	2876	
<i>algJ</i>	1176	35	63591	99.66	1176	100%	4	0	1	1176	28832	30007	0	2150	
<i>algF</i>	651	35	63591	100	651	100%	0	0	1	651	30080	30730	0	1203	
<i>algA</i>	1446	35	63591	99.793	1446	100%	3	0	1	1446	30928	32373	0	2654	
<i>mucP</i>	1353	3	294808	99.704	1353	100%	4	0	1	1353	79485	78133	0	2477	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
PS20412	<i>mucE</i>	270	42	50014	99.63	270	100%	1	0	1	270	39725	39456	2.70E-140	494	
	<i>algW</i>	1170	1	404399	99.915	1170	100%	1	0	1	1170	141206	142375	0	2156	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	99.528	1059	100%	5	0	1	1059	132470	131412	0	1929	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	89.006	473	45%	49	1	421	890	131975	131503	2.33E-166	582	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	90.783	434	41%	40	0	496	929	132050	131617	8.38E-166	580	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	87.94	398	38%	45	1	421	815	131900	131503	2.45E-131	466	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	87.437	398	38%	47	1	571	968	132050	131656	5.30E-128	455	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	89.209	278	26%	30	0	427	704	131819	131542	9.25E-96	348	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	89.209	278	26%	30	0	652	929	132044	131767	9.25E-96	348	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	83.333	174	16%	24	4	421	590	131675	131503	6.02E-38	156	
	<i>algP</i>	1059	9	156271	82.759	174	16%	25	4	796	968	132050	131881	2.80E-36	150	
	<i>algQ</i>	483	9	156271	99.379	483	100%	3	0	1	483	133769	133287	0	876	
	<i>algR</i>	747	9	156271	99.732	747	100%	2	0	1	747	139660	138914	0	1369	
	<i>algZ</i>	1077	9	156271	99.814	1077	100%	2	0	1	1077	140741	139665	0	1978	
	<i>algC</i>	2607	22	99514	99.962	2607	100%	1	0	1	2607	48347	45741	0	4809	
	<i>algB</i>	1350	8	156694	99.926	1350	100%	1	0	1	1350	78342	76993	0	2488	
	<i>algB</i>	1350	8	156694	78.333	120	9%	20	6	629	745	47973	48089	7.98E-13	73.1	
	<i>algB</i>	1350	6	187337	78.616	159	12%	28	6	628	783	55649	55494	3.66E-21	100	
	<i>algB</i>	1350	25	91995	78.75	160	12%	21	11	631	782	90418	90264	1.70E-19	95.3	
	<i>algB</i>	1350	26	82432	79.07	129	10%	21	6	631	756	9625	9500	3.69E-16	84.2	
	<i>algB</i>	1350	9	156271	79.845	129	10%	15	10	624	745	32460	32584	3.69E-16	84.2	
	<i>algB</i>	1350	20	100461	81.633	98	7%	14	4	664	759	69313	69218	1.72E-14	78.7	
	<i>algB</i>	1350	21	99721	77.6	125	9%	20	8	630	750	81202	81322	1.03E-11	69.4	
	<i>lasI</i>	606	30	74456	100	606	100%	0	0	1	606	41652	42257	0	1120	
	<i>lasR</i>	720	30	74456	100	720	100%	0	0	1	720	40569	41288	0	1330	
	PS20490	<i>pilT</i>	1035	31	45803	99.903	1035	100%	1	0	1	1035	40587	39553	0	1906
		<i>pilU</i>	1149	31	45803	99.913	1149	100%	1	0	1	1149	39375	38227	0	2117
		<i>pilG</i>	408	31	45803	100	408	100%	0	0	1	408	27519	27112	0	754
<i>pilH</i>		366	31	45803	100	366	100%	0	0	1	366	27065	26700	0	676	
<i>pilI</i>		537	31	45803	99.814	537	100%	1	0	1	537	26649	26113	0	987	
<i>pilJ</i>		2049	31	45803	99.951	2049	100%	1	0	1	2049	26028	23980	0	3779	
<i>pilK</i>		876	31	45803	99.772	876	100%	2	0	1	876	23919	23044	0	1607	
<i>chpA</i>		7419	31	45803	99.677	7419	100%	24	0	1	7419	23032	15614	0	13568	
<i>chpA</i>		7419	31	45803	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	18358	18255	7.68E-30	132	
<i>chpA</i>		7419	31	45803	89.423	104	1%	11	0	4675	4778	18838	18735	7.68E-30	132	
<i>chpB</i>		1032	31	45803	99.031	1032	100%	10	0	1	1032	15621	14590	0	1851	
<i>chpC</i>		507	31	45803	98.817	507	100%	6	0	1	507	14593	14087	0	904	
<i>chpD</i>		795	31	45803	99.371	795	100%	5	0	1	795	14079	13285	0	1441	
<i>chpE</i>		612	31	45803	99.51	612	100%	3	0	1	612	13209	12598	0	1114	
<i>vfr</i>		645	112	18850	99.845	645	100%	1	0	1	645	9406	10050	0	1186	
<i>fimL</i>		1689	47	35678	99.882	1689	100%	2	0	1	1689	3859	2171	0	3109	
<i>pilZ</i>		357	57	33008	99.72	357	100%	1	0	1	357	11122	10766	0	654	
<i>fimV</i>		2760	291	5382	99.066	1499	54%	2	1	1262	2760	1	1487	0	2680	
<i>fimV</i>		2760	121	17806	99.828	1162	42%	2	0	1	1162	1162	1	0	2135	
<i>rpoS</i>		1005	4	70571	99.801	1005	100%	2	0	1	1005	56640	55636	0	1845	
<i>pilF</i>		759	10	64273	99.078	759	100%	7	0	1	759	42367	41609	0	1363	
<i>rpoN</i>		1494	8	66611	99.866	1494	100%	2	0	1	1494	8684	7191	0	2748	
<i>pilA</i>		450	21	55208	97.321	224	50%	6	0	1	224	9552	9329	4.00E-106	381	
<i>pilB</i>		1701	21	55208	99.882	1701	100%	2	0	1	1701	9784	11484	0	3131	
<i>pilB</i>		1701	156	14517	76.577	333	20%	64	13	950	1275	6811	6486	3.69E-42	171	
<i>pilB</i>		1701	1	163585	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	110796	110927	4.81E-36	150	
<i>pilB</i>		1701	1	163585	92	50	3%	4	0	949	998	110607	110656	3.85E-12	71.3	
<i>pilB</i>		1701	109	19192	74.613	323	19%	78	3	949	1269	1475	1155	1.04E-32	139	
<i>pilC</i>		1125	21	55208	100	1125	100%	0	0	1	1125	11584	12708	0	2078	
<i>xcpA</i>		873	21	55208	99.313	873	100%	6	0	1	873	12712	13584	0	1580	
<i>pilS</i>		1593	9	65281	99.498	1593	100%	8	0	1	1593	8763	10355	0	2898	
<i>pilR</i>		1338	9	65281	99.925	1338	100%	1	0	1	1338	10370	11707	0	2466	
<i>fimT</i>		510	9	65281	99.608	510	100%	2	0	1	510	12982	13491	0	931	
<i>fimU</i>		507	9	65281	100	507	100%	0	0	1	507	13597	14103	0	937	
<i>pilV</i>		558	9	65281	99.642	558	100%	2	0	1	558	14094	14651	0	1020	
<i>pilW</i>		825	9	65281	99.879	825	100%	1	0	1	825	14648	15472	0	1519	
<i>pilX</i>		588	9	65281	100	588	100%	0	0	1	588	15469	16056	0	1086	
<i>pilYI</i>		3486	9	65281	95.557	2926	84%	121	3	561	3486	16643	19559	0	4674	
<i>pilYI</i>		3486	9	65281	85.455	385	11%	44	10	1	379	16068	16446	5.37E-108	390	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20490	<i>pilY2</i>	348	9	65281	99.713	348	100%	1	0	1	348	19561	19908	0	638
	<i>pilE</i>	426	9	65281	99.765	426	100%	1	0	1	426	19905	20330	0	782
	<i>fimX</i>	2076	11	62714	99.277	2076	100%	15	0	1	2076	22835	20760	0	3751
	<i>pilQ</i>	2145	39	38460	98.695	2145	100%	28	0	1	2145	24219	22075	0	3807
	<i>pilP</i>	525	39	38460	100	525	100%	0	0	1	525	24797	24273	0	970
	<i>pilO</i>	624	39	38460	99.84	624	100%	1	0	1	624	25417	24794	0	1147
	<i>pilN</i>	597	39	38460	100	597	100%	0	0	1	597	26010	25414	0	1103
	<i>pilM</i>	1065	39	38460	100	1065	100%	0	0	1	1065	27074	26010	0	1967
	<i>crc</i>	780	99	21917	99.231	780	100%	6	0	1	780	3634	4413	0	1408
	<i>flgB</i>	408	48	34463	100	408	100%	0	0	1	408	23930	24337	0	754
	<i>flgC</i>	441	48	34463	100	441	100%	0	0	1	441	24343	24783	0	815
	<i>flgD</i>	714	48	34463	99.86	714	100%	1	0	1	714	24796	25509	0	1314
	<i>flgE</i>	1389	48	34463	99.496	1389	100%	7	0	1	1389	25537	26925	0	2527
	<i>flgF</i>	750	48	34463	100	750	100%	0	0	1	750	27143	27892	0	1386
	<i>flgG</i>	786	48	34463	99.746	786	100%	2	0	1	786	27939	28724	0	1441
	<i>flgH</i>	696	48	34463	99.282	696	100%	5	0	1	696	28770	29465	0	1258
	<i>flgI</i>	1110	48	34463	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	29477	30586	0	2028
	<i>flgJ</i>	1203	48	34463	99.751	1203	100%	3	0	1	1203	30597	31799	0	2206
	<i>flgK</i>	2052	48	34463	99.172	2052	100%	17	0	1	2052	31818	33869	0	3696
	<i>flgL</i>	1320	17	58680	99.558	679	51%	3	0	642	1320	1	679	0	1238
	<i>flgL</i>	1320	48	34463	99.473	569	43%	3	0	1	569	33895	34463	0	1035
	<i>fliC</i>	1467	17	58680	99.524	1470	100%	4	1	1	1467	8178	9647	0	2673
	<i>fliE</i>	372	17	58680	99.731	372	100%	1	0	1	372	9726	10097	0	682
	<i>fliD</i>	1425	17	58680	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	10183	11607	0	2627
	<i>fliS</i>	381	17	58680	99.738	381	100%	1	0	1	381	11729	12109	0	699
	<i>fliP</i>	297	17	58680	100	297	100%	0	0	1	297	12132	12428	6.65E-157	549
	<i>fleQ</i>	1473	17	58680	99.389	1473	100%	9	0	1	1473	12710	14182	0	2671
	<i>fleQ</i>	1473	201	10955	75.899	473	32%	92	18	498	959	9137	8676	8.68E-58	222
	<i>fleQ</i>	1473	131	16882	74.834	453	31%	95	15	482	926	4080	4521	3.17E-47	187
	<i>fleQ</i>	1473	19	57312	74.94	415	28%	94	10	511	920	52717	52308	1.47E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	2	83035	74.831	445	30%	88	20	504	936	72644	73076	5.30E-45	180
	<i>fleQ</i>	1473	198	11187	75.14	358	24%	77	11	507	858	10676	10325	2.48E-38	158
	<i>fleQ</i>	1473	1	163585	76.37	292	20%	55	13	507	791	58946	59230	1.93E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	358	2608	84.354	147	10%	21	2	650	795	1	146	6.95E-34	143
	<i>fleQ</i>	1473	261	6533	74.403	293	20%	62	12	508	792	319	606	5.45E-25	113
	<i>fleQ</i>	1473	372	2324	76.077	209	14%	43	7	592	795	1542	1748	1.18E-21	102
	<i>fleQ</i>	1473	43	37640	78.395	162	11%	29	6	622	780	18069	18227	4.24E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	51	34215	74.611	193	13%	44	4	577	765	32725	32916	5.53E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	17	58680	99.504	1209	100%	6	0	1	1209	14295	15503	0	2200
	<i>fleR</i>	1422	17	58680	99.789	1422	100%	3	0	1	1422	15508	16929	0	2610
	<i>fliE</i>	330	17	58680	99.697	330	100%	1	0	1	330	17176	17505	1.57E-173	604
	<i>fliF</i>	1797	17	58680	99.722	1797	100%	5	0	1	1797	17528	19324	0	3291
	<i>fliG</i>	1017	17	58680	99.607	1017	100%	4	0	1	1017	19330	20346	0	1857
	<i>fliH</i>	807	17	58680	99.257	807	100%	6	0	1	807	20348	21154	0	1458
	<i>fliI</i>	1356	17	58680	99.336	1356	100%	9	0	1	1356	21144	22499	0	2455
	<i>fliJ</i>	444	17	58680	99.55	444	100%	2	0	1	444	22513	22956	0	809
	<i>fliK</i>	1284	85	25009	99.533	1284	100%	6	0	1	1284	7795	9078	0	2338
	<i>fliL</i>	522	85	25009	100	522	100%	0	0	1	522	9322	9843	0	965
	<i>fliM</i>	972	85	25009	99.794	972	100%	2	0	1	972	9851	10822	0	1784
	<i>fliN</i>	474	85	25009	99.789	474	100%	1	0	1	474	10850	11323	0	870
	<i>fliO</i>	453	85	25009	100	453	100%	0	0	1	453	11325	11777	0	837
	<i>fliP</i>	768	85	25009	99.87	768	100%	1	0	1	768	11774	12541	0	1413
	<i>fliQ</i>	270	85	25009	99.63	270	100%	1	0	1	270	12586	12855	2.86E-140	494
	<i>fliR</i>	777	85	25009	99.614	777	100%	3	0	1	777	12855	13631	0	1419
	<i>fliB</i>	1137	85	25009	99.736	1137	100%	3	0	1	1137	13634	14770	0	2084
	<i>fliA</i>	2124	85	25009	99.67	2124	100%	7	0	1	2124	17587	19710	0	3884
	<i>fliF</i>	1290	85	25009	99.612	1290	100%	5	0	1	1290	19794	21083	0	2355
	<i>fleN</i>	843	85	25009	99.763	843	100%	2	0	1	843	21222	22064	0	1546
	<i>fliA</i>	744	85	25009	99.731	744	100%	2	0	1	744	22061	22804	0	1363
	<i>cheY</i>	375	85	25009	100	375	100%	0	0	1	375	22906	23280	0	693
	<i>cheZ</i>	789	85	25009	99.366	789	100%	5	0	1	789	23300	24088	0	1430
	PA1458	2262	290	5382	98.599	1285	57%	17	1	979	2262	5333	4049	0	2272
	PA1458	2262	290	5382	98.413	63	3%	1	0	878	940	5320	5382	3.03E-24	111
	PA1458	2262	85	25009	99.026	719	32%	7	0	1	719	24289	25007	0	1290

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20490	<i>PA1459</i>	1107	290	5382	99.548	1107	100%	5	0	1	1107	3995	2889	0	2017
	<i>motC</i>	741	290	5382	99.865	741	100%	1	0	1	741	2800	2060	0	1363
	<i>motD</i>	891	290	5382	99.663	891	100%	3	0	1	891	2047	1157	0	1629
	<i>PA1464</i>	480	142	15641	100	480	100%	0	0	1	480	14946	14467	0	887
	<i>PA3348</i>	825	25	51037	99.879	825	100%	1	0	1	825	8577	9401	0	1519
	<i>PA3349</i>	933	25	51037	100	933	100%	0	0	1	933	7568	8500	0	1724
	<i>flgA</i>	699	25	51037	99.857	699	100%	1	0	1	699	7436	6738	0	1286
	<i>flgM</i>	324	25	51037	98.457	324	100%	5	0	1	324	6593	6270	1.56E-163	571
	<i>flgN</i>	471	25	51037	98.938	471	100%	5	0	1	471	6215	5745	0	843
	<i>motY</i>	966	34	43290	99.896	966	100%	1	0	1	966	33	998	0	1779
	<i>motB</i>	1044	11	62714	99.808	1044	100%	2	0	1	1044	29327	30370	0	1917
	<i>motA</i>	852	11	62714	100	852	100%	0	0	1	852	28456	29307	0	1574
	<i>algU</i>	582	45	37099	100	582	100%	0	0	1	582	30937	30356	0	1075
	<i>mucA</i>	585	45	37099	99.829	585	100%	1	0	1	585	30324	29740	0	1075
	<i>mucB</i>	951	45	37099	100	951	100%	0	0	1	951	29731	28781	0	1757
	<i>mucC</i>	456	45	37099	99.561	456	100%	2	0	1	456	28784	28329	0	832
	<i>mucD</i>	1425	45	37099	99.86	1425	100%	2	0	1	1425	28289	26865	0	2621
	<i>algD</i>	1311	55	33166	99.924	1311	100%	1	0	1	1311	15680	16990	0	2416
	<i>alg8</i>	1485	55	33166	99.865	1485	100%	2	0	1	1485	17130	18614	0	2732
	<i>alg44</i>	1170	55	33166	99.829	1170	100%	2	0	1	1170	18697	19866	0	2150
	<i>algK</i>	1428	55	33166	99.93	1428	100%	1	0	1	1428	19880	21307	0	2632
	<i>algE</i>	1473	55	33166	99.525	1473	100%	7	0	1	1473	21304	22776	0	2682
	<i>algG</i>	1632	55	33166	99.816	1632	100%	3	0	1	1632	22797	24428	0	2998
	<i>algX</i>	1425	55	33166	99.509	1425	100%	7	0	1	1425	24441	25865	0	2593
	<i>algL</i>	1104	55	33166	99.728	1104	100%	3	0	1	1104	25869	26972	0	2023
	<i>algI</i>	1563	55	33166	99.552	1563	100%	7	0	1	1563	27214	28776	0	2848
	<i>algJ</i>	1176	55	33166	99.575	1176	100%	5	0	1	1176	28791	29966	0	2145
	<i>algF</i>	651	55	33166	99.539	651	100%	3	0	1	651	30039	30689	0	1186
	<i>algA</i>	1446	55	33166	99.723	1444	100%	4	0	1	1444	30886	32329	0	2645
	<i>mucP</i>	1353	65	31259	99.778	1353	100%	3	0	1	1353	15321	16673	0	2483
	<i>mucE</i>	270	193	11487	99.63	270	100%	1	0	1	270	1198	929	2.86E-140	494
	<i>algW</i>	1170	8	66611	100	1168	100%	0	0	1	1168	21720	20553	0	2158
	<i>algP</i>	1059	1	163585	92.049	893	84%	32	9	1	890	160352	159496	0	1219
	<i>algP</i>	1059	1	163585	89.007	564	53%	26	10	496	1059	159932	159405	0	665
	<i>algP</i>	1059	1	163585	85.012	407	38%	46	8	402	805	159888	159494	2.67E-111	399
	<i>algP</i>	1059	1	163585	84.53	362	34%	38	5	571	929	159932	159586	4.57E-94	342
	<i>algP</i>	1059	1	163585	85.306	245	23%	30	3	418	659	159797	159556	1.02E-65	248
	<i>algP</i>	1059	1	163585	84.574	188	18%	26	1	781	968	159884	159700	2.93E-46	183
	<i>algP</i>	1059	1	163585	80.612	196	19%	30	7	402	590	159690	159496	1.38E-34	145
	<i>algP</i>	1059	1	163585	92.593	54	5%	4	0	651	704	159588	159535	1.42E-14	78.7
<i>algP</i>	1059	1	163585	85.135	74	7%	11	0	796	869	159932	159859	5.11E-14	76.8	
<i>algQ</i>	483	1	163585	99.586	483	100%	2	0	1	483	161651	161169	0	881	
<i>algR</i>	747	202	10942	100	747	100%	0	0	1	747	3437	2691	0	1380	
<i>algZ</i>	1077	202	10942	100	1077	100%	0	0	1	1077	4518	3442	0	1989	
<i>algC</i>	2607	24	51979	99.808	2607	100%	5	0	1	2607	44612	47218	0	4787	
<i>algB</i>	1350	43	37640	99.852	1350	100%	2	0	1	1350	17445	18794	0	2483	
<i>algB</i>	1350	131	16882	75.667	300	22%	49	20	642	929	4234	4521	1.78E-29	128	
<i>algB</i>	1350	17	58680	79.012	162	12%	28	6	625	783	13331	13489	8.35E-23	106	
<i>algB</i>	1350	372	2324	79.195	149	11%	19	10	631	771	1578	1722	6.50E-19	93.5	
<i>algB</i>	1350	358	2608	73.498	283	21%	57	15	716	989	64	337	2.34E-18	91.6	
<i>algB</i>	1350	1	163585	79.845	129	10%	15	10	624	745	59057	59181	3.91E-16	84.2	
<i>algB</i>	1350	19	57312	81.633	98	7%	14	4	664	759	52567	52472	1.82E-14	78.7	
<i>algB</i>	1350	2	83035	78.571	126	9%	21	6	628	750	72765	72887	1.82E-14	78.7	
<i>algB</i>	1350	201	10955	85.075	67	5%	10	0	716	782	8922	8856	1.10E-11	69.4	
<i>algB</i>	1350	198	11187	70.506	356	26%	89	14	629	976	10557	10210	1.83E-09	62.1	
<i>lasI</i>	606	199	11147	100	606	100%	0	0	1	606	3328	2723	0	1120	
<i>lasR</i>	720	199	11147	100	720	100%	0	0	1	720	4411	3692	0	1330	
PS20503	<i>pilT</i>	1035	27	33054	99.227	1035	100%	8	0	1	1035	30398	29364	0	1868
	<i>pilU</i>	1149	27	33054	99.739	1149	100%	3	0	1	1149	29186	28038	0	2106
	<i>pilG</i>	408	27	33054	100	408	100%	0	0	1	408	17328	16921	0	754
	<i>pilH</i>	366	27	33054	100	366	100%	0	0	1	366	16874	16509	0	676
	<i>pilI</i>	537	27	33054	100	537	100%	0	0	1	537	16458	15922	0	992
	<i>pilJ</i>	2049	27	33054	99.512	2049	100%	10	0	1	2049	15837	13789	0	3729
<i>pilK</i>	876	27	33054	99.315	876	100%	6	0	1	876	13728	12853	0	1585	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20503	chpA	7419	27	33054	98.521	7437	100%	86	2	1	7419	12841	5411	0	13103
	chpA	7419	27	33054	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	8155	8052	7.82E-30	132
	chpB	1032	27	33054	98.934	1032	100%	11	0	1	1032	5418	4387	0	1845
	chpC	507	27	33054	98.817	507	100%	6	0	1	507	4390	3884	0	904
	chpD	795	27	33054	99.874	795	100%	1	0	1	795	3876	3082	0	1463
	chpE	612	27	33054	98.693	612	100%	8	0	1	612	3005	2394	0	1086
	vfr	645	35	29428	99.845	645	100%	1	0	1	645	28703	28059	0	1186
	fimL	1689	229	9017	99.741	772	46%	2	0	1	772	8246	9017	0	1415
	pilZ	357	37	27766	98.599	357	100%	5	0	1	357	13204	12848	0	632
	fimV	2760	75	19766	98.45	2775	101%	28	1	1	2760	7634	4860	0	4872
	rpoS	1005	69	21136	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	5083	4079	0	1823
	pilF	759	14	40873	99.078	759	100%	7	0	1	759	22030	22788	0	1363
	rpoN	1494	43	25919	99.598	1494	100%	6	0	1	1494	18502	17009	0	2726
	pilA	450	71	20415	95.089	224	50%	11	0	1	224	3873	3650	8.87E-98	353
	pilB	1701	71	20415	99.001	1701	100%	17	0	1	1701	4105	5805	0	3048
	pilB	1701	303	6964	76.577	333	20%	64	13	950	1275	4489	4164	3.76E-42	171
	pilB	1701	113	16535	78.846	260	15%	40	11	1137	1389	15886	16137	2.26E-39	161
	pilB	1701	113	16535	92	50	3%	4	0	949	998	15697	15746	3.92E-12	71.3
	pilC	1125	71	20415	99.111	1125	100%	10	0	1	1125	5905	7029	0	2023
	xcpA	873	71	20415	99.542	873	100%	4	0	1	873	7033	7905	0	1591
	pilS	1593	74	19920	99.498	1593	100%	8	0	1	1593	11845	10253	0	2898
	pilR	1338	74	19920	99.253	1338	100%	10	0	1	1338	10238	8901	0	2416
	fimT	510	74	19920	97.255	510	100%	14	0	1	510	7626	7117	0	865
	fimU	507	74	19920	99.606	507	100%	2	0	1	507	7011	6505	0	926
	pilV	558	74	19920	98.925	558	100%	6	0	1	558	6514	5957	0	998
	pilW	825	74	19920	99.03	825	100%	8	0	1	825	5960	5136	0	1480
	pilX	588	74	19920	99.49	588	100%	3	0	1	588	5139	4552	0	1070
	pilY1	3486	74	19920	95.557	2926	84%	121	4	561	3486	3965	1049	0	4674
	pilY1	3486	74	19920	84.935	385	11%	46	10	1	379	4540	4162	1.18E-104	379
	pilY2	348	74	19920	99.713	348	100%	1	0	1	348	1047	700	0	638
	pilE	426	74	19920	100	426	100%	0	0	1	426	703	278	0	787
	fimX	2076	2	70715	99.133	2076	100%	18	0	1	2076	45964	48039	0	3735
	pilQ	2145	78	19085	99.58	2145	100%	9	0	1	2145	14293	16437	0	3912
	pilP	525	78	19085	99.81	525	100%	1	0	1	525	13715	14239	0	965
	pilO	624	78	19085	99.199	624	100%	5	0	1	624	13095	13718	0	1125
	pilN	597	78	19085	99.832	597	100%	1	0	1	597	12502	13098	0	1098
	pilM	1065	78	19085	99.718	1065	100%	3	0	1	1065	11438	12502	0	1951
	crc	780	54	22887	99.231	780	100%	6	0	1	780	13270	12491	0	1408
	flgB	408	161	12186	100	408	100%	0	0	1	408	7452	7859	0	754
	flgC	441	161	12186	100	441	100%	0	0	1	441	7865	8305	0	815
	flgD	714	161	12186	99.86	714	100%	1	0	1	714	8318	9031	0	1314
	flgE	1389	161	12186	99.568	1389	100%	6	0	1	1389	9059	10447	0	2532
	flgF	750	161	12186	99.067	750	100%	7	0	1	750	10665	11414	0	1347
	flgG	786	161	12186	99.293	707	90%	5	0	1	707	11461	12167	0	1279
	flgG	786	766	1401	100	33	4%	0	0	754	786	1	33	1.07E-09	62.1
	flgH	696	766	1401	99.569	696	100%	3	0	1	696	79	774	0	1269
	flgI	1110	766	1401	99.675	616	55%	2	0	1	616	786	1401	0	1127
	flgI	1110	67	21266	99.346	306	28%	2	0	805	1110	21233	20928	5.76E-158	555
	flgJ	1203	67	21266	99.086	1203	100%	11	0	1	1203	20917	19715	0	2161
	flgK	2052	67	21266	86.783	2058	100%	257	14	1	2052	19696	17648	0	2279
	flgL	1320	67	21266	74.361	1330	101%	293	40	1	1315	17609	16313	1.94E-148	523
	fliC	1467	67	21266	82.203	472	32%	80	4	1	470	5349	4880	2.93E-112	403
	fliC	1467	67	21266	85.169	236	16%	33	2	1233	1467	4420	4186	2.43E-63	241
	fliP	297	67	21266	100	32	11%	0	0	266	297	1081	1050	1.39E-09	60.2
	fleQ	1473	67	21266	99.219	768	52%	6	0	1	768	768	1	0	1386
	fleQ	1473	804	1201	98.88	625	42%	7	0	849	1473	1201	577	0	1116
	fleQ	1473	612	2346	75.372	471	32%	98	14	498	959	1056	595	1.91E-54	211
	fleQ	1473	292	7226	79.344	305	21%	49	14	498	795	2588	2291	1.15E-51	202
	fleQ	1473	64	21648	74.836	457	31%	91	19	507	951	10366	9922	1.16E-46	185
	fleQ	1473	46	24242	74.6	437	30%	99	11	489	920	12115	12544	1.50E-45	182
	fleQ	1473	36	28337	75.14	358	24%	77	11	507	858	27886	28237	2.53E-38	158
	fleQ	1473	11	44237	76.976	291	20%	55	11	507	791	20242	20526	9.09E-38	156
	fleQ	1473	201	9876	74.315	292	20%	64	10	508	792	514	801	5.55E-25	113
	fleQ	1473	614	2303	76.555	209	14%	42	7	592	795	1542	1748	2.58E-23	108

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20503	<i>fleQ</i>	1473	30	32022	73.179	302	21%	71	10	484	780	17908	18204	4.32E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	385	5365	74.299	214	15%	48	6	586	794	1482	1271	4.35E-16	84.2
	<i>fleS</i>	1209	742	1501	99.554	673	56%	3	0	537	1209	1	673	0	1227
	<i>fleS</i>	1209	804	1201	99.138	464	38%	4	0	1	464	464	1	0	835
	<i>fleS</i>	1209	11	44237	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	19526	19574	1.67E-09	62.1
	<i>fleR</i>	1422	742	1501	99.393	824	58%	5	0	1	824	678	1501	0	1495
	<i>fleR</i>	1422	415	4812	98.667	525	37%	1	1	898	1422	4812	4294	0	926
	<i>fliE</i>	330	415	4812	99.697	330	100%	1	0	1	330	4047	3718	1.60E-173	604
	<i>fliF</i>	1797	415	4812	99.444	1797	100%	10	0	1	1797	3695	1899	0	3264
	<i>fliG</i>	1017	415	4812	99.803	1017	100%	2	0	1	1017	1893	877	0	1868
	<i>fliH</i>	807	415	4812	99.504	807	100%	4	0	1	807	875	69	0	1469
	<i>fliI</i>	1356	112	16596	99.245	1192	88%	9	0	165	1356	16596	15405	0	2152
	<i>fliI</i>	1356	415	4812	100	79	6%	0	0	1	79	79	1	5.03E-35	147
	<i>fliJ</i>	444	112	16596	99.55	444	100%	2	0	1	444	15391	14948	0	809
	<i>fliK</i>	1284	62	21819	98.52	1284	100%	19	0	1	1284	21396	20113	0	2266
	<i>fliL</i>	522	62	21819	99.617	522	100%	2	0	1	522	19869	19348	0	953
	<i>fliM</i>	972	62	21819	99.897	972	100%	1	0	1	972	19340	18369	0	1790
	<i>fliN</i>	474	62	21819	99.156	474	100%	4	0	1	474	18341	17868	0	854
	<i>fliO</i>	453	62	21819	99.558	453	100%	2	0	1	453	17866	17414	0	826
	<i>fliP</i>	768	62	21819	99.609	768	100%	3	0	1	768	17417	16650	0	1402
	<i>fliQ</i>	270	62	21819	99.63	270	100%	1	0	1	270	16605	16336	2.92E-140	494
	<i>fliR</i>	777	62	21819	99.228	777	100%	6	0	1	777	16336	15560	0	1402
	<i>flhB</i>	1137	62	21819	99.56	1137	100%	5	0	1	1137	15557	14421	0	2073
	<i>flhA</i>	2124	62	21819	99.906	2124	100%	2	0	1	2124	11604	9481	0	3912
	<i>flhF</i>	1290	62	21819	99.302	1290	100%	9	0	1	1290	9397	8108	0	2333
	<i>fleN</i>	843	62	21819	99.288	843	100%	6	0	1	843	7969	7127	0	1524
	<i>fliA</i>	744	62	21819	99.731	744	100%	2	0	1	744	7130	6387	0	1363
	<i>cheY</i>	375	62	21819	100	375	100%	0	0	1	375	6285	5911	0	693
	<i>cheZ</i>	789	62	21819	99.24	789	100%	6	0	1	789	5891	5103	0	1424
	<i>PA1458</i>	2262	62	21819	95.557	1553	69%	42	14	710	2262	4330	2805	0	2460
	<i>PA1458</i>	2262	62	21819	98.986	789	35%	8	0	1	789	4901	4113	0	1413
	<i>PA1459</i>	1107	62	21819	98.555	1107	100%	16	0	1	1107	2751	1645	0	1956
	<i>motC</i>	741	62	21819	98.92	741	100%	8	0	1	741	1556	816	0	1325
	<i>motD</i>	891	62	21819	97.883	803	90%	17	0	1	803	803	1	0	1389
	<i>PA1464</i>	480	104	17302	98.75	480	100%	6	0	1	480	16743	16264	0	854
	<i>PA3348</i>	825	18	38690	99.273	825	100%	6	0	1	825	10054	9230	0	1491
	<i>PA3349</i>	933	18	38690	99.143	933	100%	8	0	1	933	11063	10131	0	1679
	<i>flgA</i>	699	18	38690	98.283	699	100%	12	0	1	699	11195	11893	0	1225
	<i>flgM</i>	324	18	38690	98.148	324	100%	6	0	1	324	12038	12361	7.39E-162	566
	<i>flgN</i>	471	18	38690	99.151	471	100%	4	0	1	471	12416	12886	0	848
	<i>motY</i>	966	9	48165	99.586	966	100%	4	0	1	966	8340	9305	0	1762
	<i>motB</i>	1044	2	70715	99.138	1044	100%	9	0	1	1044	39472	38429	0	1879
	<i>motA</i>	852	2	70715	98.122	852	100%	16	0	1	852	40343	39492	0	1485
	<i>algU</i>	582	12	43843	99.313	582	100%	4	0	1	582	32324	31743	0	1053
	<i>mucA</i>	585	12	43843	99.145	585	100%	5	0	1	585	31711	31127	0	1053
	<i>mucB</i>	951	12	43843	99.054	951	100%	9	0	1	951	31118	30168	0	1707
	<i>mucC</i>	456	12	43843	99.781	456	100%	1	0	1	456	30171	29716	0	837
	<i>mucD</i>	1425	12	43843	98.947	1425	100%	15	0	1	1425	29676	28252	0	2549
	<i>algD</i>	1311	25	33835	100	1311	100%	0	0	1	1311	6452	7762	0	2422
	<i>alg8</i>	1485	25	33835	99.865	1485	100%	2	0	1	1485	7902	9386	0	2732
	<i>alg44</i>	1170	25	33835	99.402	1170	100%	7	0	1	1170	9469	10638	0	2122
	<i>algK</i>	1428	25	33835	99.37	1428	100%	9	0	1	1428	10652	12079	0	2588
	<i>algE</i>	1473	25	33835	99.389	1473	100%	9	0	1	1473	12076	13548	0	2671
	<i>algG</i>	1632	25	33835	99.632	1632	100%	6	0	1	1632	13569	15200	0	2981
	<i>algX</i>	1425	25	33835	99.509	1425	100%	7	0	1	1425	15213	16637	0	2593
	<i>algL</i>	1104	25	33835	99.547	1104	100%	5	0	1	1104	16641	17744	0	2012
	<i>algI</i>	1563	25	33835	99.488	1563	100%	8	0	1	1563	17986	19548	0	2843
	<i>algJ</i>	1176	25	33835	99.235	1176	100%	9	0	1	1176	19563	20738	0	2122
	<i>algF</i>	651	25	33835	99.539	651	100%	3	0	1	651	20811	21461	0	1186
	<i>algA</i>	1446	25	33835	99.585	1446	100%	6	0	1	1446	21658	23103	0	2638
<i>mucP</i>	1353	91	17996	99.113	1353	100%	12	0	1	1353	13627	12275	0	2433	
<i>mucE</i>	270	70	20874	98.519	270	100%	4	0	1	270	10556	10287	2.94E-135	477	
<i>algW</i>	1170	168	11839	99.06	1170	100%	11	0	1	1170	6713	7882	0	2100	
<i>algP</i>	1059	131	15163	99.588	485	46%	2	0	1	485	14660	15144	0	885	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS20503	<i>algP</i>	1059	10	47846	100	68	6%	0	0	992	1059	1	68	5.10E-29	126
	<i>algQ</i>	483	131	15163	99.172	483	100%	4	0	1	483	13361	13843	0	870
	<i>algR</i>	747	131	15163	99.732	747	100%	2	0	1	747	7471	8217	0	1369
	<i>algZ</i>	1077	131	15163	99.443	1077	100%	6	0	1	1077	6390	7466	0	1956
	<i>algC</i>	2607	54	22887	99.37	1270	49%	8	0	1338	2607	22887	21618	0	2302
	<i>algC</i>	2607	21	36089	100	102	4%	0	0	1	102	102	1	1.60E-47	189
	<i>algB</i>	1350	30	32022	99.407	1350	100%	8	0	1	1350	17422	18771	0	2449
	<i>algB</i>	1350	67	21266	80.741	135	10%	20	6	628	759	144	13	3.96E-21	100
	<i>algB</i>	1350	614	2303	78.75	160	12%	21	11	631	782	1578	1732	1.84E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	11	44237	78.065	155	11%	20	13	598	745	20330	20477	1.11E-16	86.1
	<i>algB</i>	1350	64	21648	79.07	129	10%	21	6	631	756	10245	10120	3.99E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	46	24242	72.727	286	21%	58	16	484	759	12105	12380	1.85E-14	78.7
	<i>algB</i>	1350	36	28337	78.333	120	9%	20	6	629	745	28005	28121	8.63E-13	73.1
	<i>algB</i>	1350	612	2346	85.075	67	5%	10	0	716	782	841	775	1.12E-11	69.4
<i>lasI</i>	606	720	1596	100	606	100%	0	0	1	606	409	1014	0	1120	
<i>lasR</i>	720	289	7278	100	680	94%	0	0	1	680	6564	7243	0	1256	
<i>lasR</i>	720	720	1596	100	45	6%	0	0	676	720	1	45	2.09E-16	84.2	
PS201139	<i>pilT</i>	1035	45	51205	97.874	1035	100%	22	0	1	1035	7751	8785	0	1790
	<i>pilU</i>	1149	45	51205	97.476	1149	100%	29	0	1	1149	8965	10113	0	1962
	<i>pilG</i>	408	45	51205	97.059	408	100%	12	0	1	408	20909	21316	0	688
	<i>pilH</i>	366	45	51205	96.175	366	100%	14	0	1	366	21363	21728	7.67E-172	599
	<i>pilI</i>	537	45	51205	97.207	537	100%	15	0	1	537	21778	22314	0	909
	<i>pilJ</i>	2049	45	51205	97.462	2049	100%	52	0	1	2049	22400	24448	0	3496
	<i>pilK</i>	876	45	51205	94.869	877	100%	43	2	1	876	24509	25384	0	1369
	<i>chpA</i>	7419	45	51205	93.783	7431	100%	438	15	1	7419	25396	32814	0	11141
	<i>chpA</i>	7419	45	51205	92.857	98	1%	7	0	4195	4292	30070	30167	3.34E-33	143
	<i>chpB</i>	1032	45	51205	94.767	1032	100%	54	0	1	1032	32807	33838	0	1607
	<i>chpC</i>	507	45	51205	96.063	508	100%	18	2	1	507	33835	34341	0	826
	<i>chpD</i>	795	45	51205	95.472	795	100%	36	0	1	795	34349	35143	0	1269
	<i>chpD</i>	795	106	11418	82.432	74	9%	12	1	702	774	6816	6743	2.79E-10	63.9
	<i>chpE</i>	612	45	51205	93.464	612	100%	40	0	1	612	35220	35831	0	909
	<i>vfr</i>	645	6	150676	96.744	645	100%	21	0	1	645	135750	135106	0	1075
	<i>fimL</i>	1689	1	271037	93.487	1689	100%	107	1	1	1689	215247	216932	0	2507
	<i>pilZ</i>	357	42	57666	98.88	357	100%	4	0	1	357	12924	12568	0	638
	<i>fimV</i>	2760	13	110304	88.845	2779	101%	257	30	1	2760	45878	43134	0	3365
	<i>rpoS</i>	1005	25	81652	94.826	1005	100%	52	0	1	1005	12940	11936	0	1568
	<i>pilF</i>	759	7	144939	91.7	759	100%	63	0	1	759	45149	45907	0	1053
	<i>rpoN</i>	1494	20	96345	94.712	1494	100%	79	0	1	1494	79626	81119	0	2322
	<i>pilB</i>	1701	32	72223	88.336	1689	99%	185	11	19	1701	61631	63313	0	2017
	<i>pilB</i>	1701	11	116113	82.123	179	11%	27	5	1137	1313	69181	69356	1.63E-35	148
	<i>pilB</i>	1701	11	116113	92	50	3%	4	0	949	998	68992	69041	3.63E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	18	100609	75.912	274	16%	58	7	1041	1310	10755	11024	4.56E-31	134
	<i>xcpA</i>	873	32	72223	95.762	873	100%	37	0	1	873	64535	65407	0	1408
	<i>pilS</i>	1593	4	195364	91.777	1593	100%	131	0	1	1593	57083	58675	0	2217
	<i>pilR</i>	1338	4	195364	93.204	1339	100%	89	2	1	1338	58691	60028	0	1967
	<i>fimT</i>	510	4	195364	78.752	513	101%	103	6	1	510	61303	61812	2.62E-93	339
	<i>fimU</i>	507	4	195364	88.757	507	100%	57	0	1	507	61918	62424	2.31E-178	621
	<i>pilV</i>	558	4	195364	92.487	559	100%	40	2	1	558	62415	62972	0	798
	<i>pilW</i>	825	4	195364	88.606	825	100%	94	0	1	825	62969	63793	0	1003
	<i>pilX</i>	588	4	195364	90.829	567	96%	52	0	22	588	63811	64377	0	760
	<i>pilY1</i>	3486	4	195364	85.951	3495	100%	455	23	1	3486	64389	67856	0	3701
	<i>pilY2</i>	348	4	195364	88.539	349	100%	38	2	1	348	67858	68205	1.69E-118	422
	<i>pilE</i>	426	4	195364	92.488	426	100%	32	0	1	426	68202	68627	4.16E-175	610
	<i>fimX</i>	2076	5	177585	94.894	2076	100%	106	0	1	2076	155398	157473	0	3247
<i>pilQ</i>	2145	22	90539	92.641	2147	100%	154	2	1	2145	76345	74201	0	3086	
<i>pilP</i>	525	22	90539	96.381	525	100%	19	0	1	525	76923	76399	0	865	
<i>pilO</i>	624	22	90539	95.192	624	100%	30	0	1	624	77543	76920	0	987	
<i>pilN</i>	597	22	90539	92.965	597	100%	42	0	1	597	78136	77540	0	870	
<i>pilM</i>	1065	22	90539	95.962	1065	100%	43	0	1	1065	79200	78136	0	1729	
<i>crc</i>	780	17	100910	98.077	780	100%	15	0	1	780	37471	36692	0	1358	
<i>flgB</i>	408	9	121384	97.059	408	100%	12	0	1	408	106368	106775	0	688	
<i>flgC</i>	441	9	121384	96.599	441	100%	15	0	1	441	106781	107221	0	732	
<i>flgD</i>	714	9	121384	94.94	672	94%	34	0	43	714	107246	107917	0	1053	
<i>flgE</i>	1389	9	121384	93.593	1389	100%	89	0	1	1389	107945	109333	0	2073	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS201139	<i>flgF</i>	750	9	121384	95.6	750	100%	33	0	1	750	109533	110282	0	1203
	<i>flgG</i>	786	9	121384	97.328	786	100%	21	0	1	786	110329	111114	0	1336
	<i>flgH</i>	696	9	121384	98.42	696	100%	11	0	1	696	111160	111855	0	1225
	<i>flgI</i>	1110	9	121384	96.486	1110	100%	39	0	1	1110	111867	112976	0	1834
	<i>flgJ</i>	1203	9	121384	95.012	1203	100%	60	0	1	1203	112987	114189	0	1890
	<i>flgK</i>	2052	9	121384	88.315	2054	100%	236	4	1	2052	114207	116258	0	2460
	<i>flgL</i>	1320	9	121384	89.394	1320	100%	140	0	1	1320	116284	117603	0	1663
	<i>fliC</i>	1467	59	32261	93.32	1467	100%	98	0	1	1467	28702	27236	0	2167
	<i>fliE</i>	372	59	32261	90.933	375	101%	31	2	1	372	27157	26783	2.26E-142	501
	<i>fliD</i>	1425	59	32261	88.654	1419	100%	161	0	1	1419	26700	25282	0	1729
	<i>fliS</i>	381	59	32261	90.551	381	100%	36	0	1	381	25153	24773	1.80E-143	505
	<i>fliP</i>	297	59	32261	85.666	293	99%	42	0	1	293	24752	24460	1.16E-84	309
	<i>fleQ</i>	1473	59	32261	93.958	1473	100%	89	0	1	1473	24175	22703	0	2228
	<i>fleQ</i>	1473	35	66794	75	436	30%	99	9	489	920	11294	11723	6.41E-49	193
	<i>fleQ</i>	1473	21	95231	74.943	439	30%	92	18	507	936	23472	23043	1.07E-46	185
	<i>fleQ</i>	1473	11	116113	77.966	295	20%	51	12	507	794	18645	18932	8.35E-43	172
	<i>fleQ</i>	1473	40	61793	75.085	293	20%	60	11	508	792	23886	23599	2.37E-28	124
	<i>fleQ</i>	1473	2	239378	74.172	302	21%	66	10	484	779	89773	90068	1.43E-25	115
	<i>fleQ</i>	1473	23	88807	76.077	209	14%	43	7	592	795	87056	86850	1.11E-21	102
	<i>fleQ</i>	1473	34	70405	73.129	294	20%	62	13	501	785	32288	32573	8.66E-18	89.8
	<i>fleS</i>	1209	59	32261	91.405	1210	100%	102	2	1	1209	22590	21382	0	1657
	<i>fleS</i>	1209	11	116113	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	17929	17977	1.54E-09	62.1
	<i>fleR</i>	1422	59	32261	91.011	1424	100%	115	10	1	1422	21377	19965	0	1908
	<i>fliE</i>	330	59	32261	97.879	330	100%	7	0	1	330	19717	19388	1.50E-163	571
	<i>fliF</i>	1797	59	32261	96.267	1795	100%	64	1	1	1795	19365	17574	0	2940
	<i>fliG</i>	1017	59	32261	95.674	1017	100%	44	0	1	1017	17566	16550	0	1635
	<i>fliH</i>	807	59	32261	88.639	801	99%	88	2	7	807	16542	15745	0	972
	<i>fliI</i>	1356	59	32261	94.322	1356	100%	77	0	1	1356	15755	14400	0	2078
	<i>fliJ</i>	444	59	32261	94.369	444	100%	25	0	1	444	14386	13943	0	682
	<i>fliK</i>	1284	43	54773	91.382	1288	100%	106	3	1	1284	19625	20911	0	1759
	<i>fliL</i>	522	43	54773	96.552	522	100%	18	0	1	522	23878	24399	0	865
	<i>fliM</i>	972	43	54773	96.708	972	100%	32	0	1	972	24407	25378	0	1618
	<i>fliN</i>	474	43	54773	95.359	474	100%	22	0	1	474	25406	25879	0	754
	<i>fliO</i>	453	43	54773	90.132	456	101%	42	2	1	453	25881	26336	5.79E-169	590
	<i>fliP</i>	768	43	54773	95.579	769	100%	32	2	1	768	26333	27100	0	1230
	<i>fliQ</i>	270	43	54773	94.815	270	100%	14	0	1	270	27145	27414	1.29E-118	422
	<i>fliR</i>	777	43	54773	95.078	772	99%	38	0	1	772	27414	28185	0	1216
	<i>flhB</i>	1137	43	54773	95.075	1137	100%	56	0	1	1137	28193	29329	0	1790
	<i>flhA</i>	2124	43	54773	96.186	2124	100%	81	0	1	2124	32176	34299	0	3474
	<i>flhF</i>	1290	43	54773	94.109	1290	100%	76	0	1	1290	34383	35672	0	1962
	<i>fleN</i>	843	43	54773	96.441	843	100%	30	0	1	843	35808	36650	0	1391
	<i>fliA</i>	744	43	54773	97.177	744	100%	21	0	1	744	36647	37390	0	1258
	<i>cheY</i>	375	43	54773	97.867	375	100%	8	0	1	375	37493	37867	0	649
	<i>cheZ</i>	789	43	54773	94.297	789	100%	45	0	1	789	37887	38675	0	1208
<i>PA1458</i>	2262	43	54773	90.909	2277	101%	174	26	1	2262	38875	41133	0	3027	
<i>PA1459</i>	1107	43	54773	91.727	1112	100%	82	8	1	1107	41187	42293	0	1535	
<i>motC</i>	741	43	54773	94.737	741	100%	39	0	1	741	42383	43123	0	1153	
<i>motD</i>	891	43	54773	93.042	891	100%	62	0	1	891	43136	44026	0	1303	
<i>PA1464</i>	480	43	54773	96.667	480	100%	16	0	1	480	45937	46416	0	798	
<i>PA3348</i>	825	8	142151	95.394	825	100%	38	0	1	825	22306	23130	0	1314	
<i>PA3349</i>	933	8	142151	96.785	933	100%	30	0	1	933	21296	22228	0	1557	
<i>flgA</i>	699	8	142151	91.416	699	100%	60	0	1	699	21164	20466	0	959	
<i>flgM</i>	324	8	142151	94.753	324	100%	17	0	1	324	20321	19998	1.51E-143	505	
<i>motY</i>	966	83	19513	92.76	953	99%	69	0	14	966	1	953	0	1378	
<i>motB</i>	1044	5	177585	92.05	1044	100%	68	9	1	1044	148908	147880	0	1454	
<i>motA</i>	852	5	177585	93.075	852	100%	59	0	1	852	149779	148928	0	1247	
<i>algU</i>	582	18	100609	97.079	582	100%	17	0	1	582	83389	83970	0	981	
<i>mucA</i>	585	18	100609	94.872	585	100%	30	0	1	585	84002	84586	0	915	
<i>mucB</i>	951	18	100609	90.126	952	100%	92	2	1	951	84595	85545	0	1236	
<i>mucC</i>	456	18	100609	91.667	456	100%	38	0	1	456	85542	85997	0	632	
<i>mucD</i>	1425	18	100609	96	1425	100%	57	0	1	1425	86037	87461	0	2316	
<i>algD</i>	1311	19	98362	96.489	1310	100%	46	0	1	1310	75428	74119	0	2165	
<i>alg8</i>	1485	19	98362	98.114	1485	100%	28	0	1	1485	73979	72495	0	2588	
<i>alg44</i>	1170	19	98362	99.829	1170	100%	2	0	1	1170	72412	71243	0	2150	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS201139	<i>algK</i>	1428	19	98362	98.739	1428	100%	18	0	1	1428	71229	69802	0	2538
	<i>algE</i>	1473	19	98362	98.303	1473	100%	25	0	1	1473	69805	68333	0	2582
	<i>algG</i>	1632	19	98362	97.795	1587	97%	35	0	46	1632	68279	66693	0	2737
	<i>algX</i>	1425	19	98362	98.175	1425	100%	26	0	1	1425	66680	65256	0	2488
	<i>algL</i>	1104	19	98362	97.011	1104	100%	33	0	1	1104	65252	64149	0	1857
	<i>algI</i>	1563	19	98362	98.081	1563	100%	30	0	1	1563	63908	62346	0	2721
	<i>algJ</i>	1176	19	98362	95.493	1176	100%	53	0	1	1176	62331	61156	0	1879
	<i>algF</i>	651	19	98362	97.849	651	100%	14	0	1	651	61085	60435	0	1125
	<i>algA</i>	1446	19	98362	98.548	1446	100%	21	0	1	1446	60238	58793	0	2555
	<i>mucP</i>	1353	25	81652	97.487	1353	100%	34	0	1	1353	42911	41559	0	2311
	<i>mucE</i>	270	41	60972	84.133	271	100%	41	2	1	270	51486	51755	2.98E-70	261
	<i>algW</i>	1170	20	96345	94.606	1168	100%	63	0	1	1168	66586	67753	0	1808
	<i>algP</i>	1059	90	16761	88.235	731	69%	60	15	1	730	706	1	0	850
	<i>algQ</i>	483	90	16761	92.547	483	100%	36	0	1	483	2002	1520	0	693
	<i>algR</i>	747	90	16761	95.047	747	100%	37	0	1	747	7871	7125	0	1175
	<i>algZ</i>	1077	90	16761	95.45	1077	100%	49	0	1	1077	8952	7876	0	1718
	<i>algC</i>	2607	17	100910	94.553	2607	100%	142	0	1	2607	48421	45815	0	4028
	<i>algB</i>	1350	2	239378	93.926	1350	100%	82	0	1	1350	89287	90636	0	2039
	<i>algB</i>	1350	21	95231	81.395	129	10%	18	6	631	756	23351	23226	3.66E-21	100
	<i>algB</i>	1350	35	66794	73.684	285	21%	57	14	484	759	11284	11559	1.70E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	23	88807	78.767	146	11%	25	6	631	771	87020	86876	6.12E-19	93.5
	<i>algB</i>	1350	34	70405	77.358	159	12%	27	8	631	783	32413	32568	1.02E-16	86.1
	<i>algB</i>	1350	11	116113	80.508	118	9%	15	8	632	745	18767	18880	3.69E-16	84.2
<i>algB</i>	1350	59	32261	86.364	66	5%	9	0	718	783	23461	23396	7.98E-13	73.1	
<i>lasI</i>	606	43	54773	93.234	606	100%	41	0	1	606	8403	9008	0	893	
<i>lasR</i>	720	43	54773	92.222	720	100%	56	0	1	720	7320	8039	0	1020	
PS201267	<i>pilT</i>	1035	44	46051	99.903	1035	100%	1	0	1	1035	43398	42364	0	1906
	<i>pilU</i>	1149	44	46051	100	1149	100%	0	0	1	1149	42186	41038	0	2122
	<i>pilG</i>	408	44	46051	100	408	100%	0	0	1	408	30329	29922	0	754
	<i>pilH</i>	366	44	46051	100	366	100%	0	0	1	366	29875	29510	0	676
	<i>pilI</i>	537	44	46051	100	537	100%	0	0	1	537	29459	28923	0	992
	<i>pilJ</i>	2049	44	46051	99.61	2049	100%	8	0	1	2049	28838	26790	0	3740
	<i>pilK</i>	876	44	46051	100	876	100%	0	0	1	876	26729	25854	0	1618
	<i>chpA</i>	7419	44	46051	99.69	7419	100%	23	0	1	7419	25842	18424	0	13573
	<i>chpA</i>	7419	44	46051	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	21168	21065	7.31E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	44	46051	89.423	104	1%	11	0	4675	4778	21648	21545	7.31E-30	132
	<i>chpB</i>	1032	44	46051	99.128	1032	100%	9	0	1	1032	18431	17400	0	1857
	<i>chpC</i>	507	44	46051	98.817	507	100%	6	0	1	507	17403	16897	0	904
	<i>chpD</i>	795	44	46051	99.371	795	100%	5	0	1	795	16889	16095	0	1441
	<i>chpE</i>	612	44	46051	99.51	612	100%	3	0	1	612	16019	15408	0	1114
	<i>vfr</i>	645	8	142336	100	645	100%	0	0	1	645	15076	15720	0	1192
	<i>fimL</i>	1689	103	12876	99.941	1689	100%	1	0	1	1689	9033	10721	0	3114
	<i>pilZ</i>	357	11	126258	100	357	100%	0	0	1	357	104595	104239	0	660
	<i>fimV</i>	2760	5	155141	99.312	2760	100%	19	0	1	2760	59299	62058	0	4992
	<i>rpoS</i>	1005	10	132840	99.602	1005	100%	4	0	1	1005	67928	66924	0	1834
	<i>pilF</i>	759	54	38067	99.605	759	100%	3	0	1	759	1332	574	0	1386
	<i>rpoN</i>	1494	1	329136	99.732	1494	100%	4	0	1	1494	175360	173867	0	2737
	<i>pilB</i>	1701	1	329136	89.32	1648	97%	168	7	58	1701	96904	95261	0	2061
	<i>pilB</i>	1701	5	155141	76.577	333	20%	64	13	950	1275	74842	75167	3.51E-42	171
	<i>pilB</i>	1701	4	155222	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	88209	88340	4.58E-36	150
	<i>pilB</i>	1701	4	155222	92	50	3%	4	0	949	998	88020	88069	3.66E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	3	167515	73.77	366	22%	88	7	949	1310	17786	18147	3.56E-32	137
	<i>pilC</i>	1125	1	329136	80.124	1127	100%	202	20	4	1119	95158	94043	0	821
	<i>xcpA</i>	873	1	329136	99.427	873	100%	5	0	1	873	94039	93167	0	1585
	<i>pilS</i>	1593	1	329136	99.435	1593	100%	9	0	1	1593	73465	71873	0	2892
	<i>pilR</i>	1338	1	329136	99.925	1338	100%	1	0	1	1338	71858	70521	0	2466
	<i>fimT</i>	510	1	329136	99.412	510	100%	3	0	1	510	69246	68737	0	926
	<i>fimU</i>	507	1	329136	100	507	100%	0	0	1	507	68631	68125	0	937
	<i>pilV</i>	558	1	329136	99.642	558	100%	2	0	1	558	68134	67577	0	1020
	<i>pilW</i>	825	1	329136	99.636	825	100%	3	0	1	825	67580	66756	0	1507
	<i>pilX</i>	588	1	329136	99.83	588	100%	1	0	1	588	66759	66172	0	1081
	<i>pilY1</i>	3486	1	329136	95.694	2926	84%	117	4	561	3486	65585	62669	0	4697
	<i>pilY1</i>	3486	1	329136	85.455	385	11%	44	10	1	379	66160	65782	5.11E-108	390
<i>pilY2</i>	348	1	329136	100	348	100%	0	0	1	348	62667	62320	0	643	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS201267	<i>pilE</i>	426	1	329136	100	426	100%	0	0	1	426	62323	61898	0	787
	<i>finX</i>	2076	7	143556	99.904	2076	100%	2	0	1	2076	36102	34027	0	3823
	<i>pilQ</i>	2145	39	52699	97.114	2148	100%	56	4	1	2145	38541	36397	0	3618
	<i>pilP</i>	525	39	52699	100	525	100%	0	0	1	525	39119	38595	0	970
	<i>pilO</i>	624	39	52699	99.84	624	100%	1	0	1	624	39739	39116	0	1147
	<i>pilN</i>	597	39	52699	99.497	597	100%	3	0	1	597	40332	39736	0	1086
	<i>pilM</i>	1065	39	52699	99.812	1065	100%	2	0	1	1065	41396	40332	0	1956
	<i>crc</i>	780	20	98949	99.872	780	100%	1	0	1	780	61478	62257	0	1435
	<i>flgB</i>	408	15	103998	100	408	100%	0	0	1	408	21006	21413	0	754
	<i>flgC</i>	441	15	103998	100	441	100%	0	0	1	441	21419	21859	0	815
	<i>flgD</i>	714	15	103998	99.86	714	100%	1	0	1	714	21872	22585	0	1314
	<i>flgE</i>	1389	15	103998	99.64	1389	100%	5	0	1	1389	22613	24001	0	2538
	<i>flgF</i>	750	15	103998	99.067	750	100%	7	0	1	750	24219	24968	0	1347
	<i>flgG</i>	786	15	103998	99.746	786	100%	2	0	1	786	25015	25800	0	1441
	<i>flgH</i>	696	15	103998	99.856	696	100%	1	0	1	696	25846	26541	0	1280
	<i>flgI</i>	1110	15	103998	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	26553	27662	0	2028
	<i>flgJ</i>	1203	15	103998	99.667	1203	100%	4	0	1	1203	27673	28875	0	2200
	<i>flgK</i>	2052	15	103998	99.464	2052	100%	11	0	1	2052	28894	30945	0	3729
	<i>flgL</i>	1320	15	103998	99.47	1320	100%	7	0	1	1320	30971	32290	0	2399
	<i>fliC</i>	1467	15	103998	99.932	1467	100%	1	0	1	1467	39789	41255	0	2704
	<i>fliE</i>	372	15	103998	99.731	372	100%	1	0	1	372	41334	41705	0	682
	<i>fliD</i>	1425	15	103998	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	41791	43215	0	2627
	<i>fliS</i>	381	15	103998	99.738	381	100%	1	0	1	381	43337	43717	0	699
	<i>fliP</i>	297	15	103998	100	297	100%	0	0	1	297	43740	44036	6.33E-157	549
	<i>fleQ</i>	1473	15	103998	98.914	1473	100%	16	0	1	1473	44318	45790	0	2632
	<i>fleQ</i>	1473	24	91687	80.858	303	21%	48	9	498	795	33483	33186	4.94E-60	230
	<i>fleQ</i>	1473	24	91687	78.689	305	21%	51	14	498	795	38180	37883	2.33E-48	191
	<i>fleQ</i>	1473	30	73716	75.056	445	30%	87	20	504	936	72639	73071	1.08E-46	185
	<i>fleQ</i>	1473	18	100320	74.658	438	30%	97	13	489	920	30982	31411	1.40E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	43	47400	74.505	455	31%	93	15	482	926	7116	7557	6.53E-44	176
	<i>fleQ</i>	1473	29	76181	74.86	358	24%	78	11	507	858	22755	23106	1.10E-36	152
	<i>fleQ</i>	1473	29	76181	78.616	159	11%	28	6	625	780	52618	52463	4.04E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	4	155222	76.37	292	20%	55	13	507	791	36359	36643	1.84E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	83	22581	73.973	292	20%	65	10	508	792	22073	21786	2.42E-23	108
	<i>fleQ</i>	1473	69	29278	76.555	209	14%	42	7	592	795	1542	1748	2.42E-23	108
	<i>fleQ</i>	1473	62	34195	75	184	12%	41	4	586	765	1482	1300	5.27E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	15	103998	99.504	1209	100%	6	0	1	1209	45903	47111	0	2200
	<i>fleR</i>	1422	15	103998	99.508	1422	100%	7	0	1	1422	47116	48537	0	2588
	<i>fliE</i>	330	15	103998	99.394	330	100%	2	0	1	330	48783	49112	6.94E-172	599
	<i>fliF</i>	1797	15	103998	99.666	1797	100%	6	0	1	1797	49135	50931	0	3286
	<i>fliG</i>	1017	15	103998	99.508	1017	100%	5	0	1	1017	50937	51953	0	1851
	<i>fliH</i>	807	15	103998	98.761	807	100%	10	0	1	807	51955	52761	0	1435
	<i>fliI</i>	1356	15	103998	99.189	1356	100%	11	0	1	1356	52751	54106	0	2444
	<i>fliJ</i>	444	15	103998	99.775	444	100%	1	0	1	444	54120	54563	0	815
	<i>fliK</i>	1284	17	101949	96.963	1284	100%	39	0	1	1284	31505	30222	0	2156
	<i>fliL</i>	522	17	101949	99.617	522	100%	2	0	1	522	29978	29457	0	953
	<i>fliM</i>	972	17	101949	99.794	972	100%	2	0	1	972	29449	28478	0	1784
	<i>fliN</i>	474	17	101949	99.789	474	100%	1	0	1	474	28450	27977	0	870
	<i>fliO</i>	453	17	101949	100	453	100%	0	0	1	453	27975	27523	0	837
	<i>fliP</i>	768	17	101949	99.74	768	100%	2	0	1	768	27526	26759	0	1408
	<i>fliQ</i>	270	17	101949	99.63	270	100%	1	0	1	270	26714	26445	2.72E-140	494
<i>fliR</i>	777	17	101949	99.356	777	100%	5	0	1	777	26445	25669	0	1408	
<i>flhB</i>	1137	17	101949	99.736	1137	100%	3	0	1	1137	25666	24530	0	2084	
<i>flhA</i>	2124	17	101949	99.859	2124	100%	3	0	1	2124	21683	19560	0	3906	
<i>flhF</i>	1290	17	101949	99.612	1290	100%	5	0	1	1290	19476	18187	0	2355	
<i>fleN</i>	843	17	101949	99.881	843	100%	1	0	1	843	18048	17206	0	1552	
<i>fliA</i>	744	17	101949	99.731	744	100%	2	0	1	744	17209	16466	0	1363	
<i>cheY</i>	375	17	101949	99.733	375	100%	1	0	1	375	16364	15990	0	688	
<i>cheZ</i>	789	17	101949	99.873	789	100%	1	0	1	789	15970	15182	0	1452	
<i>PA1458</i>	2262	17	101949	99.691	2262	100%	7	0	1	2262	14981	12720	0	4139	
<i>PA1458</i>	2262	17	101949	77.143	245	11%	29	14	572	789	14272	14028	6.19E-26	117	
<i>PA1458</i>	2262	17	101949	77.143	245	11%	29	15	710	954	14410	14193	6.19E-26	117	
<i>PA1459</i>	1107	17	101949	99.819	1107	100%	2	0	1	1107	12666	11560	0	2034	
<i>motC</i>	741	17	101949	99.325	741	100%	5	0	1	741	11471	10731	0	1341	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
PS201267	<i>motD</i>	891	17	101949	98.99	891	100%	9	0	1	891	10718	9828	0	1596	
	<i>PA1464</i>	480	17	101949	99.792	480	100%	1	0	1	480	7917	7438	0	881	
	<i>PA3348</i>	825	16	103589	100	825	100%	0	0	1	825	72027	71203	0	1524	
	<i>PA3349</i>	933	16	103589	100	933	100%	0	0	1	933	73036	72104	0	1724	
	<i>flgA</i>	699	16	103589	99.857	699	100%	1	0	1	699	73168	73866	0	1286	
	<i>flgM</i>	324	16	103589	99.691	324	100%	1	0	1	324	74011	74334	3.17E-170	593	
	<i>flgN</i>	471	16	103589	99.575	471	100%	2	0	1	471	74389	74859	0	859	
	<i>motY</i>	966	71	29147	99.521	835	86%	4	0	132	966	29147	28313	0	1520	
	<i>motB</i>	1044	7	143556	99.425	1044	100%	6	0	1	1044	42595	43638	0	1895	
	<i>motA</i>	852	7	143556	99.061	852	100%	8	0	1	852	41724	42575	0	1530	
	<i>algU</i>	582	3	167515	99.828	582	100%	1	0	1	582	99452	100033	0	1070	
	<i>mucA</i>	585	3	167515	99.829	585	100%	1	0	1	585	100065	100649	0	1075	
	<i>mucB</i>	951	3	167515	100	951	100%	0	0	1	951	100658	101608	0	1757	
	<i>mucC</i>	456	3	167515	99.781	456	100%	1	0	1	456	101605	102060	0	837	
	<i>mucD</i>	1425	3	167515	99.439	1425	100%	8	0	1	1425	102100	103524	0	2588	
	<i>algD</i>	1311	46	44916	99.924	1311	100%	1	0	1	1311	17489	18799	0	2416	
	<i>alg8</i>	1485	46	44916	99.933	1485	100%	1	0	1	1485	18939	20423	0	2737	
	<i>alg44</i>	1170	46	44916	99.915	1170	100%	1	0	1	1170	20506	21675	0	2156	
	<i>algK</i>	1428	46	44916	99.93	1428	100%	1	0	1	1428	21689	23116	0	2632	
	<i>algE</i>	1473	46	44916	99.525	1473	100%	7	0	1	1473	23113	24585	0	2682	
	<i>algG</i>	1632	46	44916	99.877	1632	100%	2	0	1	1632	24606	26237	0	3003	
	<i>algX</i>	1425	46	44916	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	26250	27674	0	2627	
	<i>algL</i>	1104	46	44916	100	1104	100%	0	0	1	1104	27678	28781	0	2039	
	<i>algI</i>	1563	46	44916	99.872	1563	100%	2	0	1	1563	29023	30585	0	2876	
	<i>algJ</i>	1176	46	44916	99.66	1176	100%	4	0	1	1176	30600	31775	0	2150	
	<i>algF</i>	651	46	44916	100	651	100%	0	0	1	651	31848	32498	0	1203	
	<i>algA</i>	1446	46	44916	99.723	1446	100%	4	0	1	1446	32696	34141	0	2649	
	<i>mucP</i>	1353	10	132840	99.63	1353	100%	5	0	1	1353	97868	96516	0	2471	
	<i>mucE</i>	270	93	18942	99.63	270	100%	1	0	1	270	4565	4834	2.72E-140	494	
	<i>algW</i>	1170	1	329136	100	1170	100%	0	0	1	1170	188396	187227	0	2161	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	92.574	808	76%	33	9	1	805	137708	136925	0	1134	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	89.571	489	46%	15	3	571	1059	137288	136836	5.06E-168	588	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	82.412	398	38%	31	13	496	890	137288	136927	1.23E-84	311	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	83.63	281	27%	28	5	652	929	137282	137017	9.75E-66	248	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	82.508	303	29%	29	10	402	704	137244	136966	1.26E-64	244	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	81.633	196	19%	28	7	402	590	137121	136927	6.08E-38	156	
	<i>algP</i>	1059	4	155222	78.767	146	14%	16	2	796	941	137288	137158	2.91E-16	84.2	
	<i>algQ</i>	483	4	155222	100	483	100%	0	0	1	483	139007	138525	0	893	
	<i>algR</i>	747	4	155222	99.598	747	100%	3	0	1	747	144897	144151	0	1363	
	<i>algZ</i>	1077	4	155222	99.536	1077	100%	5	0	1	1077	145978	144902	0	1962	
	<i>algC</i>	2607	20	98949	99.463	2607	100%	14	0	1	2607	50523	53129	0	4737	
	<i>algB</i>	1350	29	76181	99.926	1350	100%	1	0	1	1350	53245	51896	0	2488	
	<i>algB</i>	1350	29	76181	76.667	120	9%	22	6	629	745	22874	22990	1.75E-09	62.1	
	<i>algB</i>	1350	43	47400	75.333	300	22%	50	20	642	929	7270	7557	7.89E-28	122	
	<i>algB</i>	1350	15	103998	78.395	162	12%	29	6	625	783	44939	45097	3.70E-21	100	
	<i>algB</i>	1350	24	91687	72.507	371	27%	78	21	631	989	38050	37692	1.33E-20	99	
	<i>algB</i>	1350	24	91687	83.824	68	5%	11	0	716	783	33268	33201	1.35E-10	65.8	
	<i>algB</i>	1350	69	29278	78.75	160	12%	21	11	631	782	1578	1732	1.72E-19	95.3	
	<i>algB</i>	1350	30	73716	79.365	126	9%	20	6	628	750	72760	72882	3.72E-16	84.2	
	<i>algB</i>	1350	4	155222	79.845	129	10%	15	10	624	745	36470	36594	3.72E-16	84.2	
	<i>algB</i>	1350	18	100320	72.727	286	21%	58	16	484	759	30972	31247	1.73E-14	78.7	
	<i>lasI</i>	606	17	101949	100	606	100%	0	0	1	606	42774	42169	0	1120	
	<i>lasR</i>	720	17	101949	100	720	100%	0	0	1	720	43857	43138	0	1330	
	PS21222	<i>pilT</i>	1035	58	24501	99.903	1035	100%	1	0	1	1035	19291	18257	0	1906
		<i>pilU</i>	1149	58	24501	99.913	1149	100%	1	0	1	1149	18079	16931	0	2117
		<i>pilG</i>	408	58	24501	100	408	100%	0	0	1	408	6222	5815	0	754
<i>pilH</i>		366	58	24501	99.727	366	100%	1	0	1	366	5768	5403	0	671	
<i>pilI</i>		537	58	24501	100	537	100%	0	0	1	537	5352	4816	0	992	
<i>pilJ</i>		2049	58	24501	99.756	2049	100%	5	0	1	2049	4731	2683	0	3757	
<i>pilK</i>		876	58	24501	100	876	100%	0	0	1	876	2622	1747	0	1618	
<i>chpA</i>		7419	611	2217	99.594	2217	30%	9	0	3181	5397	1	2217	0	4045	
<i>chpA</i>		7419	611	2217	90.099	101	1%	10	0	4675	4775	1015	1115	7.91E-30	132	
<i>chpA</i>		7419	611	2217	90.099	101	1%	10	0	4195	4295	1495	1595	7.91E-30	132	
<i>chpA</i>	7419	86	20310	99.636	1923	26%	7	0	5497	7419	20310	18388	0	3513		

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21222	chpA	7419	58	24501	99.769	1735	23%	4	0	1	1735	1735	1	0	3182
	chpA	7419	756	1099	99.818	1099	15%	2	0	1823	2921	1	1099	0	2019
	chpB	1032	86	20310	99.322	1032	100%	7	0	1	1032	18395	17364	0	1868
	chpC	507	86	20310	99.014	507	100%	5	0	1	507	17367	16861	0	909
	chpD	795	86	20310	98.994	795	100%	8	0	1	795	16853	16059	0	1424
	chpE	612	86	20310	99.02	612	100%	6	0	1	612	15982	15371	0	1098
	vfr	645	34	30523	99.845	645	100%	1	0	1	645	21905	21261	0	1186
	fimL	1689	531	2988	99.645	1689	100%	6	0	1	1689	231	1919	0	3086
	pilZ	357	32	31110	99.44	357	100%	2	0	1	357	10894	11250	0	649
	fimV	2760	2	87732	99.203	2760	100%	22	0	1	2760	41047	43806	0	4975
	rpoS	1005	148	14233	99.602	1005	100%	4	0	1	1005	7696	8700	0	1834
	pilF	759	216	10248	98.946	759	100%	8	0	1	759	8959	9717	0	1358
	rpoN	1494	40	29100	99.398	1494	100%	9	0	1	1494	16894	15401	0	2710
	pilB	1701	21	35423	89.684	1648	97%	162	7	58	1701	26205	24562	0	2095
	pilB	1701	265	7820	76.577	333	20%	64	13	950	1275	5425	5100	3.80E-42	171
	pilB	1701	38	29530	86.466	133	8%	17	1	1137	1269	24008	24139	2.30E-34	145
	pilB	1701	38	29530	92	50	3%	4	0	949	998	23819	23868	3.97E-12	71.3
	pilB	1701	714	1382	74.303	323	19%	79	3	949	1269	564	884	4.99E-31	134
	pilC	1125	21	35423	80.035	1127	100%	203	20	4	1119	24459	23344	0	815
	xcpA	873	21	35423	99.427	873	100%	5	0	1	873	23340	22468	0	1585
	pilS	1593	1	105853	99.749	1593	100%	4	0	1	1593	73482	75074	0	2920
	pilR	1338	1	105853	99.925	1338	100%	1	0	1	1338	75089	76426	0	2466
	fimT	510	1	105853	99.804	510	100%	1	0	1	510	77701	78210	0	937
	fimU	507	1	105853	100	507	100%	0	0	1	507	78316	78822	0	937
	pilV	558	1	105853	99.821	558	100%	1	0	1	558	78813	79370	0	1026
	pilW	825	1	105853	99.879	825	100%	1	0	1	825	79367	80191	0	1519
	pilX	588	1	105853	99.83	588	100%	1	0	1	588	80188	80775	0	1081
	pilY1	3486	1	105853	95.591	2926	84%	120	3	561	3486	81362	84278	0	4680
	pilY1	3486	1	105853	84.935	385	11%	46	10	1	379	80787	81165	1.20E-104	379
	pilY2	348	1	105853	100	348	100%	0	0	1	348	84280	84627	0	643
	pilE	426	1	105853	99.531	426	100%	2	0	1	426	84624	85049	0	776
	fimX	2076	232	9078	99.759	2076	100%	5	0	1	2076	4550	6625	0	3807
	pilQ	2145	5	52668	97.114	2148	100%	56	4	1	2145	14204	16348	0	3618
	pilP	525	5	52668	99.81	525	100%	1	0	1	525	13626	14150	0	965
	pilO	624	5	52668	99.679	624	100%	2	0	1	624	13006	13629	0	1142
	pilN	597	5	52668	99.665	597	100%	2	0	1	597	12413	13009	0	1092
	pilM	1065	5	52668	99.812	1065	100%	2	0	1	1065	11349	12413	0	1956
	crc	780	33	30581	99.744	780	100%	2	0	1	780	19949	19170	0	1430
	flgB	408	121	16750	100	408	100%	0	0	1	408	9543	9950	0	754
	flgC	441	121	16750	100	441	100%	0	0	1	441	9956	10396	0	815
	flgD	714	121	16750	100	714	100%	0	0	1	714	10409	11122	0	1319
	flgE	1389	121	16750	99.496	1389	100%	7	0	1	1389	11150	12538	0	2527
	flgF	750	121	16750	100	750	100%	0	0	1	750	12756	13505	0	1386
	flgG	786	121	16750	99.746	786	100%	2	0	1	786	13552	14337	0	1441
	flgH	696	121	16750	99.282	696	100%	5	0	1	696	14383	15078	0	1258
	flgI	1110	121	16750	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	15090	16199	0	2028
	flgJ	1203	331	6094	99.829	586	49%	1	0	618	1203	1	586	0	1077
	flgJ	1203	121	16750	99.815	541	45%	1	0	1	541	16210	16750	0	994
	flgK	2052	331	6094	99.659	2052	100%	7	0	1	2052	605	2656	0	3751
	flgL	1320	331	6094	99.848	1320	100%	2	0	1	1320	2682	4001	0	2427
	fliC	1467	312	6598	100	1467	100%	0	0	1	1467	4754	3288	0	2710
	fliE	372	312	6598	99.731	372	100%	1	0	1	372	3209	2838	0	682
	fliD	1425	312	6598	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	2752	1328	0	2627
	fliS	381	312	6598	99.738	381	100%	1	0	1	381	1207	827	0	699
	fliP	297	312	6598	100	297	100%	0	0	1	297	804	508	6.86E-157	549
	fleQ	1473	469	3781	99.25	1200	81%	9	0	274	1473	1	1200	0	2167
	fleQ	1473	312	6598	97.273	220	15%	6	0	1	220	226	7	2.33E-103	374
	fleQ	1473	375	5344	80.528	303	21%	49	9	498	795	5045	4748	2.49E-58	224
	fleQ	1473	376	5315	79.344	305	21%	49	13	498	795	1169	872	1.17E-51	202
	fleQ	1473	255	8316	74.834	453	31%	95	15	482	926	2297	2738	3.26E-47	187
	fleQ	1473	167	12911	74.658	438	30%	97	13	489	920	12166	12595	1.52E-45	182
	fleQ	1473	52	26164	74.831	445	30%	88	20	504	936	17250	17682	5.46E-45	180
	fleQ	1473	6	51437	75.14	358	24%	77	11	507	858	17586	17937	2.56E-38	158
	fleQ	1473	6	51437	78.616	159	11%	28	6	625	780	47556	47401	4.37E-21	100

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21222	<i>fleQ</i>	1473	15	40479	76.37	292	20%	55	13	507	791	14215	14499	1.99E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	190	11600	75.598	209	14%	44	7	592	795	10818	11024	5.66E-20	97.1
	<i>fleQ</i>	1473	71	22383	75	184	12%	41	4	586	765	18324	18142	5.70E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	469	3781	98.759	1209	100%	15	0	1	1209	1313	2521	0	2150
	<i>fleR</i>	1422	469	3781	99.602	1256	88%	5	0	1	1256	2526	3781	0	2292
	<i>fliE</i>	330	215	10318	99.091	330	100%	3	0	1	330	10179	9850	3.50E-170	593
	<i>fliF</i>	1797	215	10318	99.889	1797	100%	2	0	1	1797	9827	8031	0	3308
	<i>fliG</i>	1017	215	10318	100	1017	100%	0	0	1	1017	8025	7009	0	1879
	<i>fliH</i>	807	215	10318	99.809	523	65%	1	0	285	807	6853	6331	0	961
	<i>fliH</i>	807	215	10318	99.379	161	20%	1	0	1	161	7007	6847	3.64E-79	292
	<i>fliI</i>	1356	215	10318	99.189	1356	100%	11	0	1	1356	6341	4986	0	2444
	<i>fliJ</i>	444	215	10318	99.775	444	100%	1	0	1	444	4972	4529	0	815
	<i>fliK</i>	1284	194	11418	98.988	1284	100%	13	0	1	1284	7700	8983	0	2300
	<i>fliL</i>	522	194	11418	100	522	100%	0	0	1	522	9227	9748	0	965
	<i>fliM</i>	972	194	11418	100	972	100%	0	0	1	972	9756	10727	0	1796
	<i>fliN</i>	474	194	11418	100	474	100%	0	0	1	474	10755	11228	0	876
	<i>fliO</i>	453	159	13507	99.585	241	53%	1	0	213	453	1	241	6.75E-124	440
	<i>fliO</i>	453	194	11418	100	189	42%	0	0	1	189	11230	11418	1.17E-96	350
	<i>fliP</i>	768	159	13507	100	768	100%	0	0	1	768	238	1005	0	1419
	<i>fliQ</i>	270	159	13507	99.63	270	100%	1	0	1	270	1050	1319	2.95E-140	494
	<i>fliR</i>	777	159	13507	99.356	777	100%	5	0	1	777	1319	2095	0	1408
	<i>fliB</i>	1137	159	13507	99.824	1137	100%	2	0	1	1137	2098	3234	0	2089
	<i>fliA</i>	2124	159	13507	99.623	2124	100%	8	0	1	2124	6081	8204	0	3879
	<i>fliF</i>	1290	159	13507	99.612	1290	100%	5	0	1	1290	8288	9577	0	2355
	<i>fliN</i>	843	159	13507	99.763	843	100%	2	0	1	843	9716	10558	0	1546
	<i>fliA</i>	744	159	13507	99.731	744	100%	2	0	1	744	10555	11298	0	1363
	<i>cheY</i>	375	159	13507	99.733	375	100%	1	0	1	375	11400	11774	0	688
	<i>cheZ</i>	789	159	13507	99.493	789	100%	4	0	1	789	11794	12582	0	1435
	<i>PA1458</i>	2262	385	5189	99.86	1425	63%	2	0	838	2262	1	1425	0	2621
	<i>PA1458</i>	2262	385	5189	88.235	85	4%	7	3	705	789	36	117	2.43E-20	99
	<i>PA1458</i>	2262	159	13507	100	725	32%	0	0	1	725	12783	13507	0	1339
	<i>PA1459</i>	1107	385	5189	99.819	1107	100%	2	0	1	1107	1479	2585	0	2034
	<i>motC</i>	741	385	5189	100	741	100%	0	0	1	741	2674	3414	0	1369
	<i>motD</i>	891	385	5189	100	891	100%	0	0	1	891	3427	4317	0	1646
	<i>PA1464</i>	480	590	2428	100	480	100%	0	0	1	480	533	1012	0	887
	<i>PA3348</i>	825	11	44199	100	825	100%	0	0	1	825	14729	13905	0	1524
	<i>PA3349</i>	933	11	44199	100	933	100%	0	0	1	933	15738	14806	0	1724
	<i>flgA</i>	699	11	44199	99.857	699	100%	1	0	1	699	15870	16568	0	1286
	<i>flgM</i>	324	11	44199	99.691	324	100%	1	0	1	324	16713	17036	3.43E-170	593
	<i>flgN</i>	471	11	44199	100	471	100%	0	0	1	471	17091	17561	0	870
	<i>motY</i>	966	274	7617	99.517	829	86%	4	0	138	966	1	829	0	1509
	<i>motB</i>	1044	330	6122	99.425	1044	100%	6	0	1	1044	1986	3029	0	1895
	<i>motA</i>	852	330	6122	99.883	852	100%	1	0	1	852	1115	1966	0	1568
	<i>algU</i>	582	50	26385	99.828	582	100%	1	0	1	582	22388	21807	0	1070
	<i>mucA</i>	585	50	26385	99.829	585	100%	1	0	1	585	21775	21191	0	1075
	<i>mucB</i>	951	50	26385	100	951	100%	0	0	1	951	21182	20232	0	1757
	<i>mucC</i>	456	50	26385	99.781	456	100%	1	0	1	456	20235	19780	0	837
	<i>mucD</i>	1425	50	26385	99.439	1425	100%	8	0	1	1425	19740	18316	0	2588
	<i>algD</i>	1311	44	27281	100	1311	100%	0	0	1	1311	6215	7525	0	2422
	<i>alg8</i>	1485	44	27281	99.731	1485	100%	4	0	1	1485	7665	9149	0	2721
	<i>alg44</i>	1170	44	27281	99.658	1170	100%	4	0	1	1170	9232	10401	0	2139
	<i>algK</i>	1428	44	27281	99.86	1428	100%	2	0	1	1428	10415	11842	0	2627
	<i>algE</i>	1473	44	27281	100	1473	100%	0	0	1	1473	11839	13311	0	2721
	<i>algG</i>	1632	44	27281	99.939	1632	100%	1	0	1	1632	13332	14963	0	3009
	<i>algX</i>	1425	44	27281	99.719	1425	100%	4	0	1	1425	14976	16400	0	2610
	<i>algL</i>	1104	44	27281	99.819	1104	100%	2	0	1	1104	16404	17507	0	2028
	<i>algI</i>	1563	44	27281	99.744	1563	100%	4	0	1	1563	17737	19299	0	2865
	<i>algJ</i>	1176	44	27281	99.745	1176	100%	3	0	1	1176	19314	20489	0	2156
	<i>algF</i>	651	44	27281	99.232	651	100%	5	0	1	651	20562	21212	0	1175
	<i>algA</i>	1446	44	27281	99.793	1446	100%	3	0	1	1446	21409	22854	0	2654
<i>mucP</i>	1353	25	32699	99.63	1353	100%	5	0	1	1353	22156	20804	0	2471	
<i>mucE</i>	270	200	11122	100	270	100%	0	0	1	270	2305	2574	6.34E-142	499	
<i>algW</i>	1170	151	13848	100	457	39%	0	0	1	457	457	1	0	845	
<i>algW</i>	1170	40	29100	100	340	29%	0	0	831	1170	29100	28761	3.57E-180	628	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21222	<i>algP</i>	1059	474	3723	98.527	611	58%	9	0	1	611	611	1	0	1079
	<i>algP</i>	1059	474	3723	92.147	191	18%	15	0	496	686	191	1	2.25E-72	270
	<i>algP</i>	1059	474	3723	90.576	191	18%	18	0	571	761	191	1	2.27E-67	254
	<i>algP</i>	1059	474	3723	88.649	185	17%	21	0	652	836	185	1	4.94E-59	226
	<i>algP</i>	1059	474	3723	86.713	143	14%	16	2	796	938	191	52	6.58E-38	156
	<i>algP</i>	1059	56	25355	98.639	147	14%	2	0	913	1059	1	147	1.36E-69	261
	<i>algQ</i>	483	474	3723	99.379	483	100%	3	0	1	483	1910	1428	0	876
	<i>algR</i>	747	144	14494	99.732	747	100%	2	0	1	747	10598	11344	0	1369
	<i>algZ</i>	1077	144	14494	99.814	1077	100%	2	0	1	1077	9517	10593	0	1978
	<i>algC</i>	2607	33	30581	99.956	2285	88%	1	0	323	2607	30581	28297	0	4215
	<i>algC</i>	2607	169	12815	99.648	284	11%	1	0	1	284	12532	12815	5.05E-147	520
	<i>algB</i>	1350	6	51437	100	1350	100%	0	0	1	1350	48183	46834	0	2494
	<i>algB</i>	1350	6	51437	76.667	120	9%	22	6	629	745	17705	17821	1.89E-09	62.1
	<i>algB</i>	1350	255	8316	75.333	300	22%	50	20	642	929	2451	2738	8.55E-28	122
	<i>algB</i>	1350	469	3781	79.012	162	12%	28	6	625	783	349	507	8.61E-23	106
	<i>algB</i>	1350	376	5315	72.507	371	27%	78	21	631	989	1039	681	1.44E-20	99
	<i>algB</i>	1350	190	11600	78.75	160	12%	21	11	631	782	10854	11008	1.86E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	15	40479	79.845	129	10%	15	10	624	745	14326	14450	4.03E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	167	12911	72.727	286	21%	58	16	484	759	12156	12431	1.88E-14	78.7
	<i>algB</i>	1350	52	26164	78.571	126	9%	21	6	628	750	17371	17493	1.88E-14	78.7
<i>algB</i>	1350	375	5344	83.824	68	5%	11	0	716	783	4830	4763	1.46E-10	65.8	
<i>lasI</i>	606	340	5926	100	606	100%	0	0	1	606	3467	2862	0	1120	
<i>lasR</i>	720	340	5926	100	720	100%	0	0	1	720	4550	3831	0	1330	
PS21575	<i>pilT</i>	1035	38	51065	99.71	1035	100%	3	0	1	1035	43417	42383	0	1895
	<i>pilU</i>	1149	38	51065	100	1149	100%	0	0	1	1149	42205	41057	0	2122
	<i>pilG</i>	408	38	51065	100	408	100%	0	0	1	408	30348	29941	0	754
	<i>pilH</i>	366	38	51065	100	366	100%	0	0	1	366	29894	29529	0	676
	<i>pilI</i>	537	38	51065	99.814	537	100%	1	0	1	537	29478	28942	0	987
	<i>pilJ</i>	2049	38	51065	99.707	2049	100%	6	0	1	2049	28857	26809	0	3751
	<i>pilK</i>	876	38	51065	99.886	876	100%	1	0	1	876	26748	25873	0	1613
	<i>chpA</i>	7419	38	51065	99.623	7419	100%	28	0	1	7419	25861	18443	0	13546
	<i>chpA</i>	7419	38	51065	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	21187	21084	7.26E-30	132
	<i>chpB</i>	1032	38	51065	98.934	1032	100%	11	0	1	1032	18450	17419	0	1845
	<i>chpC</i>	507	38	51065	99.014	507	100%	5	0	1	507	17422	16916	0	909
	<i>chpD</i>	795	38	51065	99.623	795	100%	3	0	1	795	16908	16114	0	1452
	<i>chpE</i>	612	38	51065	98.529	612	100%	9	0	1	612	16037	15426	0	1081
	<i>vfr</i>	645	6	201020	99.845	645	100%	1	0	1	645	15071	15715	0	1186
	<i>fimL</i>	1689	15	120820	99.941	1689	100%	1	0	1	1689	87607	85919	0	3114
	<i>pilZ</i>	357	48	43110	98.88	357	100%	4	0	1	357	21857	22213	0	638
	<i>fimV</i>	2760	5	226309	98.152	2760	100%	36	1	1	2760	70140	72884	0	4800
	<i>rpoS</i>	1005	10	145207	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	49837	48833	0	1823
	<i>pilF</i>	759	17	108985	99.736	759	100%	2	0	1	759	75904	76662	0	1391
	<i>rpoN</i>	1494	1	350223	99.732	1494	100%	4	0	1	1494	195863	194370	0	2737
	<i>pilA</i>	450	1	350223	86.735	98	22%	13	0	1	98	117484	117581	1.97E-24	110
	<i>pilB</i>	1701	1	350223	89.32	1648	97%	168	7	58	1701	117196	115553	0	2061
	<i>pilB</i>	1701	9	148417	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	81956	82087	4.54E-36	150
	<i>pilB</i>	1701	9	148417	92	50	3%	4	0	949	998	81767	81816	3.64E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	30	62077	73.994	323	19%	80	3	949	1269	44361	44041	2.13E-29	128
	<i>pilC</i>	1125	1	350223	80.124	1127	100%	202	20	4	1119	115450	114335	0	821
	<i>xcpA</i>	873	1	350223	99.313	873	100%	6	0	1	873	114331	113459	0	1580
	<i>pilS</i>	1593	1	350223	99.435	1593	100%	9	0	1	1593	93702	92110	0	2892
	<i>pilR</i>	1338	1	350223	99.402	1338	100%	8	0	1	1338	92095	90758	0	2427
	<i>fimT</i>	510	1	350223	99.608	510	100%	2	0	1	510	89483	88974	0	931
	<i>fimU</i>	507	1	350223	99.803	507	100%	1	0	1	507	88868	88362	0	931
	<i>pilV</i>	558	1	350223	99.642	558	100%	2	0	1	558	88371	87814	0	1020
	<i>pilW</i>	825	1	350223	99.758	825	100%	2	0	1	825	87817	86993	0	1513
	<i>pilX</i>	588	1	350223	100	588	100%	0	0	1	588	86996	86409	0	1086
	<i>pilY1</i>	3486	1	350223	95.625	2926	84%	119	4	561	3486	85822	82906	0	4686
	<i>pilY1</i>	3486	1	350223	85.455	385	11%	44	10	1	379	86397	86019	5.08E-108	390
	<i>pilY2</i>	348	1	350223	99.425	348	100%	2	0	1	348	82904	82557	0	632
	<i>pilE</i>	426	1	350223	99.531	426	100%	2	0	1	426	82560	82135	0	776
	<i>fimX</i>	2076	3	307826	99.807	2076	100%	4	0	1	2076	128953	126878	0	3812
	<i>pilQ</i>	2145	3	307826	97.626	2148	100%	45	4	1	2145	14262	16406	0	3679
	<i>pilP</i>	525	3	307826	99.81	525	100%	1	0	1	525	13684	14208	0	965

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21575	<i>pilO</i>	624	3	307826	99.199	624	100%	5	0	1	624	13064	13687	0	1125
	<i>pilN</i>	597	3	307826	99.497	597	100%	3	0	1	597	12471	13067	0	1086
	<i>pilM</i>	1065	3	307826	100	1065	100%	0	0	1	1065	11407	12471	0	1967
	<i>crc</i>	780	20	99532	99.744	780	100%	2	0	1	780	62140	62919	0	1430
	<i>flgB</i>	408	2	312056	100	408	100%	0	0	1	408	195916	196323	0	754
	<i>flgC</i>	441	2	312056	100	441	100%	0	0	1	441	196329	196769	0	815
	<i>flgD</i>	714	2	312056	99.86	714	100%	1	0	1	714	196782	197495	0	1314
	<i>flgE</i>	1389	2	312056	99.28	1389	100%	10	0	1	1389	197523	198911	0	2510
	<i>flgF</i>	750	2	312056	99.2	750	100%	6	0	1	750	199129	199878	0	1352
	<i>flgG</i>	786	2	312056	99.491	786	100%	4	0	1	786	199925	200710	0	1430
	<i>flgH</i>	696	2	312056	99.282	696	100%	5	0	1	696	200756	201451	0	1258
	<i>flgI</i>	1110	2	312056	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	201463	202572	0	2028
	<i>flgJ</i>	1203	2	312056	99.418	1203	100%	7	0	1	1203	202583	203785	0	2183
	<i>flgK</i>	2052	2	312056	86.832	2058	100%	256	14	1	2052	203804	205852	0	2285
	<i>flgL</i>	1320	2	312056	74.06	1330	101%	297	40	1	1315	205891	207187	8.42E-142	501
	<i>fliC</i>	1467	2	312056	83.04	454	31%	73	4	1	452	223560	224011	5.85E-114	409
	<i>fliC</i>	1467	2	312056	85.169	236	16%	33	2	1233	1467	224510	224744	2.26E-63	241
	<i>fliP</i>	297	2	312056	100	32	11%	0	0	266	297	227849	227880	1.29E-09	60.2
	<i>fleQ</i>	1473	2	312056	99.185	1473	100%	12	0	1	1473	228162	229634	0	2654
	<i>fleQ</i>	1473	69	28626	80.528	303	21%	49	9	498	795	9982	10279	2.28E-58	224
	<i>fleQ</i>	1473	69	28626	78.689	305	21%	51	13	498	795	5300	5597	2.31E-48	191
	<i>fleQ</i>	1473	19	100365	74.658	438	30%	97	13	489	920	31024	31453	1.39E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	23	92050	74.887	442	30%	87	19	507	936	10394	9965	5.01E-45	180
	<i>fleQ</i>	1473	7	176826	75.14	358	24%	77	11	507	858	109887	110238	2.35E-38	158
	<i>fleQ</i>	1473	7	176826	78.616	159	11%	28	6	625	780	140071	139916	4.01E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	9	148417	76.37	292	20%	55	13	507	791	31606	31890	1.83E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	35	52216	74.315	292	20%	64	10	508	792	37416	37703	5.15E-25	113
	<i>fleQ</i>	1473	67	29297	75.598	209	14%	44	7	592	795	27756	27550	5.19E-20	97.1
	<i>fleQ</i>	1473	18	106908	74.611	193	13%	44	4	577	765	105418	105609	5.23E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	2	312056	99.173	1209	100%	10	0	1	1209	229747	230955	0	2178
	<i>fleR</i>	1422	2	312056	99.367	1422	100%	9	0	1	1422	230960	232381	0	2577
	<i>fliE</i>	330	2	312056	99.394	330	100%	2	0	1	330	232628	232957	6.89E-172	599
	<i>fliF</i>	1797	2	312056	99.221	1797	100%	14	0	1	1797	232980	234776	0	3241
	<i>fliG</i>	1017	2	312056	99.803	1017	100%	2	0	1	1017	234782	235798	0	1868
	<i>fliH</i>	807	2	312056	99.504	807	100%	4	0	1	807	235800	236606	0	1469
	<i>fliI</i>	1356	2	312056	99.189	1356	100%	11	0	1	1356	236596	237951	0	2444
	<i>fliJ</i>	444	2	312056	99.55	444	100%	2	0	1	444	237965	238408	0	809
	<i>fliK</i>	1284	44	46860	98.832	1284	100%	15	0	1	1284	39026	37743	0	2289
	<i>fliL</i>	522	44	46860	99.808	522	100%	1	0	1	522	37499	36978	0	959
	<i>fliM</i>	972	44	46860	99.794	972	100%	2	0	1	972	36970	35999	0	1784
	<i>fliN</i>	474	44	46860	99.789	474	100%	1	0	1	474	35971	35498	0	870
	<i>fliO</i>	453	44	46860	99.779	453	100%	1	0	1	453	35496	35044	0	832
	<i>fliP</i>	768	44	46860	99.74	768	100%	2	0	1	768	35047	34280	0	1408
	<i>fliQ</i>	270	44	46860	99.63	270	100%	1	0	1	270	34235	33966	2.71E-140	494
	<i>fliR</i>	777	44	46860	99.485	777	100%	4	0	1	777	33966	33190	0	1413
	<i>flhB</i>	1137	44	46860	99.824	1137	100%	2	0	1	1137	33187	32051	0	2089
	<i>flhA</i>	2124	44	46860	99.718	2124	100%	6	0	1	2124	29195	27072	0	3890
	<i>flhF</i>	1290	44	46860	99.612	1290	100%	5	0	1	1290	26988	25699	0	2355
	<i>flhN</i>	843	44	46860	99.881	843	100%	1	0	1	843	25560	24718	0	1552
	<i>fliA</i>	744	44	46860	100	744	100%	0	0	1	744	24721	23978	0	1375
	<i>cheY</i>	375	44	46860	100	375	100%	0	0	1	375	23876	23502	0	693
	<i>cheZ</i>	789	44	46860	99.747	789	100%	2	0	1	789	23482	22694	0	1447
	PA1458	2262	44	46860	99.779	2262	100%	5	0	1	2262	22493	20232	0	4150
	PA1458	2262	44	46860	77.143	245	11%	29	14	572	789	21784	21540	6.15E-26	117
	PA1458	2262	44	46860	77.143	245	11%	29	14	710	954	21922	21705	6.15E-26	117
	PA1459	1107	44	46860	99.91	1107	100%	1	0	1	1107	20178	19072	0	2039
<i>motC</i>	741	44	46860	100	741	100%	0	0	1	741	18983	18243	0	1369	
<i>motD</i>	891	44	46860	100	891	100%	0	0	1	891	18230	17340	0	1646	
PA1464	480	44	46860	99.792	480	100%	1	0	1	480	15429	14950	0	881	
PA3348	825	8	162982	99.879	825	100%	1	0	1	825	142153	141329	0	1519	
PA3349	933	8	162982	99.893	933	100%	1	0	1	933	143162	142230	0	1718	
<i>flgA</i>	699	8	162982	99.428	699	100%	4	0	1	699	143294	143992	0	1269	
<i>flgM</i>	324	8	162982	100	324	100%	0	0	1	324	144137	144460	6.76E-172	599	
<i>flgN</i>	471	8	162982	98.938	471	100%	5	0	1	471	144515	144985	0	843	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21575	<i>motY</i>	966	76	18939	99.482	966	100%	5	0	1	966	18887	17922	0	1757
	<i>motB</i>	1044	3	307826	99.425	1044	100%	6	0	1	1044	135444	136487	0	1895
	<i>motA</i>	852	3	307826	98.944	852	100%	9	0	1	852	134573	135424	0	1524
	<i>algU</i>	582	26	74389	99.828	582	100%	1	0	1	582	38737	38156	0	1070
	<i>mucA</i>	585	26	74389	99.829	585	100%	1	0	1	585	38124	37540	0	1075
	<i>mucB</i>	951	26	74389	100	951	100%	0	0	1	951	37531	36581	0	1757
	<i>mucC</i>	456	26	74389	99.561	456	100%	2	0	1	456	36584	36129	0	832
	<i>mucD</i>	1425	26	74389	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	36089	34665	0	2615
	<i>algD</i>	1311	31	61726	99.924	1311	100%	1	0	1	1311	15739	17049	0	2416
	<i>alg8</i>	1485	31	61726	99.865	1485	100%	2	0	1	1485	17190	18674	0	2732
	<i>alg44</i>	1170	31	61726	99.829	1170	100%	2	0	1	1170	18757	19926	0	2150
	<i>algK</i>	1428	31	61726	99.79	1428	100%	3	0	1	1428	19940	21367	0	2621
	<i>algE</i>	1473	31	61726	99.593	1473	100%	6	0	1	1473	21364	22836	0	2687
	<i>algG</i>	1632	31	61726	99.939	1632	100%	1	0	1	1632	22857	24488	0	3009
	<i>algX</i>	1425	31	61726	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	24501	25925	0	2615
	<i>algL</i>	1104	31	61726	99.819	1104	100%	2	0	1	1104	25929	27032	0	2028
	<i>algI</i>	1563	31	61726	99.808	1563	100%	3	0	1	1563	27274	28836	0	2870
	<i>algJ</i>	1176	31	61726	99.66	1176	100%	4	0	1	1176	28851	30026	0	2150
	<i>algF</i>	651	31	61726	100	651	100%	0	0	1	651	30099	30749	0	1203
	<i>algA</i>	1446	31	61726	99.793	1446	100%	3	0	1	1446	30947	32392	0	2654
	<i>mucP</i>	1353	10	145207	99.778	1353	100%	3	0	1	1353	79796	78444	0	2483
	<i>mucE</i>	270	12	137860	99.259	270	100%	2	0	1	270	10319	10588	1.26E-138	488
	<i>algW</i>	1170	1	350223	99.914	1168	100%	1	0	1	1168	208899	207732	0	2152
	<i>algP</i>	1059	9	148417	99.339	1059	100%	7	0	1	1059	131625	130567	0	1917
	<i>algP</i>	1059	9	148417	88.584	473	45%	51	1	421	890	131130	130658	5.06E-163	571
	<i>algP</i>	1059	9	148417	90.323	434	41%	42	0	496	929	131205	130772	1.82E-162	569
	<i>algP</i>	1059	9	148417	87.437	398	38%	47	1	421	815	131055	130658	5.31E-128	455
	<i>algP</i>	1059	9	148417	86.935	398	38%	49	1	571	968	131205	130811	1.15E-124	444
	<i>algP</i>	1059	9	148417	89.209	278	26%	30	0	427	704	130974	130697	9.27E-96	348
	<i>algP</i>	1059	9	148417	83.333	174	16%	24	4	421	590	130830	130658	6.03E-38	156
	<i>algP</i>	1059	9	148417	82.759	174	16%	25	4	796	968	131205	131036	2.81E-36	150
	<i>algQ</i>	483	9	148417	99.793	483	100%	1	0	1	483	132924	132442	0	887
	<i>algR</i>	747	9	148417	100	747	100%	0	0	1	747	138815	138069	0	1380
	<i>algZ</i>	1077	9	148417	100	1077	100%	0	0	1	1077	139896	138820	0	1989
	<i>algC</i>	2607	20	99532	99.386	2607	100%	1	1	1	2607	51202	53793	0	4711
	<i>algB</i>	1350	7	176826	99.852	1350	100%	2	0	1	1350	140698	139349	0	2483
	<i>algB</i>	1350	7	176826	76.667	120	9%	22	6	629	745	110006	110122	1.73E-09	62.1
	<i>algB</i>	1350	2	312056	79.012	162	12%	28	6	625	783	228783	228941	7.89E-23	106
<i>algB</i>	1350	69	28626	72.507	371	27%	78	21	631	989	5430	5788	1.32E-20	99	
<i>algB</i>	1350	69	28626	95.122	41	3%	2	0	710	750	10191	10231	1.34E-10	65.8	
<i>algB</i>	1350	67	29297	78.75	160	12%	21	11	631	782	27720	27566	1.71E-19	95.3	
<i>algB</i>	1350	9	148417	79.845	129	10%	15	10	624	745	31717	31841	3.70E-16	84.2	
<i>algB</i>	1350	23	92050	78.295	129	10%	22	6	631	756	10273	10148	1.72E-14	78.7	
<i>algB</i>	1350	19	100365	72.727	286	21%	58	16	484	759	31014	31289	1.72E-14	78.7	
<i>lasI</i>	606	4	287041	99.835	606	100%	1	0	1	606	283688	284293	0	1114	
<i>lasR</i>	720	4	287041	99.861	720	100%	1	0	1	720	282605	283324	0	1325	
PS21632	<i>pilT</i>	1035	35	46067	99.614	1035	100%	4	0	1	1035	43403	42369	0	1890
	<i>pilU</i>	1149	35	46067	100	1149	100%	0	0	1	1149	42191	41043	0	2122
	<i>pilG</i>	408	35	46067	100	408	100%	0	0	1	408	30334	29927	0	754
	<i>pilH</i>	366	35	46067	100	366	100%	0	0	1	366	29880	29515	0	676
	<i>pilI</i>	537	35	46067	100	537	100%	0	0	1	537	29464	28928	0	992
	<i>pilJ</i>	2049	35	46067	99.61	2049	100%	8	0	1	2049	28843	26795	0	3740
	<i>pilK</i>	876	35	46067	99.429	876	100%	5	0	1	876	26734	25859	0	1591
	<i>chpA</i>	7419	35	46067	99.461	7419	100%	34	1	1	7419	25847	18435	0	13474
	<i>chpA</i>	7419	35	46067	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	21179	21076	7.87E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	35	46067	89.423	104	1%	11	0	4675	4778	21659	21556	7.87E-30	132
	<i>chpB</i>	1032	35	46067	99.709	1032	100%	3	0	1	1032	18442	17411	0	1890
	<i>chpC</i>	507	35	46067	98.422	507	100%	8	0	1	507	17414	16908	0	893
	<i>chpD</i>	795	35	46067	99.245	795	100%	6	0	1	795	16900	16106	0	1435
	<i>chpE</i>	612	35	46067	99.183	612	100%	5	0	1	612	16030	15419	0	1103
	<i>vfr</i>	645	109	19382	99.69	645	100%	2	0	1	645	2349	2993	0	1181
	<i>fimL</i>	1689	175	12054	99.882	1689	100%	2	0	1	1689	3863	2175	0	3109
	<i>pilZ</i>	357	74	25652	99.72	357	100%	1	0	1	357	16583	16939	0	654
	<i>fimV</i>	2760	251	6757	99.502	1407	51%	7	0	1354	2760	6757	5351	0	2560

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21632	<i>fimV</i>	2760	27	51809	99.13	1264	46%	11	0	1	1264	1264	1	0	2274
	<i>rpoS</i>	1005	9	87887	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	22647	23651	0	1823
	<i>pilF</i>	759	12	77907	99.736	759	100%	2	0	1	759	29283	28525	0	1391
	<i>rpoN</i>	1494	4	115228	99.598	1494	100%	6	0	1	1494	11380	9887	0	2726
	<i>pilA</i>	450	59	30055	86.735	98	22%	13	0	1	98	21130	21227	2.14E-24	110
	<i>pilB</i>	1701	59	30055	89.26	1648	97%	169	7	58	1701	20842	19199	0	2056
	<i>pilB</i>	1701	25	58771	77.907	258	15%	46	7	1137	1389	34868	34617	4.93E-36	150
	<i>pilB</i>	1701	25	58771	97.561	41	2%	1	0	958	998	35048	35008	3.95E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	46	34135	74.303	323	19%	79	3	949	1269	16371	16051	4.96E-31	134
	<i>pilC</i>	1125	59	30055	80.124	1127	100%	202	20	4	1119	19096	17981	0	821
	<i>xcpA</i>	873	59	30055	99.542	873	100%	4	0	1	873	17977	17105	0	1591
	<i>pilS</i>	1593	13	75976	99.623	1593	100%	6	0	1	1593	2576	4168	0	2909
	<i>pilR</i>	1338	13	75976	100	1338	100%	0	0	1	1338	4183	5520	0	2471
	<i>fimT</i>	510	13	75976	99.608	510	100%	2	0	1	510	6795	7304	0	931
	<i>fimU</i>	507	13	75976	100	507	100%	0	0	1	507	7410	7916	0	937
	<i>pilV</i>	558	13	75976	99.821	558	100%	1	0	1	558	7907	8464	0	1026
	<i>pilW</i>	825	13	75976	99.636	825	100%	3	0	1	825	8461	9285	0	1507
	<i>pilX</i>	588	13	75976	100	588	100%	0	0	1	588	9282	9869	0	1086
	<i>pilY1</i>	3486	13	75976	95.66	2926	84%	118	3	561	3486	10456	13372	0	4691
	<i>pilY1</i>	3486	13	75976	85.455	385	11%	44	10	1	379	9881	10259	5.51E-108	390
	<i>pilY2</i>	348	13	75976	100	348	100%	0	0	1	348	13374	13721	0	643
	<i>pilE</i>	426	13	75976	100	426	100%	0	0	1	426	13718	14143	0	787
	<i>fimX</i>	2076	20	65304	99.759	2076	100%	5	0	1	2076	4521	2446	0	3807
	<i>pilQ</i>	2145	19	66447	97.626	2148	100%	45	4	1	2145	52243	50099	0	3679
	<i>pilP</i>	525	19	66447	99.429	525	100%	3	0	1	525	52821	52297	0	953
	<i>pilO</i>	624	19	66447	99.199	624	100%	5	0	1	624	53441	52818	0	1125
	<i>pilN</i>	597	19	66447	100	597	100%	0	0	1	597	54034	53438	0	1103
	<i>pilM</i>	1065	19	66447	100	1065	100%	0	0	1	1065	55098	54034	0	1967
	<i>crc</i>	780	5	107885	99.872	780	100%	1	0	1	780	70481	71260	0	1435
	<i>flgB</i>	408	3	118599	100	408	100%	0	0	1	408	109408	109815	0	754
	<i>flgC</i>	441	3	118599	100	441	100%	0	0	1	441	109821	110261	0	815
	<i>flgD</i>	714	3	118599	99.86	714	100%	1	0	1	714	110274	110987	0	1314
	<i>flgE</i>	1389	3	118599	100	1389	100%	0	0	1	1389	111015	112403	0	2566
	<i>flgF</i>	750	3	118599	100	750	100%	0	0	1	750	112621	113370	0	1386
	<i>flgG</i>	786	3	118599	99.746	786	100%	2	0	1	786	113417	114202	0	1441
	<i>flgH</i>	696	3	118599	99.425	696	100%	4	0	1	696	114248	114943	0	1264
	<i>flgI</i>	1110	3	118599	99.55	1110	100%	5	0	1	1110	114955	116064	0	2023
	<i>flgJ</i>	1203	3	118599	99.751	1203	100%	3	0	1	1203	116075	117277	0	2206
	<i>flgK</i>	2052	3	118599	89.755	1308	64%	126	8	1	1304	117296	118599	0	1666
	<i>flgK</i>	2052	128	16721	82.456	627	31%	101	9	1429	2052	17	637	3.03E-153	540
	<i>flgL</i>	1320	128	16721	74.06	1330	101%	297	40	1	1315	676	1972	9.14E-142	501
	<i>fliC</i>	1467	128	16721	82.819	454	31%	74	4	1	452	12934	13385	2.95E-112	403
	<i>fliC</i>	1467	128	16721	85.169	236	16%	33	2	1233	1467	13863	14097	2.45E-63	241
	<i>fliP</i>	297	153	14190	100	32	11%	0	0	266	297	390	421	1.40E-09	60.2
<i>fleQ</i>	1473	153	14190	99.185	1473	100%	12	0	1	1473	703	2175	0	2654	
<i>fleQ</i>	1473	318	3599	75.899	473	32%	92	18	498	959	2337	1876	8.90E-58	222	
<i>fleQ</i>	1473	299	4347	78.689	305	21%	51	13	498	795	979	1276	2.51E-48	191	
<i>fleQ</i>	1473	217	8858	74.614	453	31%	96	15	482	926	3082	2641	1.51E-45	182	
<i>fleQ</i>	1473	10	86735	74.617	457	31%	92	19	507	951	10517	10073	5.43E-45	180	
<i>fleQ</i>	1473	22	63617	74.429	438	30%	98	13	489	920	30976	31405	7.03E-44	176	
<i>fleQ</i>	1473	31	49127	74.581	358	24%	79	11	507	858	888	1239	5.51E-35	147	
<i>fleQ</i>	1473	31	49127	78.616	159	11%	28	6	625	780	30962	30807	4.35E-21	100	
<i>fleQ</i>	1473	26	52756	76.37	292	20%	55	13	507	791	30215	30499	1.98E-34	145	
<i>fleQ</i>	1473	268	5704	74.315	292	20%	64	10	508	792	520	807	5.59E-25	113	
<i>fleQ</i>	1473	69	28409	75.598	209	14%	44	7	592	795	26868	26662	5.63E-20	97.1	
<i>fleQ</i>	1473	270	5618	75	184	12%	41	4	586	765	1482	1300	5.67E-15	80.5	
<i>fleS</i>	1209	153	14190	99.256	1209	100%	9	0	1	1209	2288	3496	0	2183	
<i>fleR</i>	1422	153	14190	99.297	1422	100%	10	0	1	1422	3501	4922	0	2571	
<i>fliE</i>	330	153	14190	99.394	330	100%	2	0	1	330	5169	5498	7.48E-172	599	
<i>fliF</i>	1797	153	14190	99.777	1797	100%	4	0	1	1797	5521	7317	0	3297	
<i>fliG</i>	1017	153	14190	99.803	1017	100%	2	0	1	1017	7323	8339	0	1868	
<i>fliH</i>	807	153	14190	99.257	807	100%	6	0	1	807	8341	9147	0	1458	
<i>fliI</i>	1356	153	14190	99.336	1356	100%	9	0	1	1356	9137	10492	0	2455	
<i>fliJ</i>	444	153	14190	99.775	444	100%	1	0	1	444	10506	10949	0	815	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21632	<i>fliK</i>	1284	63	29453	99.221	1284	100%	10	0	1	1284	21581	20298	0	2316
	<i>fliL</i>	522	63	29453	99.808	522	100%	1	0	1	522	20054	19533	0	959
	<i>fliM</i>	972	63	29453	100	972	100%	0	0	1	972	19525	18554	0	1796
	<i>fliN</i>	474	63	29453	100	474	100%	0	0	1	474	18526	18053	0	876
	<i>fliO</i>	453	63	29453	99.558	453	100%	2	0	1	453	18051	17599	0	826
	<i>fliP</i>	768	63	29453	99.74	768	100%	2	0	1	768	17602	16835	0	1408
	<i>fliQ</i>	270	63	29453	99.63	270	100%	1	0	1	270	16790	16521	2.94E-140	494
	<i>fliR</i>	777	63	29453	99.356	777	100%	5	0	1	777	16521	15745	0	1408
	<i>flhB</i>	1137	63	29453	100	1137	100%	0	0	1	1137	15742	14606	0	2100
	<i>flhA</i>	2124	63	29453	99.67	2124	100%	7	0	1	2124	11762	9639	0	3884
	<i>flhF</i>	1290	63	29453	99.69	1290	100%	4	0	1	1290	9555	8266	0	2361
	<i>fleN</i>	843	63	29453	100	843	100%	0	0	1	843	8127	7285	0	1557
	<i>fliA</i>	744	63	29453	99.866	744	100%	1	0	1	744	7288	6545	0	1369
	<i>cheY</i>	375	63	29453	99.733	375	100%	1	0	1	375	6443	6069	0	688
	<i>cheZ</i>	789	63	29453	99.873	789	100%	1	0	1	789	6049	5261	0	1452
	<i>PA1458</i>	2262	63	29453	99.912	2262	100%	2	0	1	2262	5060	2799	0	4167
	<i>PA1458</i>	2262	63	29453	76.735	245	11%	30	14	572	789	4351	4107	3.10E-24	111
	<i>PA1458</i>	2262	63	29453	76.735	245	11%	30	14	710	954	4489	4272	3.10E-24	111
	<i>PA1459</i>	1107	63	29453	99.819	1107	100%	2	0	1	1107	2745	1639	0	2034
	<i>motC</i>	741	63	29453	100	741	100%	0	0	1	741	1550	810	0	1369
	<i>motD</i>	891	63	29453	100	797	89%	0	0	1	797	797	1	0	1472
	<i>PA1464</i>	480	242	7243	99.375	480	100%	3	0	1	480	1924	2403	0	870
	<i>PA3348</i>	825	14	70593	100	825	100%	0	0	1	825	9244	10068	0	1524
	<i>PA3349</i>	933	14	70593	100	933	100%	0	0	1	933	8235	9167	0	1724
	<i>flgA</i>	699	14	70593	99.571	699	100%	3	0	1	699	8103	7405	0	1275
	<i>flgM</i>	324	14	70593	96.914	324	100%	1	1	1	324	7260	6946	2.10E-152	534
	<i>flgN</i>	471	14	70593	99.575	471	100%	2	0	1	471	6891	6421	0	859
	<i>motY</i>	966	239	7444	100	824	85%	0	0	143	966	1	824	0	1522
	<i>motB</i>	1044	20	65304	99.425	1044	100%	6	0	1	1044	11012	12055	0	1895
	<i>motA</i>	852	20	65304	99.648	852	100%	3	0	1	852	10141	10992	0	1557
	<i>algU</i>	582	2	142014	100	582	100%	0	0	1	582	103241	103822	0	1075
	<i>mucA</i>	585	2	142014	99.145	585	100%	5	0	1	585	103854	104438	0	1053
	<i>mucB</i>	951	2	142014	99.895	951	100%	1	0	1	951	104447	105397	0	1751
	<i>mucC</i>	456	2	142014	99.561	456	100%	2	0	1	456	105394	105849	0	832
	<i>mucD</i>	1425	2	142014	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	105889	107313	0	2615
	<i>algD</i>	1311	34	46180	99.771	1311	100%	3	0	1	1311	30438	29128	0	2405
	<i>alg8</i>	1485	34	46180	99.933	1485	100%	1	0	1	1485	28988	27504	0	2737
	<i>alg44</i>	1170	34	46180	99.829	1170	100%	2	0	1	1170	27421	26252	0	2150
	<i>algK</i>	1428	34	46180	99.72	1428	100%	4	0	1	1428	26238	24811	0	2615
	<i>algE</i>	1473	34	46180	99.457	1473	100%	7	1	1	1473	24814	23343	0	2675
	<i>algG</i>	1632	34	46180	99.939	1632	100%	1	0	1	1632	23322	21691	0	3009
	<i>algX</i>	1425	34	46180	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	21678	20254	0	2615
	<i>algL</i>	1104	34	46180	99.909	1104	100%	1	0	1	1104	20250	19147	0	2034
	<i>algI</i>	1563	34	46180	99.68	1563	100%	5	0	1	1563	18905	17343	0	2859
	<i>algJ</i>	1176	34	46180	99.745	1176	100%	3	0	1	1176	17328	16153	0	2156
	<i>algF</i>	651	34	46180	99.846	651	100%	1	0	1	651	16080	15430	0	1197
	<i>algA</i>	1446	34	46180	99.793	1446	100%	3	0	1	1446	15233	13788	0	2654
	<i>mucP</i>	1353	75	25076	99.778	1353	100%	3	0	1	1353	7359	6007	0	2483
	<i>mucE</i>	270	94	20733	99.63	270	100%	1	0	1	270	13905	13636	2.94E-140	494
	<i>algW</i>	1170	4	115228	100	1168	100%	0	0	1	1168	24416	23249	0	2158
	<i>algP</i>	1059	50	32369	90.323	806	76%	54	14	1	785	17797	18599	0	1035
	<i>algP</i>	1059	50	32369	89.524	525	50%	28	8	538	1059	18220	18720	0	640
	<i>algP</i>	1059	50	32369	84.491	432	41%	47	13	455	880	18214	18631	4.55E-114	409
	<i>algP</i>	1059	50	32369	84.987	393	37%	42	10	418	805	18251	18631	2.76E-106	383
	<i>algP</i>	1059	50	32369	86.875	320	30%	33	6	613	926	18220	18536	2.80E-96	350
	<i>algP</i>	1059	50	32369	83.895	267	25%	35	5	396	659	18308	18569	1.05E-65	248
	<i>algP</i>	1059	10	86735	84.615	78	7%	12	0	568	645	86630	86707	1.46E-14	78.7
	<i>algP</i>	1059	10	86735	82.278	79	7%	14	0	737	815	86649	86727	8.77E-12	69.4
	<i>algQ</i>	483	50	32369	98.965	483	100%	5	0	1	483	16498	16980	0	865
	<i>algR</i>	747	50	32369	99.732	747	100%	2	0	1	747	10607	11353	0	1369
<i>algZ</i>	1077	50	32369	99.814	1077	100%	2	0	1	1077	9526	10602	0	1978	
<i>algZ</i>	1077	161	13559	100	37	3%	0	0	201	237	37	1	8.92E-12	69.4	
<i>algC</i>	2607	5	107885	99.501	2607	100%	4	1	1	2607	59537	62134	0	4734	
<i>algB</i>	1350	31	49127	99.704	1350	100%	4	0	1	1350	31589	30240	0	2471	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21632	<i>algB</i>	1350	31	49127	76.667	120	9%	22	6	629	745	1007	1123	1.88E-09	62.1
	<i>algB</i>	1350	217	8858	75	300	22%	51	20	642	929	2928	2641	3.96E-26	117
	<i>algB</i>	1350	153	14190	79.012	162	12%	28	6	625	783	1324	1482	8.56E-23	106
	<i>algB</i>	1350	299	4347	72.507	371	27%	78	21	631	989	1109	1467	1.43E-20	99
	<i>algB</i>	1350	69	28409	78.75	160	12%	21	11	631	782	26832	26678	1.85E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	26	52756	79.845	129	10%	15	10	624	745	30326	30450	4.01E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	10	86735	79.07	129	10%	21	6	631	756	10396	10271	4.01E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	22	63617	72.727	286	21%	58	16	484	759	30966	31241	1.87E-14	78.7
	<i>algB</i>	1350	318	3599	85.075	67	5%	10	0	716	782	2122	2056	1.12E-11	69.4
	<i>lasI</i>	606	16	70248	100	606	100%	0	0	1	606	66989	67594	0	1120
<i>lasR</i>	720	16	70248	100	720	100%	0	0	1	720	65906	66625	0	1330	
PS21634	<i>pilT</i>	1035	14	140668	99.614	1035	100%	4	0	1	1035	132905	131871	0	1890
	<i>pilU</i>	1149	14	140668	100	1149	100%	0	0	1	1149	131693	130545	0	2122
	<i>pilG</i>	408	14	140668	99.755	408	100%	1	0	1	408	119836	119429	0	749
	<i>pilH</i>	366	14	140668	100	366	100%	0	0	1	366	119382	119017	0	676
	<i>pilI</i>	537	14	140668	100	537	100%	0	0	1	537	118966	118430	0	992
	<i>pilJ</i>	2049	14	140668	99.805	2049	100%	4	0	1	2049	118345	116297	0	3762
	<i>pilK</i>	876	14	140668	99.772	876	100%	2	0	1	876	116236	115361	0	1607
	<i>chpA</i>	7419	14	140668	99.69	7419	100%	23	0	1	7419	115349	107931	0	13573
	<i>chpA</i>	7419	14	140668	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	110675	110572	7.36E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	14	140668	89.423	104	1%	11	0	4675	4778	111155	111052	7.36E-30	132
	<i>chpB</i>	1032	14	140668	99.516	1032	100%	5	0	1	1032	107938	106907	0	1879
	<i>chpC</i>	507	14	140668	98.817	507	100%	6	0	1	507	106910	106404	0	904
	<i>chpD</i>	795	14	140668	99.119	795	100%	7	0	1	795	106396	105602	0	1430
	<i>chpE</i>	612	14	140668	99.51	612	100%	3	0	1	612	105526	104915	0	1114
	<i>vfr</i>	645	13	143014	99.535	645	100%	3	0	1	645	14907	15551	0	1175
	<i>fimL</i>	1689	5	241426	99.941	1689	100%	1	0	1	1689	87786	86098	0	3114
	<i>pilZ</i>	357	10	168232	99.72	357	100%	1	0	1	357	141675	141319	0	654
	<i>fimV</i>	2760	6	227705	99.348	2760	100%	18	0	1	2760	159344	156585	0	4998
	<i>rpoS</i>	1005	2	432425	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	320657	321661	0	1823
	<i>pilF</i>	759	2	432425	99.605	759	100%	3	0	1	759	114263	115021	0	1386
	<i>rpoN</i>	1494	4	261002	99.331	1494	100%	10	0	1	1494	153740	155233	0	2704
	<i>pilB</i>	1701	4	261002	89.224	1689	99%	170	11	19	1701	230667	232349	0	2100
	<i>pilB</i>	1701	6	227705	76.577	333	20%	64	13	950	1275	143795	143470	3.54E-42	171
	<i>pilB</i>	1701	1	563840	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	462555	462686	4.61E-36	150
	<i>pilB</i>	1701	1	563840	92	50	3%	4	0	949	998	462366	462415	3.69E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	11	165990	74.303	323	19%	79	3	949	1269	148261	147941	4.64E-31	134
	<i>xcpA</i>	873	4	261002	99.084	873	100%	8	0	1	873	233571	234443	0	1568
	<i>pilS</i>	1593	21	100513	99.623	1593	100%	6	0	1	1593	6647	8239	0	2909
	<i>pilR</i>	1338	21	100513	100	1338	100%	0	0	1	1338	8254	9591	0	2471
	<i>fimT</i>	510	21	100513	99.608	510	100%	2	0	1	510	10866	11375	0	931
	<i>fimU</i>	507	21	100513	100	507	100%	0	0	1	507	11481	11987	0	937
	<i>pilV</i>	558	21	100513	99.104	558	100%	5	0	1	558	11978	12535	0	1003
	<i>pilW</i>	825	21	100513	98.909	825	100%	9	0	1	825	12532	13356	0	1474
	<i>pilX</i>	588	21	100513	100	588	100%	0	0	1	588	13353	13940	0	1086
	<i>pilY1</i>	3486	21	100513	95.865	2926	84%	112	3	561	3486	14527	17443	0	4724
	<i>pilY1</i>	3486	21	100513	85.455	385	11%	44	10	1	379	13952	14330	5.15E-108	390
	<i>pilY2</i>	348	21	100513	100	348	100%	0	0	1	348	17445	17792	0	643
	<i>pilE</i>	426	21	100513	100	426	100%	0	0	1	426	17789	18214	0	787
	<i>fimX</i>	2076	1	563840	99.952	2076	100%	1	0	1	2076	160359	162434	0	3829
	<i>pilQ</i>	2145	1	563840	97.16	2148	100%	55	4	1	2145	272728	270584	0	3624
	<i>pilP</i>	525	1	563840	100	525	100%	0	0	1	525	273306	272782	0	970
	<i>pilO</i>	624	1	563840	99.84	624	100%	1	0	1	624	273926	273303	0	1147
	<i>pilN</i>	597	1	563840	100	597	100%	0	0	1	597	274519	273923	0	1103
	<i>pilM</i>	1065	1	563840	99.812	1065	100%	2	0	1	1065	275583	274519	0	1956
	<i>crc</i>	780	20	106410	99.487	780	100%	4	0	1	780	37406	36627	0	1419
	<i>flgB</i>	408	3	425281	100	408	100%	0	0	1	408	307808	307401	0	754
	<i>flgC</i>	441	3	425281	100	441	100%	0	0	1	441	307395	306955	0	815
	<i>flgD</i>	714	3	425281	99.86	714	100%	1	0	1	714	306942	306229	0	1314
	<i>flgE</i>	1389	3	425281	99.712	1389	100%	4	0	1	1389	306201	304813	0	2543
	<i>flgF</i>	750	3	425281	99.867	750	100%	1	0	1	750	304595	303846	0	1380
<i>flgG</i>	786	3	425281	99.873	786	100%	1	0	1	786	303799	303014	0	1447	
<i>flgH</i>	696	3	425281	99.713	696	100%	2	0	1	696	302968	302273	0	1275	
<i>flgI</i>	1110	3	425281	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	302261	301152	0	2028	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21634	<i>flgJ</i>	1203	3	425281	99.667	1203	100%	4	0	1	1203	301141	299939	0	2200
	<i>flgK</i>	2052	3	425281	86.79	2059	100%	255	16	1	2052	299920	297872	0	2279
	<i>flgL</i>	1320	3	425281	74.361	1330	101%	293	40	1	1315	297833	296537	1.82E-148	523
	<i>fliC</i>	1467	3	425281	82.415	472	32%	79	4	1	470	285573	285104	5.93E-114	409
	<i>fliC</i>	1467	3	425281	85.169	236	16%	33	2	1233	1467	284623	284389	2.29E-63	241
	<i>fliP</i>	297	3	425281	100	32	11%	0	0	266	297	281284	281253	1.31E-09	60.2
	<i>fleQ</i>	1473	3	425281	99.117	1473	100%	13	0	1	1473	280971	279499	0	2649
	<i>fleQ</i>	1473	24	95602	81.188	303	21%	47	9	498	795	33482	33185	1.07E-61	235
	<i>fleQ</i>	1473	24	95602	79.016	305	21%	50	13	498	795	38179	37882	5.05E-50	196
	<i>fleQ</i>	1473	27	90878	74.834	453	31%	95	15	482	926	50722	51163	3.04E-47	187
	<i>fleQ</i>	1473	19	106999	75	416	28%	92	12	511	920	69279	68870	1.41E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	1	563840	74.831	445	30%	88	20	504	936	368730	369162	5.08E-45	180
	<i>fleQ</i>	1473	1	563840	76.37	292	20%	55	13	507	791	410808	411092	1.85E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	7	210724	74.86	358	24%	78	11	507	858	109114	108763	1.11E-36	152
	<i>fleQ</i>	1473	7	210724	78.395	162	11%	29	6	622	780	79030	79188	4.07E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	39	56612	74.315	292	20%	64	10	508	792	21938	21651	5.23E-25	113
	<i>fleQ</i>	1473	46	29359	76.555	209	14%	42	7	592	795	1592	1798	2.43E-23	108
	<i>fleS</i>	1209	3	425281	99.504	1209	100%	6	0	1	1209	279386	278178	0	2200
	<i>fleR</i>	1422	3	425281	99.719	1422	100%	4	0	1	1422	278173	276752	0	2604
	<i>fliE</i>	330	3	425281	99.394	330	100%	2	0	1	330	276505	276176	6.99E-172	599
	<i>fliF</i>	1797	3	425281	99.722	1797	100%	5	0	1	1797	276153	274357	0	3291
	<i>fliG</i>	1017	3	425281	99.41	1017	100%	6	0	1	1017	274351	273335	0	1845
	<i>fliH</i>	807	3	425281	98.761	807	100%	10	0	1	807	273333	272527	0	1435
	<i>fliI</i>	1356	3	425281	99.189	1356	100%	11	0	1	1356	272537	271182	0	2444
	<i>fliJ</i>	444	3	425281	99.775	444	100%	1	0	1	444	271168	270725	0	815
	<i>fliK</i>	1284	30	78440	99.611	1284	100%	5	0	1	1284	70622	69339	0	2344
	<i>fliL</i>	522	30	78440	99.808	522	100%	1	0	1	522	69095	68574	0	959
	<i>fliM</i>	972	30	78440	100	972	100%	0	0	1	972	68566	67595	0	1796
	<i>fliN</i>	474	30	78440	100	474	100%	0	0	1	474	67567	67094	0	876
	<i>fliO</i>	453	30	78440	100	453	100%	0	0	1	453	67092	66640	0	837
	<i>fliP</i>	768	30	78440	99.74	768	100%	2	0	1	768	66643	65876	0	1408
	<i>fliQ</i>	270	30	78440	99.63	270	100%	1	0	1	270	65831	65562	2.74E-140	494
	<i>fliR</i>	777	30	78440	99.743	777	100%	2	0	1	777	65562	64786	0	1424
	<i>flhB</i>	1137	30	78440	99.648	1137	100%	4	0	1	1137	64783	63647	0	2078
	<i>flhA</i>	2124	30	78440	99.812	2124	100%	4	0	1	2124	60800	58677	0	3901
	<i>flhF</i>	1290	30	78440	99.69	1290	100%	4	0	1	1290	58593	57304	0	2361
	<i>fleN</i>	843	30	78440	99.881	843	100%	1	0	1	843	57165	56323	0	1552
	<i>cheY</i>	744	30	78440	99.866	744	100%	1	0	1	744	56326	55583	0	1369
	<i>cheZ</i>	375	30	78440	100	375	100%	0	0	1	375	55481	55107	0	693
	<i>cheZ</i>	789	30	78440	100	789	100%	0	0	1	789	55087	54299	0	1458
	<i>PA1458</i>	2262	30	78440	99.956	2262	100%	1	0	1	2262	54098	51837	0	4172
	<i>PA1458</i>	2262	30	78440	77.143	245	11%	29	14	572	789	53389	53145	6.24E-26	117
	<i>PA1458</i>	2262	30	78440	77.143	245	11%	29	14	710	954	53527	53310	6.24E-26	117
	<i>PA1459</i>	1107	30	78440	99.729	1107	100%	3	0	1	1107	51783	50677	0	2028
	<i>motC</i>	741	30	78440	99.19	741	100%	6	0	1	741	50588	49848	0	1336
	<i>motD</i>	891	30	78440	99.439	891	100%	5	0	1	891	49835	48945	0	1618
	<i>PA1464</i>	480	30	78440	98.958	480	100%	5	0	1	480	47034	46555	0	859
	<i>PA3348</i>	825	26	92312	100	825	100%	0	0	1	825	72545	71721	0	1524
	<i>PA3349</i>	933	26	92312	100	933	100%	0	0	1	933	73554	72622	0	1724
	<i>flgA</i>	699	26	92312	99.571	699	100%	3	0	1	699	73686	74384	0	1275
	<i>flgM</i>	324	26	92312	99.691	324	100%	1	0	1	324	74529	74852	3.19E-170	593
<i>flgN</i>	471	26	92312	99.575	471	100%	2	0	1	471	74907	75377	0	859	
<i>motY</i>	966	54	19713	99.896	966	100%	1	0	1	966	47	1012	0	1779	
<i>motB</i>	1044	1	563840	99.33	1044	100%	7	0	1	1044	153868	152825	0	1890	
<i>motA</i>	852	1	563840	100	852	100%	0	0	1	852	154739	153888	0	1574	
<i>algU</i>	582	11	165990	100	582	100%	0	0	1	582	38762	38181	0	1075	
<i>mucA</i>	585	11	165990	99.658	585	100%	2	0	1	585	38149	37565	0	1070	
<i>mucB</i>	951	11	165990	100	951	100%	0	0	1	951	37556	36606	0	1757	
<i>mucC</i>	456	11	165990	99.561	456	100%	2	0	1	456	36609	36154	0	832	
<i>mucD</i>	1425	11	165990	99.509	1425	100%	7	0	1	1425	36114	34690	0	2593	
<i>algD</i>	1311	2	432425	100	1311	100%	0	0	1	1311	416700	415390	0	2422	
<i>alg8</i>	1485	2	432425	99.933	1485	100%	1	0	1	1485	415250	413766	0	2737	
<i>alg44</i>	1170	2	432425	99.744	1170	100%	3	0	1	1170	413683	412514	0	2145	
<i>algK</i>	1428	2	432425	99.65	1428	100%	5	0	1	1428	412500	411073	0	2610	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score	
PS21634	<i>algE</i>	1473	2	432425	99.796	1473	100%	3	0	1	1473	411076	409604	0	2704	
	<i>algG</i>	1632	2	432425	100	1632	100%	0	0	1	1632	409583	407952	0	3014	
	<i>algX</i>	1425	2	432425	99.86	1425	100%	2	0	1	1425	407939	406515	0	2621	
	<i>algL</i>	1104	2	432425	99.728	1104	100%	3	0	1	1104	406511	405408	0	2023	
	<i>algI</i>	1563	2	432425	99.744	1563	100%	4	0	1	1563	405178	403616	0	2865	
	<i>algJ</i>	1176	2	432425	99.66	1176	100%	4	0	1	1176	403601	402426	0	2150	
	<i>algF</i>	651	2	432425	99.846	651	100%	1	0	1	651	402353	401703	0	1197	
	<i>algA</i>	1446	2	432425	99.793	1446	100%	3	0	1	1446	401506	400061	0	2654	
	<i>mucP</i>	1353	2	432425	99.778	1353	100%	3	0	1	1353	290698	292050	0	2483	
	<i>mucE</i>	270	16	117993	99.63	270	100%	1	0	1	270	10289	10558	2.74E-140	494	
	<i>algW</i>	1170	4	261002	98.974	1170	100%	12	0	1	1170	140704	141873	0	2095	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	99.339	1059	100%	7	0	1	1059	512223	511165	0	1917	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	89.218	473	45%	48	2	496	968	511803	511334	5.09E-168	588	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	89.006	473	45%	49	1	421	890	511728	511256	2.37E-166	582	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	88.191	398	38%	44	1	421	815	511653	511256	5.35E-133	472	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	87.688	398	38%	46	1	571	968	511803	511409	1.16E-129	460	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	88.276	290	27%	31	1	652	941	511797	511511	1.22E-94	344	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	88.849	278	26%	31	0	427	704	511572	511295	4.38E-94	342	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	89.163	203	19%	19	1	439	638	511485	511283	2.73E-66	250	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	83.908	174	16%	23	4	421	590	511428	511256	1.32E-39	161	
	<i>algP</i>	1059	1	563840	82.759	174	16%	25	4	796	968	511803	511634	2.85E-36	150	
	<i>algQ</i>	483	1	563840	99.586	483	100%	2	0	1	483	513522	513040	0	881	
	<i>algR</i>	747	1	563840	99.598	747	100%	3	0	1	747	519413	518667	0	1363	
	<i>algZ</i>	1077	1	563840	99.443	1077	100%	6	0	1	1077	520494	519418	0	1956	
	<i>algC</i>	2607	20	106410	99.005	2613	100%	20	1	1	2607	48365	45753	0	4676	
	<i>algB</i>	1350	7	210724	99.778	1350	100%	3	0	1	1350	78406	79755	0	2477	
	<i>algB</i>	1350	7	210724	76.667	120	9%	22	6	629	745	108995	108879	1.76E-09	62.1	
	<i>algB</i>	1350	27	90878	75.667	300	22%	49	20	642	929	50876	51163	1.71E-29	128	
	<i>algB</i>	1350	3	425281	79.874	159	12%	26	6	628	783	280347	280192	1.72E-24	111	
	<i>algB</i>	1350	24	95602	72.507	371	27%	78	21	631	989	38049	37691	1.34E-20	99	
	<i>algB</i>	1350	24	95602	85.294	68	5%	10	0	716	783	33267	33200	2.92E-12	71.3	
	<i>algB</i>	1350	46	29359	78.75	160	12%	21	11	631	782	1628	1782	1.73E-19	95.3	
	<i>algB</i>	1350	1	563840	79.845	129	10%	15	10	624	745	410919	411043	3.75E-16	84.2	
	<i>algB</i>	1350	1	563840	78.571	126	9%	21	6	628	750	368851	368973	1.75E-14	78.7	
	<i>algB</i>	1350	19	106999	81.633	98	7%	14	4	664	759	69129	69034	1.75E-14	78.7	
	<i>lasI</i>	606	3	425281	99.835	606	100%	1	0	1	606	3322	2717	0	1114	
	<i>lasR</i>	720	3	425281	100	720	100%	0	0	1	720	4405	3686	0	1330	
	PS21804	<i>pilT</i>	1035	82	23157	100	1035	100%	0	0	1	1035	2655	3689	0	1912
		<i>pilU</i>	1149	82	23157	99.913	1149	100%	1	0	1	1149	3867	5015	0	2117
		<i>pilG</i>	408	82	23157	100	408	100%	0	0	1	408	15725	16132	0	754
		<i>pilH</i>	366	82	23157	100	366	100%	0	0	1	366	16179	16544	0	676
		<i>pilI</i>	537	82	23157	100	537	100%	0	0	1	537	16595	17131	0	992
		<i>pilJ</i>	2049	82	23157	99.707	2049	100%	6	0	1	2049	17216	19264	0	3751
		<i>pilK</i>	876	82	23157	99.658	876	100%	3	0	1	876	19325	20200	0	1602
<i>chpA</i>		7419	83	22836	99.704	4398	59%	13	0	3022	7419	1	4398	0	8050	
<i>chpA</i>		7419	83	22836	90.099	101	1%	10	0	4675	4775	1174	1274	7.21E-30	132	
<i>chpA</i>		7419	83	22836	90.099	101	1%	10	0	4195	4295	1654	1754	7.21E-30	132	
<i>chpA</i>		7419	82	23157	99.695	2946	40%	9	0	1	2946	20212	23157	0	5391	
<i>chpB</i>		1032	83	22836	99.612	1032	100%	4	0	1	1032	4391	5422	0	1884	
<i>chpC</i>		507	83	22836	99.014	507	100%	5	0	1	507	5419	5925	0	909	
<i>chpD</i>		795	83	22836	99.371	795	100%	5	0	1	795	5933	6727	0	1441	
<i>chpE</i>		612	83	22836	99.346	612	100%	4	0	1	612	6803	7414	0	1109	
<i>vfr</i>		645	9	136300	99.845	645	100%	1	0	1	645	121247	120603	0	1186	
<i>fimL</i>		1689	18	88768	99.704	1689	100%	5	0	1	1689	56949	55261	0	3092	
<i>pilZ</i>		357	42	45544	99.72	357	100%	1	0	1	357	23693	23337	0	654	
<i>fimV</i>		2760	4	188514	98.841	2760	100%	32	0	1	2760	74702	77461	0	4920	
<i>rpoS</i>		1005	2	323841	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	278645	279649	0	1823	
<i>pilF</i>		759	2	323841	99.605	759	100%	3	0	1	759	70206	70964	0	1386	
<i>rpoN</i>		1494	1	440898	99.732	1494	100%	4	0	1	1494	287271	285778	0	2737	
<i>pilA</i>		450	1	440898	96.774	62	14%	2	0	1	62	209675	209736	9.10E-23	104	
<i>pilB</i>		1701	1	440898	87.42	1709	100%	202	11	1	1701	209446	207743	0	1953	
<i>pilB</i>		1701	4	188514	76.577	333	20%	64	13	950	1275	90245	90570	3.46E-42	171	
<i>pilB</i>		1701	6	149045	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	82740	82871	4.51E-36	150	
<i>pilB</i>		1701	6	149045	92	50	3%	4	0	949	998	82551	82600	3.62E-12	71.3	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21804	<i>pilB</i>	1701	62	30955	73.77	366	22%	88	7	949	1310	17717	18078	3.51E-32	137
	<i>xcpA</i>	873	1	440898	99.654	867	99%	3	0	7	873	206513	205647	0	1585
	<i>pilS</i>	1593	1	440898	99.749	1593	100%	4	0	1	1593	93868	92276	0	2920
	<i>pilR</i>	1338	1	440898	99.701	1338	100%	4	0	1	1338	92261	90924	0	2449
	<i>fimX</i>	2076	8	140204	99.807	2076	100%	4	0	1	2076	66112	68187	0	3812
	<i>pilQ</i>	2145	36	52414	90.68	2146	100%	186	13	1	2145	14207	16339	0	2843
	<i>pilP</i>	525	36	52414	89.734	526	100%	52	2	1	525	13629	14153	0	671
	<i>pilO</i>	624	36	52414	92.788	624	100%	45	0	1	624	13009	13632	0	904
	<i>pilN</i>	597	36	52414	92.308	598	100%	44	2	1	597	12416	13012	0	848
	<i>pilM</i>	1065	36	52414	99.812	1065	100%	2	0	1	1065	11352	12416	0	1956
	<i>crc</i>	780	16	99515	99.872	780	100%	1	0	1	780	62123	62902	0	1435
	<i>flgB</i>	408	5	176017	100	408	100%	0	0	1	408	168921	169328	0	754
	<i>flgC</i>	441	5	176017	100	441	100%	0	0	1	441	169334	169774	0	815
	<i>flgD</i>	714	5	176017	100	714	100%	0	0	1	714	169787	170500	0	1319
	<i>flgE</i>	1389	5	176017	99.928	1389	100%	1	0	1	1389	170528	171916	0	2560
	<i>flgF</i>	750	5	176017	100	750	100%	0	0	1	750	172134	172883	0	1386
	<i>flgG</i>	786	5	176017	99.746	786	100%	2	0	1	786	172930	173715	0	1441
	<i>flgH</i>	696	5	176017	99.713	696	100%	2	0	1	696	173761	174456	0	1275
	<i>flgI</i>	1110	5	176017	99.73	1110	100%	3	0	1	1110	174468	175577	0	2034
	<i>flgJ</i>	1203	98	16266	99.713	698	58%	2	0	506	1203	1	698	0	1279
	<i>flgK</i>	1203	5	176017	100	430	36%	0	0	1	430	175588	176017	0	795
	<i>flgL</i>	2052	98	16266	99.464	2052	100%	11	0	1	2052	717	2768	0	3729
	<i>fliC</i>	1320	98	16266	99.318	1320	100%	9	0	1	1320	2794	4113	0	2388
	<i>fliC</i>	1467	98	16266	99.523	1467	100%	7	0	1	1467	11609	13075	0	2671
	<i>fliE</i>	372	98	16266	99.731	372	100%	1	0	1	372	13154	13525	0	682
	<i>fliD</i>	1425	98	16266	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	13611	15035	0	2627
	<i>fliS</i>	381	98	16266	99.738	381	100%	1	0	1	381	15157	15537	0	699
	<i>fliP</i>	297	98	16266	100	297	100%	0	0	1	297	15560	15856	6.25E-157	549
	<i>fleQ</i>	1473	47	41078	99.269	1232	84%	9	0	242	1473	1	1232	0	2226
	<i>fleQ</i>	1473	98	16266	100	129	9%	0	0	1	129	16138	16266	8.10E-63	239
	<i>fleQ</i>	1473	38	50267	80.528	303	21%	49	9	498	795	8398	8101	2.27E-58	224
	<i>fleQ</i>	1473	38	50267	79.672	305	21%	48	14	498	795	13095	12798	2.28E-53	207
	<i>fleQ</i>	1473	21	73632	74.836	457	31%	91	19	507	951	9618	9174	1.07E-46	185
	<i>fleQ</i>	1473	108	12172	74.614	453	31%	96	15	482	926	5818	6259	1.38E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	14	100366	74.94	419	28%	93	12	508	920	31005	31417	1.38E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	3	190995	75.14	358	24%	77	11	507	858	109918	109567	2.33E-38	158
	<i>fleQ</i>	1473	3	190995	78.395	162	11%	29	6	622	780	79834	79992	3.99E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	6	149045	76.37	292	20%	55	13	507	791	32390	32674	1.82E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	70	27804	74.403	293	20%	62	12	508	792	21939	21652	5.12E-25	113
	<i>fleS</i>	1209	47	41078	98.925	1209	100%	13	0	1	1209	1345	2553	0	2161
	<i>fleS</i>	1209	6	149045	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	31674	31722	1.54E-09	62.1
	<i>fleR</i>	1422	47	41078	99.578	1422	100%	6	0	1	1422	2558	3979	0	2593
	<i>fliE</i>	330	47	41078	99.091	330	100%	3	0	1	330	4226	4555	3.19E-170	593
	<i>fliF</i>	1797	47	41078	99.61	1797	100%	7	0	1	1797	4578	6374	0	3280
	<i>fliG</i>	1017	47	41078	99.41	1017	100%	6	0	1	1017	6380	7396	0	1845
	<i>fliH</i>	807	47	41078	99.876	807	100%	1	0	1	807	7398	8204	0	1485
	<i>fliI</i>	1356	47	41078	99.558	1356	100%	6	0	1	1356	8194	9549	0	2471
	<i>fliJ</i>	444	47	41078	99.775	444	100%	1	0	1	444	9563	10006	0	815
	<i>fliK</i>	1284	32	58209	99.533	1284	100%	6	0	1	1284	19299	20582	0	2338
<i>fliL</i>	522	32	58209	100	522	100%	0	0	1	522	20826	21347	0	965	
<i>fliM</i>	972	32	58209	99.897	972	100%	1	0	1	972	21355	22326	0	1790	
<i>fliN</i>	474	32	58209	99.578	474	100%	2	0	1	474	22354	22827	0	865	
<i>fliO</i>	453	32	58209	100	453	100%	0	0	1	453	22829	23281	0	837	
<i>fliP</i>	768	32	58209	100	768	100%	0	0	1	768	23278	24045	0	1419	
<i>fliQ</i>	270	32	58209	100	270	100%	0	0	1	270	24093	24362	5.78E-142	499	
<i>fliR</i>	777	32	58209	100	777	100%	0	0	1	777	24362	25138	0	1435	
<i>flhB</i>	1137	32	58209	99.824	1137	100%	2	0	1	1137	25141	26277	0	2089	
<i>flhA</i>	2124	32	58209	99.623	2124	100%	8	0	1	2124	29124	31247	0	3879	
<i>flhF</i>	1290	32	58209	99.612	1290	100%	5	0	1	1290	31331	32620	0	2355	
<i>fleN</i>	843	32	58209	100	843	100%	0	0	1	843	32759	33601	0	1557	
<i>fliA</i>	744	32	58209	99.731	744	100%	2	0	1	744	33598	34341	0	1363	
<i>cheY</i>	375	32	58209	100	375	100%	0	0	1	375	34443	34817	0	693	
<i>cheZ</i>	789	32	58209	99.747	789	100%	2	0	1	789	34837	35625	0	1447	
<i>PA1458</i>	2262	32	58209	99.735	2262	100%	6	0	1	2262	35826	38087	0	4145	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21804	PA1458	2262	32	58209	76.21	248	11%	32	14	707	954	36394	36614	1.32E-22	106
	PA1458	2262	32	58209	76.21	248	11%	32	14	569	789	36532	36779	1.32E-22	106
	PA1459	1107	32	58209	99.819	1107	100%	2	0	1	1107	38141	39247	0	2034
	motC	741	32	58209	100	741	100%	0	0	1	741	39336	40076	0	1369
	motD	891	32	58209	99.888	891	100%	1	0	1	891	40089	40979	0	1640
	PA1464	480	32	58209	100	480	100%	0	0	1	480	42890	43369	0	887
	PA3348	825	12	102719	99.758	825	100%	2	0	1	825	42596	41772	0	1513
	PA3349	933	12	102719	100	933	100%	0	0	1	933	43605	42673	0	1724
	flgA	699	12	102719	99.714	699	100%	2	0	1	699	43737	44435	0	1280
	flgM	324	12	102719	99.691	324	100%	1	0	1	324	44580	44903	3.12E-170	593
	flgN	471	12	102719	99.575	471	100%	2	0	1	471	44958	45428	0	859
	motY	966	89	19717	100	966	100%	0	0	1	966	36	1001	0	1784
	motB	1044	8	140204	99.425	1044	100%	6	0	1	1044	59619	58576	0	1895
	motA	852	8	140204	100	852	100%	0	0	1	852	60490	59639	0	1574
	algU	582	22	71675	99.313	582	100%	4	0	1	582	33365	33946	0	1053
	mucA	585	22	71675	99.658	585	100%	2	0	1	585	33978	34562	0	1070
	mucB	951	22	71675	99.895	951	100%	1	0	1	951	34571	35521	0	1751
	mucC	456	22	71675	99.781	456	100%	1	0	1	456	35518	35973	0	837
	mucD	1425	22	71675	99.649	1425	100%	5	0	1	1425	36013	37437	0	2604
	algD	1311	65	29834	100	1311	100%	0	0	1	1311	15739	17049	0	2422
	alg8	1485	65	29834	99.933	1485	100%	1	0	1	1485	17189	18673	0	2737
	alg44	1170	65	29834	99.829	1170	100%	2	0	1	1170	18756	19925	0	2150
	algK	1428	65	29834	99.93	1428	100%	1	0	1	1428	19939	21366	0	2632
	algE	1473	65	29834	99.932	1473	100%	1	0	1	1473	21363	22835	0	2715
	algG	1632	65	29834	99.939	1632	100%	1	0	1	1632	22856	24487	0	3009
	algX	1425	65	29834	99.86	1425	100%	2	0	1	1425	24500	25924	0	2621
	algL	1104	65	29834	99.819	1104	100%	2	0	1	1104	25928	27031	0	2028
	algI	1563	65	29834	99.744	1563	100%	4	0	1	1563	27261	28823	0	2865
	algJ	1176	65	29834	99.599	997	85%	4	0	1	997	28838	29834	0	1820
	algJ	1176	54	33552	98.864	88	7%	1	0	1089	1176	1	88	1.85E-38	158
	algF	651	54	33552	99.846	651	100%	1	0	1	651	161	811	0	1197
	algA	1446	54	33552	99.723	1446	100%	4	0	1	1446	1008	2453	0	2649
	mucP	1353	2	323841	99.704	1353	100%	4	0	1	1353	248686	250038	0	2477
	mucE	270	7	147675	99.63	270	100%	1	0	1	270	102243	101974	2.69E-140	494
	algW	1170	1	440898	99.658	1170	100%	4	0	1	1170	300307	299138	0	2139
	algP	1059	6	149045	96.333	818	77%	27	1	1	815	132262	131445	0	1341
	algP	1059	6	149045	95.91	489	46%	20	0	571	1059	131842	131354	0	793
	algP	1059	6	149045	89.972	359	34%	36	0	496	854	131842	131484	8.77E-131	464
	algP	1059	6	149045	89.789	284	27%	29	0	421	704	131767	131484	9.15E-101	364
	algP	1059	6	149045	88.849	278	26%	31	0	652	929	131836	131559	4.29E-94	342
	algP	1059	6	149045	82.759	174	16%	25	4	421	590	131617	131445	2.79E-36	150
	algP	1059	6	149045	82.759	174	16%	25	4	796	968	131842	131673	2.79E-36	150
	algQ	483	6	149045	100	483	100%	0	0	1	483	133561	133079	0	893
	algR	747	6	149045	99.732	747	100%	2	0	1	747	139452	138706	0	1369
algZ	1077	6	149045	100	1077	100%	0	0	1	1077	140533	139457	0	1989	
algC	2607	16	99515	99.885	2607	100%	3	0	1	2607	51170	53776	0	4798	
algB	1350	3	190995	99.926	1350	100%	1	0	1	1350	79210	80559	0	2488	
algB	1350	3	190995	71.067	356	26%	87	14	629	976	109799	109452	7.95E-13	73.1	
algB	1350	108	12172	75	300	22%	51	20	642	929	5972	6259	3.62E-26	117	
algB	1350	47	41078	79.012	162	12%	28	6	625	783	381	539	7.84E-23	106	
algB	1350	21	73632	79.07	129	10%	21	6	631	756	9497	9372	3.67E-16	84.2	
algB	1350	6	149045	79.845	129	10%	15	10	624	745	32501	32625	3.67E-16	84.2	
algB	1350	14	100366	81.633	98	7%	14	4	664	759	31158	31253	1.71E-14	78.7	
algB	1350	38	50267	83.824	68	5%	11	0	716	783	8183	8116	1.33E-10	65.8	
lasI	606	32	58209	100	606	100%	0	0	1	606	8057	8662	0	1120	
lasR	720	32	58209	100	720	100%	0	0	1	720	6974	7693	0	1330	
PS21817	pilT	1035	114	14653	99.807	1035	100%	2	0	1	1035	7629	8663	0	1901
	pilU	1149	114	14653	99.913	1149	100%	1	0	1	1149	8841	9989	0	2117
	pilG	408	97	18279	100	408	100%	0	0	1	408	12315	11908	0	754
	pilH	366	97	18279	100	366	100%	0	0	1	366	11861	11496	0	676
	pilI	537	97	18279	100	537	100%	0	0	1	537	11445	10909	0	992
	pilJ	2049	97	18279	99.805	2049	100%	4	0	1	2049	10824	8776	0	3762
	pilK	876	97	18279	99.543	876	100%	4	0	1	876	8715	7840	0	1596
chpA	7419	71	23246	99.299	4849	65%	16	1	2571	7419	1	4831	0	8750	

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21817	chpA	7419	71	23246	90.099	101	1%	10	0	4675	4775	1625	1725	7.08E-30	132
	chpA	7419	71	23246	90.099	101	1%	10	0	4195	4295	2105	2205	7.08E-30	132
	chpA	7419	97	18279	99.841	2521	34%	4	0	1	2521	7828	5308	0	4634
	chpB	1032	71	23246	99.709	1032	100%	3	0	1	1032	4824	5855	0	1890
	chpC	507	71	23246	98.817	507	100%	6	0	1	507	5852	6358	0	904
	chpD	795	71	23246	99.371	795	100%	5	0	1	795	6366	7160	0	1441
	chpE	612	71	23246	99.51	612	100%	3	0	1	612	7236	7847	0	1114
	vfr	645	8	101079	99.845	645	100%	1	0	1	645	86033	85389	0	1186
	fimL	1689	41	36234	100	1689	100%	0	0	1	1689	3869	2181	0	3120
	pilZ	357	85	19794	100	357	100%	0	0	1	357	18363	18007	0	660
	fimV	2760	21	62128	99.639	2767	100%	3	1	1	2760	7040	4274	0	5048
	rpoS	1005	2	168557	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	51394	50390	0	1823
	pilF	759	11	92613	99.736	759	100%	2	0	1	759	65965	65207	0	1391
	rpoN	1494	5	134228	99.665	1494	100%	5	0	1	1494	64868	66361	0	2732
	pilB	1701	104	16047	87.288	1707	100%	208	7	1	1701	7359	5656	0	1941
	pilB	1701	180	7523	76.577	333	20%	64	13	950	1275	2384	2709	3.40E-42	171
	pilB	1701	3	163137	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	110229	110360	4.44E-36	150
	pilB	1701	3	163137	92	50	3%	4	0	949	998	110040	110089	3.55E-12	71.3
	pilB	1701	152	9978	74.044	366	22%	87	7	949	1310	861	500	7.42E-34	143
	xcpA	873	104	16047	100	861	99%	0	0	13	873	4420	3560	0	1591
	pilS	1593	12	89606	99.749	1593	100%	4	0	1	1593	73388	71796	0	2920
	pilR	1338	12	89606	99.701	1338	100%	4	0	1	1338	71781	70444	0	2449
	fimX	2076	4	153472	99.807	2076	100%	4	0	1	2076	77777	75702	0	3812
	pilQ	2145	28	48745	90.727	2146	100%	185	13	1	2145	14228	16360	0	2848
	pilP	525	28	48745	89.734	526	100%	52	2	1	525	13650	14174	0	671
	pilO	624	28	48745	92.788	624	100%	45	0	1	624	13030	13653	0	904
	pilN	597	28	48745	92.475	598	100%	43	2	1	597	12437	13033	0	854
	pilM	1065	28	48745	99.531	1065	100%	5	0	1	1065	11373	12437	0	1940
	crc	780	9	99558	99.872	780	100%	1	0	1	780	62166	62945	0	1435
	flgB	408	19	67039	100	408	100%	0	0	1	408	51836	52243	0	754
	flgC	441	19	67039	100	441	100%	0	0	1	441	52249	52689	0	815
	flgD	714	19	67039	100	714	100%	0	0	1	714	52702	53415	0	1319
	flgE	1389	19	67039	99.928	1389	100%	1	0	1	1389	53443	54831	0	2560
	flgF	750	19	67039	100	750	100%	0	0	1	750	55049	55798	0	1386
	flgG	786	19	67039	99.746	786	100%	2	0	1	786	55845	56630	0	1441
	flgH	696	19	67039	99.569	696	100%	3	0	1	696	56676	57371	0	1269
	flgI	1110	19	67039	99.64	1110	100%	4	0	1	1110	57383	58492	0	2028
	flgJ	1203	19	67039	99.667	1203	100%	4	0	1	1203	58503	59705	0	2200
	flgK	2052	19	67039	99.464	2052	100%	11	0	1	2052	59724	61775	0	3729
	flgL	1320	19	67039	99.697	1320	100%	4	0	1	1320	61801	63120	0	2416
	fliC	1467	132	11945	99.932	1467	100%	1	0	1	1467	3499	4965	0	2704
	fliE	372	132	11945	99.731	372	100%	1	0	1	372	5044	5415	0	682
	fliD	1425	132	11945	99.93	1425	100%	1	0	1	1425	5501	6925	0	2627
	fliS	381	132	11945	99.738	381	100%	1	0	1	381	7047	7427	0	699
	fliP	297	132	11945	100	297	100%	0	0	1	297	7450	7746	6.16E-157	549
	fleQ	1473	132	11945	99.457	1473	100%	8	0	1	1473	8028	9500	0	2676
	fleQ	1473	241	4197	80.528	303	21%	49	9	498	795	1146	1443	2.23E-58	224
	fleQ	1473	301	2268	78.689	305	21%	51	13	498	795	375	78	2.26E-48	191
	fleQ	1473	181	7512	74.614	453	31%	96	15	482	926	5195	4754	1.36E-45	182
	fleQ	1473	16	82801	74.617	457	31%	92	19	507	951	9739	9295	4.89E-45	180
	fleQ	1473	14	84740	74.702	419	28%	94	12	508	920	30999	31411	6.33E-44	176
	fleQ	1473	1	278920	75.14	358	24%	77	11	507	858	169773	170124	2.29E-38	158
	fleQ	1473	1	278920	78.616	159	11%	28	6	625	780	199957	199802	3.92E-21	100
	fleQ	1473	3	163137	76.37	292	20%	55	13	507	791	59839	60123	1.78E-34	145
	fleQ	1473	197	6586	74.315	292	20%	64	10	508	792	6067	5780	5.03E-25	113
	fleQ	1473	299	2301	75.598	209	14%	44	7	592	795	760	554	5.07E-20	97.1
	fleQ	1473	213	5669	75	184	12%	41	4	586	765	1567	1385	5.10E-15	80.5
	fleS	1209	132	11945	99.338	1209	100%	8	0	1	1209	9613	10821	0	2189
	fleS	1209	3	163137	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	59123	59171	1.51E-09	62.1
	fleR	1422	132	11945	99.554	1120	79%	5	0	1	1120	10826	11945	0	2041
	fleR	1422	144	10423	98.673	226	16%	3	0	1197	1422	1	226	9.25E-112	401
	fliE	330	144	10423	99.394	330	100%	2	0	1	330	473	802	6.73E-172	599
	fliF	1797	144	10423	99.722	1797	100%	5	0	1	1797	825	2621	0	3291
	fliG	1017	144	10423	99.705	1017	100%	3	0	1	1017	2627	3643	0	1862

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21817	<i>fliH</i>	807	144	10423	99.876	807	100%	1	0	1	807	3645	4451	0	1485
	<i>fliI</i>	1356	144	10423	99.263	1356	100%	10	0	1	1356	4441	5796	0	2449
	<i>fliJ</i>	444	144	10423	99.775	444	100%	1	0	1	444	5810	6253	0	815
	<i>fliK</i>	1284	108	15293	98.832	1284	100%	15	0	1	1284	7832	9115	0	2289
	<i>fliL</i>	522	108	15293	100	522	100%	0	0	1	522	9359	9880	0	965
	<i>fliM</i>	972	108	15293	99.794	972	100%	2	0	1	972	9888	10859	0	1784
	<i>fliN</i>	474	108	15293	99.789	474	100%	1	0	1	474	10887	11360	0	870
	<i>fliO</i>	453	108	15293	99.779	453	100%	1	0	1	453	11362	11814	0	832
	<i>fliP</i>	768	108	15293	99.87	768	100%	1	0	1	768	11811	12578	0	1413
	<i>fliQ</i>	270	108	15293	100	270	100%	0	0	1	270	12623	12892	5.68E-142	499
	<i>fliR</i>	777	108	15293	99.614	777	100%	3	0	1	777	12892	13668	0	1419
	<i>flhB</i>	1137	108	15293	100	1137	100%	0	0	1	1137	13671	14807	0	2100
	<i>flhA</i>	2124	142	10701	99.718	2124	100%	6	0	1	2124	9442	7319	0	3890
	<i>flhF</i>	1290	142	10701	99.69	1290	100%	4	0	1	1290	7235	5946	0	2361
	<i>flhN</i>	843	142	10701	99.881	843	100%	1	0	1	843	5807	4965	0	1552
	<i>fliA</i>	744	142	10701	99.731	744	100%	2	0	1	744	4968	4225	0	1363
	<i>cheY</i>	375	142	10701	100	375	100%	0	0	1	375	4123	3749	0	693
	<i>cheZ</i>	789	142	10701	100	789	100%	0	0	1	789	3729	2941	0	1458
	<i>PA1458</i>	2262	142	10701	99.912	2262	100%	2	0	1	2262	2740	479	0	4167
	<i>PA1458</i>	2262	142	10701	76.735	245	11%	30	14	572	789	2031	1787	2.79E-24	111
	<i>PA1458</i>	2262	142	10701	76.735	245	11%	30	14	710	954	2169	1952	2.79E-24	111
	<i>PA1459</i>	1107	253	3649	100	595	54%	0	0	513	1107	1	595	0	1099
	<i>PA1459</i>	1107	142	10701	99.529	425	38%	2	0	1	425	425	1	0	774
	<i>motC</i>	741	253	3649	100	741	100%	0	0	1	741	684	1424	0	1369
	<i>motD</i>	891	253	3649	99.888	891	100%	1	0	1	891	1437	2327	0	1640
	<i>PA1464</i>	480	151	9992	100	480	100%	0	0	1	480	9489	9010	0	887
	<i>PA3348</i>	825	60	25952	100	825	100%	0	0	1	825	17799	16975	0	1524
	<i>PA3349</i>	933	60	25952	99.893	933	100%	1	0	1	933	18808	17876	0	1718
	<i>flgA</i>	699	60	25952	99.857	699	100%	1	0	1	699	18940	19638	0	1286
	<i>flgM</i>	324	60	25952	99.383	324	100%	2	0	1	324	19783	20106	1.43E-168	588
	<i>flgN</i>	471	60	25952	99.151	471	100%	4	0	1	471	20161	20631	0	848
	<i>motY</i>	966	87	19741	99.586	966	100%	4	0	1	966	64	1029	0	1762
	<i>motB</i>	1044	4	153472	99.521	1044	100%	5	0	1	1044	84270	85313	0	1901
	<i>motA</i>	852	4	153472	98.592	852	100%	12	0	1	852	83399	84250	0	1507
	<i>algU</i>	582	22	55844	99.828	582	100%	1	0	1	582	36388	36969	0	1070
	<i>mucA</i>	585	22	55844	99.829	585	100%	1	0	1	585	37001	37585	0	1075
	<i>mucB</i>	951	22	55844	99.895	951	100%	1	0	1	951	37594	38544	0	1751
	<i>mucC</i>	456	22	55844	99.781	456	100%	1	0	1	456	38541	38996	0	837
	<i>mucD</i>	1425	22	55844	99.86	1425	100%	2	0	1	1425	39036	40460	0	2621
	<i>algD</i>	1311	39	37416	100	1311	100%	0	0	1	1311	15716	17026	0	2422
	<i>alg8</i>	1485	39	37416	99.798	1485	100%	3	0	1	1485	17167	18651	0	2726
	<i>alg44</i>	1170	39	37416	99.915	1170	100%	1	0	1	1170	18734	19903	0	2156
	<i>algK</i>	1428	39	37416	99.65	1428	100%	5	0	1	1428	19917	21344	0	2610
	<i>algE</i>	1473	39	37416	99.525	1473	100%	7	0	1	1473	21341	22813	0	2682
	<i>algG</i>	1632	39	37416	100	1632	100%	0	0	1	1632	22834	24465	0	3014
	<i>algX</i>	1425	39	37416	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	24478	25902	0	2615
	<i>algL</i>	1104	39	37416	99.638	1104	100%	4	0	1	1104	25906	27009	0	2017
	<i>algI</i>	1563	39	37416	99.68	1563	100%	5	0	1	1563	27239	28801	0	2859
	<i>algJ</i>	1176	39	37416	99.745	1176	100%	3	0	1	1176	28816	29991	0	2156
	<i>algF</i>	651	39	37416	99.693	651	100%	2	0	1	651	30064	30714	0	1192
	<i>algA</i>	1446	39	37416	99.793	1446	100%	3	0	1	1446	30911	32356	0	2654
	<i>mucP</i>	1353	2	168557	99.926	1353	100%	1	0	1	1353	81353	80001	0	2494
	<i>mucE</i>	270	64	25031	99.63	270	100%	1	0	1	270	14743	14474	2.64E-140	494
	<i>algW</i>	1170	5	134228	99.744	1170	100%	3	0	1	1170	51832	53001	0	2145
	<i>algP</i>	1059	3	163137	99.528	1059	100%	5	0	1	1059	159898	158840	0	1929
	<i>algP</i>	1059	3	163137	89.006	473	45%	49	1	421	890	159403	158931	2.28E-166	582
	<i>algP</i>	1059	3	163137	90.783	434	41%	40	0	496	929	159478	159045	8.20E-166	580
	<i>algP</i>	1059	3	163137	87.94	398	38%	45	1	421	815	159328	158931	2.40E-131	466
	<i>algP</i>	1059	3	163137	87.437	398	38%	47	1	571	968	159478	159084	5.19E-128	455
	<i>algP</i>	1059	3	163137	89.209	278	26%	30	0	427	704	159247	158970	9.05E-96	348
	<i>algP</i>	1059	3	163137	89.209	278	26%	30	0	652	929	159472	159195	9.05E-96	348
	<i>algP</i>	1059	3	163137	83.333	174	16%	24	4	421	590	159103	158931	5.89E-38	156
	<i>algP</i>	1059	3	163137	82.759	174	16%	25	4	796	968	159478	159309	2.74E-36	150
	<i>algP</i>	1059	16	82801	77.889	398	38%	57	21	532	906	82324	82713	7.41E-57	219

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21817	<i>algP</i>	1059	16	82801	81.69	142	13%	26	0	769	910	82339	82480	7.73E-27	119
	<i>algP</i>	1059	16	82801	76.623	231	22%	37	11	694	908	82339	82568	1.29E-24	111
	<i>algP</i>	1059	16	82801	78.125	128	12%	23	4	844	970	82339	82462	4.72E-14	76.8
	<i>algQ</i>	483	3	163137	99.793	483	100%	1	0	1	483	161197	160715	0	887
	<i>algR</i>	747	121	13501	99.598	747	100%	3	0	1	747	3899	3153	0	1363
	<i>algZ</i>	1077	121	13501	99.814	1077	100%	2	0	1	1077	4980	3904	0	1978
	<i>algC</i>	2607	9	99558	99.808	2607	100%	5	0	1	2607	51213	53819	0	4787
	<i>algB</i>	1350	1	278920	99.926	1350	100%	1	0	1	1350	200584	199235	0	2488
	<i>algB</i>	1350	1	278920	78.333	120	9%	20	6	629	745	169892	170008	7.82E-13	73.1
	<i>algB</i>	1350	181	7512	75	300	22%	51	20	642	929	5041	4754	3.56E-26	117
	<i>algB</i>	1350	132	11945	79.012	162	12%	28	6	625	783	8649	8807	7.71E-23	106
	<i>algB</i>	1350	299	2301	78.75	160	12%	21	11	631	782	724	570	1.67E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	301	2268	76.923	156	12%	30	6	631	783	245	93	3.61E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	16	82801	79.07	129	10%	21	6	631	756	9618	9493	3.61E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	3	163137	79.845	129	10%	15	10	624	745	59950	60074	3.61E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	14	84740	81.633	98	7%	14	4	664	759	31152	31247	1.68E-14	78.7
	<i>algB</i>	1350	241	4197	77.6	125	9%	20	8	630	750	1275	1395	1.01E-11	69.4
<i>lasI</i>	606	145	10383	99.67	606	100%	2	0	1	606	7056	7661	0	1109	
<i>lasR</i>	720	145	10383	99.861	720	100%	1	0	1	720	5973	6692	0	1325	
PS21832	<i>pilT</i>	1035	63	28350	99.807	1035	100%	2	0	1	1035	7673	8707	0	1901
	<i>pilU</i>	1149	63	28350	99.826	1149	100%	2	0	1	1149	8885	10033	0	2111
	<i>pilG</i>	408	63	28350	100	408	100%	0	0	1	408	20742	21149	0	754
	<i>pilH</i>	366	63	28350	100	366	100%	0	0	1	366	21196	21561	0	676
	<i>pilI</i>	537	63	28350	99.814	537	100%	1	0	1	537	21612	22148	0	987
	<i>pilJ</i>	2049	63	28350	99.854	2049	100%	3	0	1	2049	22233	24281	0	3768
	<i>pilK</i>	876	63	28350	99.658	876	100%	3	0	1	876	24342	25217	0	1602
	<i>chpA</i>	7419	86	23726	99.716	5290	71%	15	0	2130	7419	23726	18437	0	9686
	<i>chpA</i>	7419	86	23726	89.423	104	1%	11	0	4195	4298	21181	21078	7.83E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	86	23726	89.423	104	1%	11	0	4675	4778	21661	21558	7.83E-30	132
	<i>chpA</i>	7419	63	28350	99.843	1912	26%	3	0	1	1912	25229	27140	0	3515
	<i>chpB</i>	1032	86	23726	99.322	1032	100%	7	0	1	1032	18444	17413	0	1868
	<i>chpC</i>	507	86	23726	98.817	507	100%	6	0	1	507	17416	16910	0	904
	<i>chpD</i>	795	86	23726	99.371	795	100%	5	0	1	795	16902	16108	0	1441
	<i>chpE</i>	612	86	23726	99.346	612	100%	4	0	1	612	16032	15421	0	1109
	<i>vfr</i>	645	2	137678	99.69	645	100%	2	0	1	645	15074	15718	0	1181
	<i>fimL</i>	1689	176	12047	99.882	1689	100%	2	0	1	1689	8200	9888	0	3109
	<i>pilZ</i>	357	99	21812	99.72	357	100%	1	0	1	357	6649	7005	0	654
	<i>fimV</i>	2760	14	73917	99.819	2760	100%	5	0	1	2760	70132	72891	0	5070
	<i>rpoS</i>	1005	73	26346	99.403	1005	100%	6	0	1	1005	23711	22707	0	1823
	<i>pilF</i>	759	24	56094	99.868	759	100%	1	0	1	759	25906	26664	0	1397
	<i>rpoN</i>	1494	9	84999	99.465	1494	100%	8	0	1	1494	10704	9211	0	2715
	<i>pilA</i>	450	16	71876	86.735	98	22%	13	0	1	98	67688	67591	2.12E-24	110
	<i>pilB</i>	1701	16	71876	88.869	1689	99%	176	11	19	1701	67937	69619	0	2067
	<i>pilB</i>	1701	33	45049	76.577	333	20%	64	13	950	1275	11682	12007	3.76E-42	171
	<i>pilB</i>	1701	8	86575	87.218	133	8%	16	1	1137	1269	21085	20954	4.90E-36	150
	<i>pilB</i>	1701	8	86575	97.561	41	2%	1	0	958	998	21265	21225	3.92E-12	71.3
	<i>pilB</i>	1701	35	43859	74.303	323	19%	79	3	949	1269	17730	18050	4.94E-31	134
	<i>pilC</i>	1125	16	71876	80.035	1127	100%	203	20	4	1119	69722	70837	0	815
	<i>xcpA</i>	873	16	71876	99.542	873	100%	4	0	1	873	70841	71713	0	1591
	<i>pilS</i>	1593	17	60937	99.435	1593	100%	9	0	1	1593	19352	20944	0	2892
	<i>pilR</i>	1338	17	60937	99.851	1338	100%	2	0	1	1338	20959	22296	0	2460
	<i>fimT</i>	510	17	60937	99.216	510	100%	4	0	1	510	23571	24080	0	920
	<i>fimU</i>	507	17	60937	100	507	100%	0	0	1	507	24186	24692	0	937
	<i>pilV</i>	558	17	60937	99.642	558	100%	2	0	1	558	24683	25240	0	1020
	<i>pilW</i>	825	17	60937	99.636	825	100%	3	0	1	825	25237	26061	0	1507
	<i>pilX</i>	588	17	60937	100	588	100%	0	0	1	588	26058	26645	0	1086
	<i>pilY1</i>	3486	17	60937	95.557	2926	84%	121	3	561	3486	27232	30148	0	4674
	<i>pilY1</i>	3486	17	60937	85.455	385	11%	44	10	1	379	26657	27035	5.47E-108	390
	<i>pilY2</i>	348	17	60937	99.713	348	100%	1	0	1	348	30150	30497	0	638
	<i>pilE</i>	426	17	60937	99.296	426	100%	3	0	1	426	30494	30919	0	771
	<i>fimX</i>	2076	1	183396	99.855	2076	100%	3	0	1	2076	109660	107585	0	3818
	<i>pilQ</i>	2145	113	19098	97.393	2148	100%	50	4	1	2145	4837	2693	0	3651
	<i>pilP</i>	525	113	19098	99.81	525	100%	1	0	1	525	5415	4891	0	965
	<i>pilO</i>	624	113	19098	99.84	624	100%	1	0	1	624	6035	5412	0	1147

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21832	<i>pilN</i>	597	113	19098	99.832	597	100%	1	0	1	597	6628	6032	0	1098
	<i>pilM</i>	1065	113	19098	98.884	1075	101%	1	4	1	1065	7701	6628	0	1908
	<i>arc</i>	780	5	88923	99.744	780	100%	2	0	1	780	51443	52222	0	1430
	<i>flgB</i>	408	1	183396	100	408	100%	0	0	1	408	167680	167273	0	754
	<i>flgC</i>	441	1	183396	100	441	100%	0	0	1	441	167267	166827	0	815
	<i>flgD</i>	714	1	183396	100	714	100%	0	0	1	714	166814	166101	0	1319
	<i>flgE</i>	1389	1	183396	99.208	1389	100%	11	0	1	1389	166073	164685	0	2505
	<i>flgF</i>	750	1	183396	99.733	750	100%	2	0	1	750	164467	163718	0	1375
	<i>flgG</i>	786	1	183396	99.491	786	100%	4	0	1	786	163671	162886	0	1430
	<i>flgH</i>	696	1	183396	99.138	696	100%	6	0	1	696	162840	162145	0	1253
	<i>flgI</i>	1110	1	183396	99.73	1110	100%	3	0	1	1110	162133	161024	0	2034
	<i>flgJ</i>	1203	1	183396	99.751	1203	100%	3	0	1	1203	161013	159811	0	2206
	<i>flgK</i>	2052	1	183396	86.79	2059	100%	255	16	1	2052	159792	157744	0	2279
	<i>flgL</i>	1320	1	183396	74.06	1330	101%	297	40	1	1315	157705	156409	9.08E-142	501
	<i>fliC</i>	1467	1	183396	82.415	472	32%	79	4	1	470	140036	139567	6.30E-114	409
	<i>fliP</i>	297	30	50339	100	32	11%	0	0	266	297	47489	47458	1.39E-09	60.2
	<i>fleQ</i>	1473	30	50339	99.185	1473	100%	12	0	1	1473	47176	45704	0	2654
	<i>fleQ</i>	1473	111	19314	80.528	303	21%	49	9	498	795	10832	11129	2.46E-58	224
	<i>fleQ</i>	1473	111	19314	79.672	305	21%	48	14	498	795	6135	6432	2.48E-53	207
	<i>fleQ</i>	1473	3	100315	74.6	437	30%	99	11	489	920	30970	31399	1.50E-45	182
	<i>fleQ</i>	1473	6	87445	74.831	445	30%	88	20	504	936	76688	77120	5.40E-45	180
	<i>fleQ</i>	1473	123	18043	74.505	455	31%	93	15	482	926	2419	1978	6.99E-44	176
	<i>fleQ</i>	1473	13	74670	75.14	358	24%	77	11	507	858	52084	51733	2.53E-38	158
	<i>fleQ</i>	1473	13	74670	78.395	162	11%	29	6	622	780	22117	22275	4.33E-21	100
	<i>fleQ</i>	1473	8	86575	76.271	295	20%	56	13	507	794	71408	71121	1.97E-34	145
	<i>fleQ</i>	1473	122	18064	74.403	293	20%	62	12	508	792	513	800	5.56E-25	113
	<i>fleQ</i>	1473	166	13747	76.442	208	14%	42	7	592	794	12206	12001	9.30E-23	106
	<i>fleQ</i>	1473	270	5508	74.611	193	13%	44	4	577	765	4018	4209	5.63E-15	80.5
	<i>fleS</i>	1209	30	50339	99.338	1209	100%	8	0	1	1209	45591	44383	0	2189
	<i>fleS</i>	1209	8	86575	89.796	49	4%	4	1	1032	1079	72124	72076	1.67E-09	62.1
	<i>fleR</i>	1422	30	50339	99.226	1422	100%	11	0	1	1422	44378	42957	0	2566
	<i>fliE</i>	330	30	50339	99.091	330	100%	3	0	1	330	42710	42381	3.46E-170	593
	<i>fliF</i>	1797	30	50339	99.444	1797	100%	10	0	1	1797	42358	40562	0	3264
	<i>fliG</i>	1017	30	50339	99.508	1017	100%	5	0	1	1017	40556	39540	0	1851
	<i>fliH</i>	807	30	50339	99.009	807	100%	8	0	1	807	39538	38732	0	1447
	<i>fliI</i>	1356	30	50339	99.189	1356	100%	11	0	1	1356	38742	37387	0	2444
	<i>fliJ</i>	444	30	50339	99.775	444	100%	1	0	1	444	37373	36930	0	815
	<i>fliK</i>	1284	173	12396	98.832	1284	100%	15	0	1	1284	7438	8721	0	2289
	<i>fliL</i>	522	173	12396	99.617	522	100%	2	0	1	522	8965	9486	0	953
	<i>fliM</i>	972	173	12396	99.897	972	100%	1	0	1	972	9494	10465	0	1790
	<i>fliN</i>	474	173	12396	99.789	474	100%	1	0	1	474	10493	10966	0	870
	<i>fliO</i>	453	173	12396	100	453	100%	0	0	1	453	10968	11420	0	837
	<i>fliP</i>	768	173	12396	99.74	768	100%	2	0	1	768	11417	12184	0	1408
	<i>fliQ</i>	270	173	12396	99.405	168	62%	1	0	1	168	12229	12396	1.47E-83	305
	<i>fliR</i>	777	178	11738	99.693	651	84%	2	0	127	777	11738	11088	0	1192
	<i>flhB</i>	1137	178	11738	99.824	1137	100%	2	0	1	1137	11085	9949	0	2089
	<i>flhA</i>	2124	178	11738	99.765	2124	100%	5	0	1	2124	7102	4979	0	3895
	<i>flhF</i>	1290	178	11738	99.612	1290	100%	5	0	1	1290	4895	3606	0	2355
	<i>flhN</i>	843	178	11738	99.881	843	100%	1	0	1	843	3467	2625	0	1552
	<i>fliA</i>	744	178	11738	99.731	744	100%	2	0	1	744	2628	1885	0	1363
	<i>cheY</i>	375	178	11738	100	375	100%	0	0	1	375	1783	1409	0	693
	<i>cheZ</i>	789	178	11738	99.873	787	100%	1	0	1	787	1389	603	0	1448
	<i>PA1458</i>	2262	98	21885	96.08	1556	69%	34	14	707	2262	154	1682	0	2510
	<i>PA1458</i>	2262	98	21885	99.733	374	17%	1	0	416	789	1	374	0	686
	<i>PA1458</i>	2262	178	11738	99	400	18%	4	0	1	400	400	1	0	717
	<i>PA1459</i>	1107	98	21885	99.91	1107	100%	1	0	1	1107	1736	2842	0	2039
	<i>motC</i>	741	98	21885	99.595	741	100%	3	0	1	741	2931	3671	0	1352
	<i>motD</i>	891	98	21885	98.653	891	100%	12	0	1	891	3684	4574	0	1580
	<i>PA1464</i>	480	98	21885	99.583	480	100%	2	0	1	480	6485	6964	0	876
	<i>PA3348</i>	825	120	18469	100	825	100%	0	0	1	825	4108	4932	0	1524
	<i>PA3349</i>	933	120	18469	99.786	933	100%	2	0	1	933	3099	4031	0	1712
	<i>flgA</i>	699	120	18469	99.857	699	100%	1	0	1	699	2967	2269	0	1286
	<i>flgM</i>	324	120	18469	100	324	100%	0	0	1	324	2124	1801	7.29E-172	599
	<i>flgN</i>	471	120	18469	98.938	471	100%	5	0	1	471	1746	1276	0	843

Cepa	Gen	Longitud Gen	Contig	Longitud Contig	%ID	Longitud (overlap)	%Cob	M	G	Inicio Gen	Fin Gen	Inicio Contig	Fin Contig	E-value	Bit Score
PS21832	<i>motY</i>	966	72	26937	99.634	819	85%	3	0	1	819	26095	26913	0	1496
	<i>motY</i>	966	121	18211	100	175	18%	0	0	792	966	1	175	1.53E-88	324
	<i>motB</i>	1044	1	183396	99.617	1044	100%	4	0	1	1044	116153	117196	0	1906
	<i>motA</i>	852	1	183396	100	852	100%	0	0	1	852	115282	116133	0	1574
	<i>algU</i>	582	31	50329	100	582	100%	0	0	1	582	11567	12148	0	1075
	<i>mucA</i>	585	31	50329	99.658	585	100%	2	0	1	585	12180	12764	0	1070
	<i>mucB</i>	951	31	50329	100	951	100%	0	0	1	951	12773	13723	0	1757
	<i>mucC</i>	456	31	50329	99.561	456	100%	2	0	1	456	13720	14175	0	832
	<i>mucD</i>	1425	31	50329	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	14215	15639	0	2615
	<i>algD</i>	1311	72	26937	99.924	1311	100%	1	0	1	1311	10230	8920	0	2416
	<i>alg8</i>	1485	72	26937	99.865	1485	100%	2	0	1	1485	8780	7296	0	2732
	<i>alg44</i>	1170	72	26937	99.573	1170	100%	5	0	1	1170	7213	6044	0	2134
	<i>algK</i>	1428	72	26937	99.86	1428	100%	2	0	1	1428	6030	4603	0	2627
	<i>algE</i>	1473	72	26937	99.321	1473	100%	10	0	1	1473	4606	3134	0	2665
	<i>algG</i>	1632	72	26937	99.877	1632	100%	2	0	1	1632	3113	1482	0	3003
	<i>algX</i>	1425	72	26937	99.789	1425	100%	3	0	1	1425	1469	45	0	2615
	<i>algL</i>	1104	36	43388	100	176	16%	0	0	929	1104	1	176	4.89E-89	326
	<i>algL</i>	1104	72	26937	100	41	4%	0	0	1	41	41	1	5.44E-14	76.8
	<i>algI</i>	1563	36	43388	99.68	1563	100%	5	0	1	1563	418	1980	0	2859
	<i>algJ</i>	1176	36	43388	99.66	1176	100%	4	0	1	1176	1995	3170	0	2150
	<i>algF</i>	651	36	43388	99.693	651	100%	2	0	1	651	3243	3893	0	1192
	<i>algA</i>	1446	36	43388	99.654	1446	100%	5	0	1	1446	4089	5534	0	2643
	<i>mucP</i>	1353	28	51631	99.63	1353	100%	5	0	1	1353	17603	16251	0	2471
	<i>mucE</i>	270	195	10531	99.63	270	100%	1	0	1	270	2022	1753	2.92E-140	494
	<i>algW</i>	1170	9	84999	99.658	1170	100%	4	0	1	1170	23740	22571	0	2139
	<i>algP</i>	1059	133	17397	99.504	605	57%	3	0	1	605	16793	17397	0	1101
	<i>algP</i>	1059	133	17397	90.426	188	18%	18	0	493	680	17210	17397	1.04E-65	248
	<i>algP</i>	1059	133	17397	88.298	188	18%	22	0	568	755	17210	17397	4.89E-59	226
	<i>algP</i>	1059	133	17397	88.298	188	18%	22	0	718	905	17210	17397	4.89E-59	226
	<i>algP</i>	1059	133	17397	82.486	177	17%	26	4	793	968	17210	17382	3.03E-36	150
	<i>algP</i>	1059	133	17397	89.381	113	11%	12	0	418	530	17285	17397	5.07E-34	143
	<i>algP</i>	1059	66	27719	100	192	18%	0	0	868	1059	1	192	5.98E-98	355
	<i>algP</i>	1059	66	27719	91.935	62	6%	5	0	643	704	1	62	2.41E-17	87.9
	<i>algP</i>	1059	66	27719	91.525	59	6%	5	0	793	851	1	59	1.12E-15	82.4
	<i>algP</i>	1059	66	27719	81.373	102	10%	14	4	493	590	1	101	1.45E-14	78.7
	<i>algQ</i>	483	133	17397	98.965	483	100%	5	0	1	483	15494	15976	0	865
	<i>algR</i>	747	133	17397	99.465	747	100%	4	0	1	747	9603	10349	0	1358
	<i>algZ</i>	1077	133	17397	99.629	1077	100%	4	0	1	1077	8522	9598	0	1967
	<i>algC</i>	2607	5	88923	99.501	2607	100%	13	0	1	2607	40500	43106	0	4743
	<i>algB</i>	1350	13	74670	99.852	1350	100%	2	0	1	1350	21493	22842	0	2483
	<i>algB</i>	1350	13	74670	71.067	356	26%	87	14	629	976	51965	51618	8.64E-13	73.1
	<i>algB</i>	1350	123	18043	75	300	22%	51	20	642	929	2265	1978	3.93E-26	117
	<i>algB</i>	1350	30	50339	79.245	159	12%	27	6	628	783	46552	46397	8.51E-23	106
	<i>algB</i>	1350	166	13747	78.75	160	12%	21	11	631	782	12170	12016	1.84E-19	95.3
	<i>algB</i>	1350	111	19314	72.386	373	28%	75	24	631	989	6265	6623	6.63E-19	93.5
	<i>algB</i>	1350	111	19314	95.122	41	3%	2	0	710	750	11041	11081	1.45E-10	65.8
	<i>algB</i>	1350	8	86575	79.845	129	10%	15	10	624	745	71297	71173	3.99E-16	84.2
	<i>algB</i>	1350	6	87445	78.571	126	9%	21	6	628	750	76809	76931	1.86E-14	78.7
	<i>algB</i>	1350	3	100315	72.727	286	21%	58	16	484	759	30960	31235	1.86E-14	78.7
	<i>lasI</i>	606	218	8740	100	606	100%	0	0	1	606	1587	982	0	1120
	<i>lasR</i>	720	218	8740	99.861	720	100%	1	0	1	720	2670	1951	0	1325

%ID: Porcentaje de identidad, %Cob: Porcentaje de cobertura, M: Mismatches, G: Gaps, Inicio Gen: Posición de inicio del alineamiento en el gen de referencia, Fin Gen: Posición final del alineamiento en el gen de referencia, Inicio Contig: Posición de inicio del alineamiento en el contig, Fin Contig: Posición final del alineamiento en el contig, E-value: Valor esperado.

ANEXO 6. Alineamiento de ensamblajes de plásmidos mediante blastn

Cepa	Scaffold	Plásmido	No.Acceso	%ID	L.Alin	M	G	ISc	FSc	IPI	FPI	E-value	Bit score
A20511	2_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	4541	0	0	2389	6929	1	4541	0	8386
	2_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	3118	0	0	6895	10012	9970	6853	0	5758
	2_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	2423	0	0	1	2423	6929	4507	0	4475
	2_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	97.794	136	3	0	2380	2515	9927	10062	1.36E-55	235
	2_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	6895	6929	35	1	1.89E-04	65.8
A20912	1_length_111014	pCMCVTAb1-Ab59	CP016299.1	99.995	93360	2	3	17634	110991	1	93359	0	1.72E+05
	1_length_111014	pCMCVTAb1-Ab59	CP016299.1	99.745	17634	43	2	1	17633	93335	110967	0	32313
	1_length_111014	pCMCVTAb1-Ab59	CP016299.1	100	46	0	0	110969	111014	93388	93343	1.62E-09	86.1
	2_length_11932	pCMCVTAb1-Ab59	MK431775.1	100	8321	0	0	3612	11932	15199	6879	0	15367
	2_length_11932	pO237-4	MK431775.1	100	3611	0	0	1	3611	3611	1	0	6669
	2_length_11932	pO237-4	MK431775.1	94.444	54	2	1	7263	7315	11505	11452	2.24E-09	82.4
	2_length_11932	pO237-4	MK431775.1	94.444	54	2	1	7306	7359	11548	11496	2.24E-09	82.4
A20997	2_length_16172	unnamed	CP027610.1	100	8628	0	0	7545	16172	1	8628	0	15934
	2_length_16172	unnamed	CP027610.1	99.92	7544	6	0	1	7544	8552	16095	0	13899
A201742	3_length_5464	pAba10042a	CP023027.1	100	5464	0	0	1	5464	9970	4507	0	10091
	3_length_5464	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	5430	5464	1	35	1.03E-04	65.8
	3_length_5464	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	1	35	35	1	1.03E-04	65.8
	3_length_5464	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	1	35	4507	4541	1.03E-04	65.8
A201836	2_length_10012	pAba5845a	CP023035.1	100	7195	0	0	1	7195	7195	1	0	13287
	2_length_10012	pAba5845a	CP023035.1	100	2817	0	0	7196	10012	9935	7119	0	5203
	2_length_10012	pAba5845a	CP023035.1	93.182	44	3	0	2380	2423	258	301	1.89E-04	65.8
	2_length_10012	pAba5845a	CP023035.1	100	35	0	0	6895	6929	4773	4807	1.89E-04	65.8
A201863	4_length_15361	pAba11510b	CP023300.2	99.993	15361	1	0	1	15361	15411	51	0	28361
	5_length_10039	unnamed2	CP104353.1	100	5464	0	0	365	5828	1673	7136	0	10091
	5_length_10039	unnamed2	CP104353.1	100	2512	0	0	7528	10039	9935	7424	0	4639
	5_length_10039	unnamed2	CP104353.1	98.443	1734	0	1	5794	7527	1707	1	0	3027
A201884	5_length_10039	unnamed2	CP104353.1	99.265	408	3	0	1	408	7500	7093	0	737
	1_length_111044	pAbS1_02	CP026945.1	100	68806	0	0	1	68806	68806	1	0	1.27E+05
	1_length_111044	pAbS1_02	CP026945.1	99.95	42239	20	1	68807	111044	110968	68730	0	77883
	5_length_10012	unnamed2	CP104353.1	100	3118	0	0	6895	10012	1673	4790	0	5758
	5_length_10012	unnamed2	CP104353.1	99.894	2843	3	0	4096	6938	9935	7093	0	5234
	5_length_10012	unnamed2	CP104353.1	99.959	2423	1	0	1	2423	4714	7136	0	4470
	5_length_10012	unnamed2	CP104353.1	99.59	1707	7	0	2389	4095	1707	1	0	3114
	6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	100	4449	0	0	3689	8137	15199	10751	0	8216
	6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	100	3688	0	0	1	3688	3688	1	0	6811
	6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	99.94	1673	1	0	8138	9810	5785	4113	0	3085
	6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	99.853	680	1	0	9131	9810	5698	6377	0	1251
	6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	100	88	0	0	8138	8225	4705	4792	6.39E-34	163
	6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	100	77	0	0	1	77	6802	6878	8.32E-28	143
6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	94.444	54	2	1	7340	7392	11505	11452	1.84E-09	82.4	
6_length_9810	pO237-4	MK431775.1	94.444	54	2	1	7383	7436	11548	11496	1.84E-09	82.4	
A202386	3_length_8929	pAba9201a	CP023021.1	100	8929	0	0	1	8929	48	8976	0	16489
	3_length_8929	pAba9201a	CP023021.1	93.182	44	3	0	5812	5855	1387	1344	1.69E-04	65.8
	3_length_8929	pAba9201a	CP023021.1	100	35	0	0	1306	1340	5893	5859	1.69E-04	65.8
A2112	1_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	4541	0	0	2389	6929	1	4541	0	8386
	1_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	3118	0	0	6895	10012	9970	6853	0	5758
	1_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	2423	0	0	1	2423	6929	4507	0	4475
	1_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	97.794	136	3	0	2380	2515	9927	10062	1.37E-55	235
	1_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	6895	6929	35	1	1.90E-04	65.8
A21273	2_length_17587	p2BJAB07104	CP003907.1	99.994	17587	1	0	1	17587	681	18267	0	32472
	2_length_17587	p2BJAB07104	CP003907.1	100	78	0	0	17510	17587	19146	19069	4.17E-28	145
	2_length_17587	p2BJAB07104	CP003907.1	100	77	0	0	1	77	18934	19010	1.50E-27	143
	2_length_17587	p2BJAB07104	CP003907.1	100	63	0	0	17511	17573	20077	20139	9.09E-20	117
A21315	4_length_10543	pAB-ML	KT022421.1	99.545	4400	19	1	4546	8944	2617	7016	0	8013
	4_length_10543	pAB-ML	KT022421.1	99.449	4357	22	2	75	4430	11328	6973	0	7912
	4_length_10543	pAB-ML	KT022421.1	99.863	731	1	0	9739	10469	12056	11326	0	1345
	4_length_10543	pAB-ML	KT022421.1	99.505	404	2	0	9440	9843	2203	2606	0	736
	4_length_10543	pAB-ML	KT022421.1	88.412	233	25	2	3367	3597	233	1	6.56E-69	279
A21329	7_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	6929	0	0	3084	10012	1	6929	0	12796
	7_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	3210	0	0	1	3210	6853	10062	0	5928
	7_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	7590	7624	35	1	1.90E-04	65.8

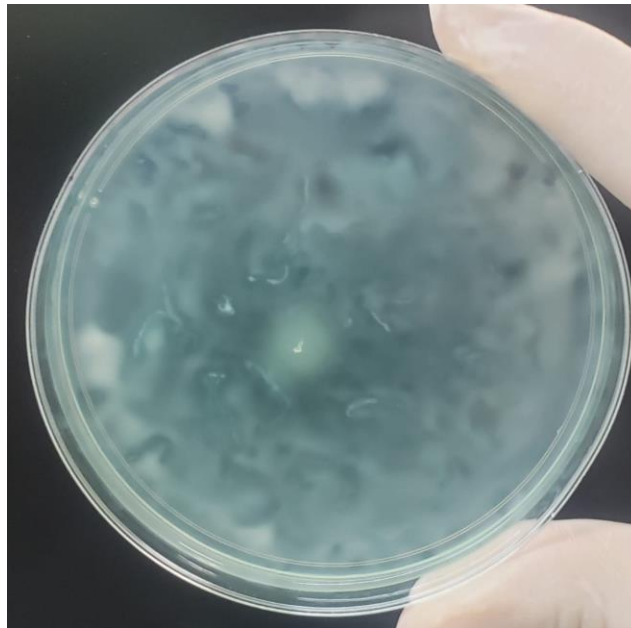
Cepa	Scaffold	Plásmido	No.Acceso	%ID	L.Alin	M	G	ISc	FSc	IPI	FPI	E-value	Bit score
A21329	7_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	100	35	0	0	3084	3118	4541	4507	1.90E-04	65.8
	7_length_10012	pAba10042a	CP023027.1	93.182	44	3	0	7590	7633	9970	9927	1.90E-04	65.8
A21621	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A21668	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A21671	1_length_115795	pDA33098-108	CP029570.1	99.993	29293	2	0	1	29293	78859	108151	0	54083
	1_length_115795	pDA33098-108	CP029570.1	99.936	28060	5	2	87736	115795	50804	78850	0	51705
	1_length_115795	pDA33098-108	CP029570.1	99.854	26033	33	5	37902	63932	9974	36003	0	47858
	1_length_115795	pDA33098-108	CP029570.1	99.971	13626	4	0	74119	87744	35998	49623	0	25141
	1_length_115795	pDA33098-108	CP029570.1	95.281	6272	281	12	31726	37990	2494	8757	0	9928
	1_length_115795	pDA33098-108	CP029570.1	100	2461	0	0	29294	31754	1	2461	0	4545
A21841	3_length_8929	pAba9201a	CP023021.1	100	8929	0	0	1	8929	48	8976	0	16489
	3_length_8929	pAba9201a	CP023021.1	93.182	44	3	0	5812	5855	1387	1344	1.69E-04	65.8
	3_length_8929	pAba9201a	CP023021.1	100	35	0	0	1306	1340	5893	5859	1.69E-04	65.8
PS2098	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS20215	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS20412	1_length_60043	pMS14403A	CP049162.1	99.4	14167	61	4	38290	52434	25595	39759	0	25669
	1_length_60043	pMS14403A	CP049162.1	99.4	14167	61	4	7610	21754	39759	25595	0	25669
	1_length_60043	pMS14403A	CP049162.1	99.442	8060	40	3	29971	38030	15263	23317	0	14632
	1_length_60043	pMS14403A	CP049162.1	99.399	7992	42	4	22014	30004	23317	15331	0	14488
	1_length_60043	pMS14403A	CP049162.1	97.173	6580	166	16	53474	60043	40217	46786	0	11103
	1_length_60043	pMS14403A	CP049162.1	97.173	6580	166	16	1	6570	46786	40217	0	11103
PS20490	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS20503	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS201139	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS201267	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS21222	1_length_67463	unnamed	CP116729.1	97.841	32324	685	8	23957	56274	1	32317	0	55812
	1_length_67463	unnamed	CP116729.1	97.439	7692	194	3	56302	63992	33605	41294	0	13110
	1_length_67463	unnamed	CP116729.1	97.818	2246	47	2	65219	67463	43845	46089	0	3875
	1_length_67463	unnamed	CP116729.1	96.791	1122	36	0	63986	65107	42600	43721	0	1873
PS21575	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS21632	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS21634	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
PS21804	1_length_83662	pY89	CP030914.1	97.665	22828	504	12	46781	69598	63034	85842	0	39175
	1_length_83662	pY90	CP030914.1	94.976	9893	477	15	16554	26433	37255	47140	0	15498
	1_length_83662	pY91	CP030914.1	97.339	7705	189	6	30699	38396	52628	60323	0	13079
	1_length_83662	pY92	CP030914.1	95.718	5371	211	12	1	5360	20496	25858	0	8626
	1_length_83662	pY93	CP030914.1	96.475	4425	156	0	69599	74023	1	4425	0	7308
	1_length_83662	pY94	CP030914.1	97.082	3667	90	1	7498	11147	28325	31991	0	6163
	1_length_83662	pY95	CP030914.1	91.986	3943	278	27	12597	16526	32052	35969	0	5496
	1_length_83662	pY96	CP030914.1	87.128	2960	358	21	79728	82674	8557	11506	0	3334
	1_length_83662	pY97	CP030914.1	96.244	1757	51	8	28591	30336	50878	52630	0	2865
	1_length_83662	pY98	CP030914.1	96.801	1563	48	2	5807	7368	26646	28207	0	2608
1_length_83662	pY99	CP030914.1	96.013	1254	39	5	26829	28079	47573	48818	0	2028	
PS21817	8_length_22009	pPALO12	CP075837.1	99.496	22012	90	7	1	22009	30164	8171	0	40014
PS21832	1_length_23546	pPAC1.3b	CP097559.1	99.272	14964	105	3	8584	23546	11750	26710	0	27026
	1_length_23546	pPAC1.3b	CP097559.1	99.034	8595	76	1	1	8595	2812	11399	0	15405

%ID: Porcentaje de identidad, L.Alin: Longitud de alineamiento, M: Mismatches, G: Gaps, ISc: Posición de inicio en el scaffold, FSc: Posición final en el scaffold, IPI: Posición de inicio en el plásmido, FPI: Posición final en el plásmido

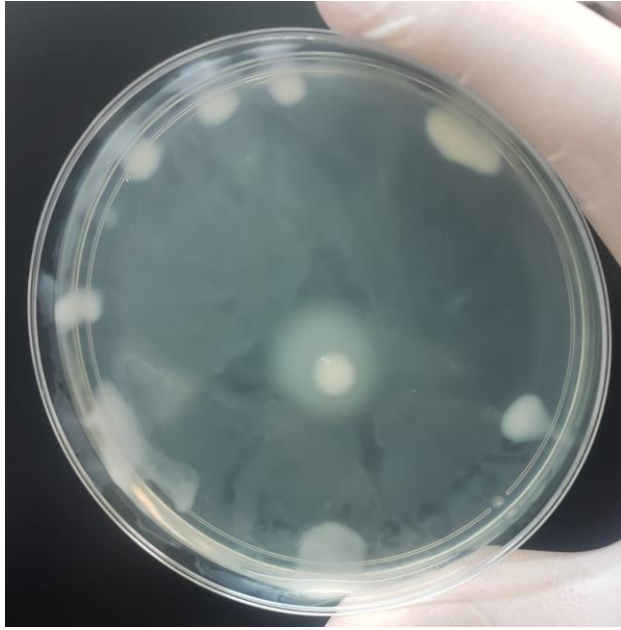
ANEXO 7. Patrones de crecimiento de fenotipo hipermóvil de *P. aeruginosa*.



Crecimiento en forma de estrella: PS21817



Crecimiento disperso: PS201267 y PS21634



Múltiples focos de crecimiento: PS21575