

mecA gene from *Staphylococcus aureus* TN/CN/1/12

NCBI Reference Sequence: NG_047945.1

>NG_047945.1 *Staphylococcus aureus* TN/CN/1/12 *mecA* gene for ceftaroline-resistant PBP2a family peptidoglycan transpeptidase MecA, complete CDS

```
ATGAAAAAGATAAAAATTGTTCCACTTATTTTAATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATT
TTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTAATAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAA
ACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAA
CGTCCGATAAAAATATATAATAGTTTtagGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAA
AAAAAGTATCTAAAAATAAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAACAAACTACGGTAA
CATTGATCGCAACGTTCAATTTAATTTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGAT
CATAGCGTCATTATTTCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAATTTAAAATCAG
AACGTGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT
AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAAGTAAGTATT
TCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTGGGTACAAGATGATACCTTCGTTCCAC
TTAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTTCATCTTACAAC
TAATGAAACAAAAAGTCGTAACCTATCCTCTAGAAAAAGCGACTTCACATCTATTAGGTTATGTT
GGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAAAAAGAAATATAAAGGCTATAAAGATGATGCAGTTA
TTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAGCTCCAACATGAAGATGGCTATCGTGT
CACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAAGAT
GGCAAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAAAGTTCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAA
ATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCACCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCAC
ACCTTCATATGACGTCTATCCATTTATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACC
GAAGATAAAAAAGAACCTCTGCTCAACAAGTTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAA
AAATATTAACAGCAATGATTGGGTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAAT
CGATGGTAAAGGTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTG
GTAAATGGTAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAG
TAGCACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA
TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAATA
TTATTAGCTGATTACAGGTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCTTTCAA
TCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGACACGAAAAA
CAAAGTTTGGAAGAAAAATATTATTTCCAAGAAAATATCAATCTATTAACCTGATGGTATGCAA
CAAGTCGTAAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGCAAACCTTAATTGGCAAAT
CCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAGACAAATTTGGGTGGTTTATATC
ATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGA
ATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAAGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATA
AAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAGTGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGT
TTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTGTTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT
2107 bp
```

DNA sequences from PCR product using mecA-specific primers and genomic DNA of isolate from this study

>3.7

```
TACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCAATT  
TAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTATTCCAGGA  
ATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGGTAAAATTTTAGACC  
GAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGGCATCGTTCCAAAGAATGT  
ATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGA 296 bp
```

>4.8

```
GAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCAATTTAA  
TTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTATTCCAGGAATG  
CAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGGTAAAATTTTAGACCGAA  
ACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGGCATCGTTCCAAAGAATGTATC  
TAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGA 293 bp
```

Results from alimnt of DNA sequences with NCBI Reference
Sequence: NG_047945.1

Description	Max score	Total score	Query score	E value	Per. Ident	Acc. Len
3.7	544	544	14%	1e-158	100.00%	296
4.8	540	540	14%	1e-157	100.00%	293

3.7

Query

279

acgagtagatgctcaatataaaaattaaaacaaaCTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCA

338

Sbjct

2

ACGAGTAGATGCTCAATATAAAAATTAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCA

61

Query

339

ATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTAT

398

Sbjct

62

ATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTAT

121

Query

399

TCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGGTAA

458

Sbjct

122

TCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGGTAA

181

Query

459

AATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGGCAT

518

Sbjct

182

AATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGGCAT

241

Query

519

CGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG

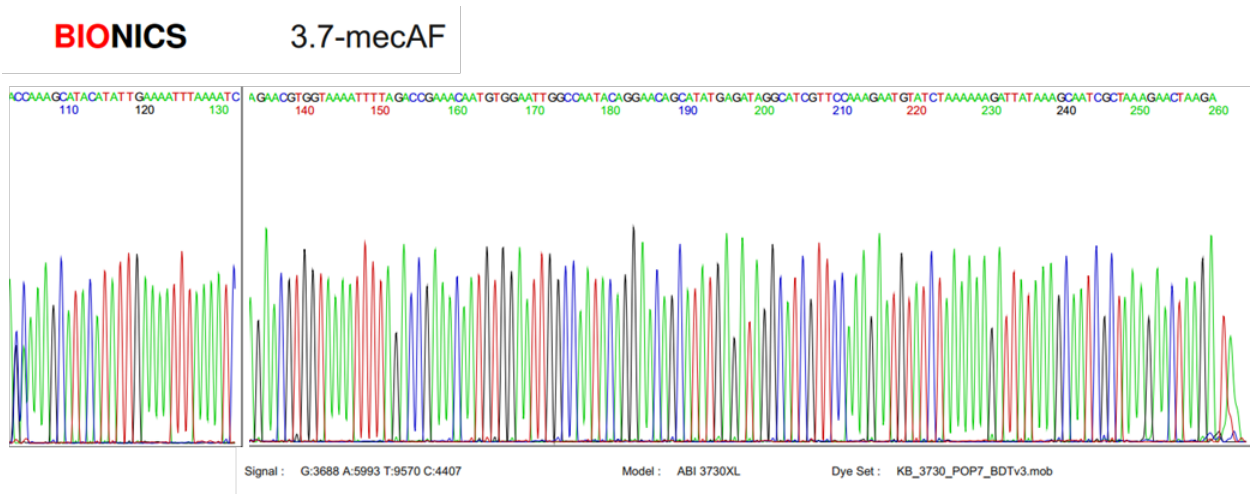
572

Sbjct

242

CGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG

295



4.8

Query	281	gagtagatgctcaatataaaaattaaaacaaaCTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCAAT	340
Sbjct	1	GAGTAGATGCTCAATATAAAAATTAAAACAAACTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCAAT	60
Query	341	TTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTATTC	400
Sbjct	61	TTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTATTC	120
Query	401	CAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGGTAAAA	460
Sbjct	121	CAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGGTAAAA	180
Query	461	TTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGGCATCG	520
Sbjct	181	TTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGGCATCG	240
Query	521	TTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG	572
Sbjct	241	TTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG	292

BIONICS

4.8-mecAF

