

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 479 090**

51 Int. Cl.:

C07K 14/43 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **09.02.2007 E 07756833 (5)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **21.05.2014 EP 2044109**

54 Título: **Identificación y uso de genes diana para el control de nematodos parásitos de plantas**

30 Prioridad:

10.02.2006 US 772265 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

23.07.2014

73 Titular/es:

**MONSANTO TECHNOLOGY, LLC (100.0%)
800 NORTH LINDBERGH BOULEVARD
ST. LOUIS, MO 63167, US**

72 Inventor/es:

**BOUKHAROV, ANDREY A.;
DU, ZIJIN;
GUO, LIANG;
HRESKO, MICHELLE C.;
KOVALIC, DAVID K.;
LI, ZHAOLONG;
LU, MAOLONG;
MCCARTER, JAMES P.;
MILLER, NANCY M.;
VAUDIN, MARK;
WILLIAMS, DERYCK J. y
WU, WEI**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 479 090 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Identificación y uso de genes diana para el control de nematodos parásitos de plantas

Antecedentes de la invención**1. Campo de la invención**

5 La presente invención se refiere, en general, al control genético de enfermedades de las plantas producidas por nematodos parásitos de las plantas. Más específicamente, la presente invención se refiere a la identificación de secuencias codificantes diana y al uso de tecnologías de ADN recombinante para reprimir o inhibir pos-transcripcionalmente la expresión de secuencias codificantes diana en las células de un nematodo parásito de las plantas para proporcionar un efecto protector de la planta.

10 2. Descripción de la técnica relacionada

Las plantas están sometidos a múltiples potenciales agentes causantes de enfermedad, que incluyen nematodos parásitos de las plantas, que son organismos activos flexibles alargados que viven en superficies húmedas o en entornos líquidos, que incluyen películas de agua dentro de la tierra y tejidos húmedos dentro de otros organismos. Hay numerosas especies de nematodos parásitos de las plantas, que incluyen diversos nematodos quísticos (por ejemplo, *Heterodera* sp.), nematodos del nudo de la raíz (por ejemplo, *Meloidogyne* sp.), nematodos de la lesión (por ejemplo, *Pratylenchus* sp.), nematodos daga (por ejemplo, *Xiphinema* sp.) y nematodos del tallo y los bulbos (por ejemplo, *Ditylenchus* sp.), entre otros. Los nematodos tilénquidos (miembros del orden Tylenchida), que incluyen las familias *Heteroderidae*, *Meloidogynidae* y *Pratylenchidae*, son el grupo más grande y más económicamente importante de los nematodos parásitos de las plantas. Otros nematodos parásitos de las plantas importantes incluyen nematodos dorilaimidos (por ejemplo, *Xiphinema* sp.), entre otros. Las especies de nematodos crecen mediante una serie de etapas del ciclo vital y mudas. Normalmente, hay cinco etapas y cuatro mudas: etapa de huevo; J1 (es decir, primera etapa juvenil); M1 (es decir, primera muda); J2 (segunda etapa juvenil; algunas veces eclosión del huevo); M2; J3; M3; J4; M4; A (adulto). Las etapas juveniles ("J") también se denominan algunas veces estadios larvales ("L"). La expresión génica puede ser específica para una o más etapas del ciclo vital.

25 Algunas especies de nematodos han evolucionado como parásitos de gran éxito tanto en las plantas como en los animales y son responsables de pérdidas económicas significativas en la agricultura y ganado y de morbilidad y mortalidad en seres humanos. Los parásitos nematodos de las plantas pueden habitar en todas las partes de las plantas, que incluyen raíces, capullos de flores en desarrollo, hojas y tallos. Los parásitos de las plantas se clasifican basándose de sus hábitos alimenticios en las amplias categorías ectoparásitos migratorios, endoparásitos migratorios y endoparásitos sedentarios. Los endoparásitos sedentarios, que incluyen los nematodos del nudo de la raíz (*Meloidogyne*) y nematodos quísticos (*Globodera* y *Heterodera*), inducen sitios de alimentación ("sincitios") y establecen infecciones a largo plazo dentro de las raíces que son frecuentemente muy dañinas para los cultivos. Se estima que los nematodos parásitos le cuestan a las industrias hortícolas y agrícolas más de 78 billones de dólares en el mundo al año, basándose en un promedio estimado del 12 % de pérdida anual, propagados a todos los cultivos principales. Por ejemplo, se estima que los nematodos producen pérdidas de soja de aproximadamente 3,2 billones de dólares anualmente en el mundo (Barker y col., 1994).

Se han proporcionado composiciones, procedimientos y agentes para controlar infestaciones por nematodos de varias formas. Se han intentado procedimientos de control biológico y cultural, que incluyen cuarentenas de plantas, en numerosos casos. En algunos cultivos se han identificado genes de resistencia de las plantas que permiten resistencia o tolerancia a nematodos. Normalmente se han aplicado composiciones químicas tales como nematicidas a la tierra en la que están presentes los nematodos parásitos de las plantas. Sin embargo, hay una necesidad urgente de controles de nematodos seguros y eficaces. Factores referentes a las desventajas de las actuales estrategias de control incluyen importancia fundamental de la sostenibilidad de la agricultura, y nuevas reglamentaciones gubernamentales que puedan prevenir o limitar duramente el uso de muchos agentes antihelmínticos agroquímicos disponibles.

Los agentes químicos son frecuentemente no selectivos, y ejercen sus efectos sobre organismos no diana, alterando eficazmente poblaciones de microorganismos beneficiosos, durante un periodo de tiempo tras la aplicación del agente. Los agentes químicos pueden persistir en el entorno y solo metabolizarse lentamente. Los fumigantes de tierra nematicidas tales como cloropicrina y bromuro de metilo y compuestos relacionados son altamente tóxicos, y el bromuro de metilo se ha identificado como compuesto destructor de ozono. Así, su registro para su uso en los Estados Unidos no se ha renovado. Estos agentes también pueden acumularse en la capa freática o la cadena alimentaria, y en especies de nivel trófico superior. Estos agentes también pueden actuar de mutágenos y/o carcinógenos para producir modificaciones genéticas irreversibles y perjudiciales. Así, cada vez se están estudiando más procedimientos alternativos para el control de nematodos, tales como procedimientos genéticos.

55 El organismo *Caenorhabditis elegans*, un nematodo bacterívoro, es el modelo genético de nematodo más ampliamente estudiado. Bases de datos públicas y privadas contienen una abundancia de información sobre su genética y desarrollo, pero el aplicar prácticamente esta información para el control de nematodos parásitos de las plantas sigue siendo un reto (McCarter y col., 2003; McCarter 2004). Previamente ha sido poco práctico identificar

rutinariamente un gran número de genes diana en nematodos distintos de *C. elegans*, tales como nematodos parásitos de las plantas, para el posterior análisis funcional, por ejemplo, por análisis de iARN. Por tanto, ha existido una necesidad de procedimientos mejorados de identificación de genes diana, cuya supresión de la expresión conduzca a controlar la infestación por nematodos.

5 Muchos genes en *C. elegans* tienen ortólogos en animales metazoarios que incluyen insectos y vertebrados, además de otros nematodos. En los últimos años se ha generado una colección de marcadores de secuencia expresada (EST) enormemente expandidas de más de 30 especies de nematodos parásitos de las plantas y animales (Parkinson y col., 2004). A partir de 2005 había aproximadamente 560.874 secuencias de nucleótidos en Genbank de nematodos distintos de especies de *Caenorhabditis* y están en proceso proyectos públicos para generar
10 secuencias borrador de *Meloidogyne hapla* (nematodo del nudo de la raíz), *Haemonchus contortus* (parásito de ovejas), *Trichinella spiralis* (parásito de seres humanos y otros mamíferos) (430.000 trazas de secuencias enviadas) y *Pristionchus pacificus* (nematodo vivo libre) (149.000 trazas de secuencias enviadas). Los 20.109 EST están disponibles de *Heterodera glycines* que representan porciones de aproximadamente 9.000 genes (véase, por ejemplo, la solicitud de patente de EE.UU. nº de serie 11/360.355 presentada el 23 de febrero de 2006). Se espera
15 que genes conservados retengan frecuentemente las mismas funciones o funciones muy similares en diferentes nematodos. Esta equivalencia funcional se ha demostrado en algunos casos transformando *C. elegans* con genes homólogos de otros nematodos (Kwa y col., 1995; Redmond y col., 2001). Tal equivalencia se ha mostrado en comparaciones de filios cruzados para genes conservados y se espera que sea más robusta entre especies dentro de un filo.

20 La interferencia por ARN (iARN) es un procedimiento que utiliza rutas celulares endógenas, por lo que un gen diana específico para ARN bicatenario (ARNbc) produce la degradación del ARNm de interés. En los últimos años, la iARN se ha usado para realizar la "inactivación" de genes en varias especies y sistemas experimentales, del nematodo *C. elegans*, a plantas, a embriones de insecto y células en cultivo de tejido (Fire y col., 1998; Martínez y col., 2002; McManus y Sharp, 2002). La iARN funciona mediante una ruta endógena que incluye el complejo de la proteína Dicer que genera ARN interferente pequeño (ARNip) de ~21 nucleótidos a partir del ARNbc original y el complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC) que usa guías de ARNip para reconocer y degradar los ARNm correspondientes. Solo transcritos complementarios al ARNip se escinden y degradan, y así la inactivación de la
25 expresión del ARNm es normalmente específica para secuencia. El efecto del silenciamiento de genes de iARN persiste durante días y, bajo condiciones experimentales, puede conducir a una disminución en la abundancia del transcrito elegido como diana del 90 % o más, con disminución consecuente en los niveles de la proteína correspondiente.

La supresión de genes mediada por ARNbc por iARN puede lograrse en *C. elegans* alimentando, remojando los nematodos en disoluciones que contienen moléculas de ARN bicatenario o interferente pequeño, y por inyección de las moléculas de ARNbc (Kamath y col., 2001; Maeda y col., 2001). Se han realizado varios sondeos a gran escala
35 de genes de *C. elegans* por iARN de manera que la información de inactivación de iARN esté disponible para >90 % de los genes de *C. elegans* (Gonczy y col., 2000; Fraser y col., 2000; Piano y col., 2000; Maeda y col., 2001; Kamath y col., 2003; Simmer y col., 2003; Ashrafi y col., 2003; Sonnichsen y col., 2005).

Hasta la fecha solo existe información técnica o de patentes publicada limitada sobre la supresión de genes mediada por iARN en nematodos parásitos de las plantas, en la que las moléculas bicatenarias (ARNbc) o interferentes
40 pequeñas (ARNip) se recogen de medios de crecimiento artificiales (*in vitro*) o de tejido vegetal (*in planta*). Se ha observado que la iARN funciona en varios nematodos parásitos que incluyen los parásitos de las plantas *Heterodera glycines* y *Globodera pallida* (Urwin y col., 2002; publicaciones de EE.UU. 2004/0098761; 2003/0150017; 2003/0061626 y 2004/0133943; Fairbairn y col., 2005), *Meloidogyne javanica* (documento WO2005/019408), y los parásitos de mamífero *Nippostrongylus brasiliensis* (Hussein y col., 2002), *Brugia malayi* (Aboobaker y col., 2003) y
45 *Onchocerca volvulus* (Lustigman y col., 2004). Se ha sugerido la producción de ARNbc específico para parásito en células vegetales como una estrategia directa para el control de nematodos parásitos de las plantas que incluye el nematodo quístico de la soja, *Heterodera glycines* (por ejemplo, Fire y col., 1998; publicaciones de EE.UU. 2004/0098761 y 2005/0188438; documento WO 03/052110). La publicación de EE.UU. 2006/0037101 describe el uso de secuencias de *H. glycines*, tales como de *pas5*, para modular la expresión génica de NQS. Sin embargo, no
50 se ha informado de ningún procedimiento sistemático para identificar genes de nematodos diana para su uso en tales estrategias, y solo se han propuesto un número limitado de genes de nematodos parásitos de las plantas como posibles dianas para estudios de supresión de genes mediada por iARN.

Breve descripción de las figuras

55 FIG. 1: Sistema de clasificación del fenotipo de iARN de *C. elegans*.
FIG. 2: Resultados de estudios de alimentación de iARN de P0 de *C. elegans*.
FIG. 3A-3D: Lista de las 300 dianas principales de genes de *H. glycines* basándose en ortólogos de *C. elegans*.

Sumario de la invención

La presente invención se refiere a composiciones y procedimientos para controlar enfermedades producidas por nematodos parásitos de las plantas. La presente invención proporciona composiciones de ácido nucleico a modo de

ejemplo que son homólogas a al menos una porción de una o más secuencias de ácidos nucleicos nativas en un nematodo parásito de las plantas diana. En ciertas realizaciones, el nematodo está seleccionado de *Heterodera sp.*, *Meloidogyne sp.*, *Globodera sp.*, *Helicotylenchus sp.*, *Ditylenchus sp.*, *Pratylenchus sp.*, *Paratylenchus sp.*, *Rotylenchus sp.*, *Tylenchulus sp.*, *Tylenchorhynchus sp.*, *Hoplolaimus sp.*, *Belonolaimus sp.*, *Anguina sp.*, *Subanguina sp.* y *Nacobbus sp.* En particular, el nematodo puede ser una *Heterodera sp.*, tal como *H. glycines*. Ejemplos específicos de tales ácidos nucleicos proporcionados por la invención se facilitan en el listado adjunto de secuencias como SEC ID N°: 1920. Así, en un aspecto, la invención proporciona un polinucleótido que comprende una primera, una segunda y una tercera secuencia de polinucleótidos, en el que la primera secuencia de polinucleótidos está seleccionada de:

10 (a) un fragmento de al menos 21 nucleótidos contiguos de una secuencia de ácidos nucleicos de SEC ID N°: 1920, en el que la captación por un nematodo parásito de las plantas de una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria que comprende al menos una hebra que es complementaria a dicho fragmento inhibe el crecimiento de dicho nematodo y

15 (b) un complemento de la secuencia de (a), en el que la tercera secuencia de polinucleótidos está enlazada a la primera secuencia de polinucleótidos por la segunda secuencia de polinucleótidos, y en la que la tercera secuencia de polinucleótidos es sustancialmente el complemento inverso de la primera secuencia de polinucleótidos de forma que la primera y tercera secuencias de polinucleótidos se hibridan cuando se transcriben en un ácido ribonucleico para formar una molécula de ribonucleótido bicatenario estabilizada por la segunda secuencia de ribonucleótidos enlazada,

20 en el que el polinucleótido está operativamente ligado a un promotor heterólogo. En otro aspecto más, la invención proporciona este polinucleótido aislado definido adicionalmente como comprendido de un vector de transformación de plantas. Como se usa en el presente documento, la captación por un nematodo parásito de las plantas incluye ingestión de una o más secuencias por el nematodo, por ejemplo, por alimentación. En realizaciones no limitantes específicas, la captación puede lograrse poniendo en contacto un nematodo parásito de las plantas con una composición que comprende uno o más ácidos nucleicos según la invención. Por ejemplo, la captación también puede lograrse remojando los nematodos parásitos de las plantas con una disolución que comprende el (los) ácido(s) nucleico(s).

30 La invención también se refiere a una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria producida a partir de la expresión del polinucleótido anterior, en el que la captación de dicha secuencia de ribonucleótidos por un nematodo parásito de las plantas inhibe el crecimiento de dicho nematodo. La invención proporciona además una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria producida preparando una secuencia de polinucleótidos recombinante que comprende una primera, una segunda y una tercera secuencia de polinucleótidos, en la que la primera secuencia de polinucleótidos comprende un polinucleótido aislado, cuya captación por un nematodo parásito de las plantas inhibe el crecimiento, alimentación o desarrollo de dicho nematodo, en el que la tercera secuencia de polinucleótidos está enlazada a la primera secuencia de polinucleótidos por la segunda secuencia de polinucleótidos, y en el que la tercera secuencia de polinucleótidos es sustancialmente el complemento inverso de la primera secuencia de polinucleótidos de forma que la primera y tercera secuencias de polinucleótidos se hibridan cuando se transcriben en un ácido ribonucleico para formar la molécula de ribonucleótido bicatenario estabilizada por la segunda secuencia de ribonucleótidos enlazada. La inhibición del crecimiento de nematodos, alimentación o desarrollo puede llevarse a cabo inhibiendo la expresión de una secuencia de nucleótidos en el nematodo parásito de las plantas que es sustancialmente complementaria a la secuencia del primer polinucleótido.

45 La invención proporciona además un vector de transformación de plantas que comprende la secuencia de nucleótidos anteriormente mencionada, en el que la secuencia está operativamente ligada a un vector heterólogo funcional en una célula vegetal, y a células transformadas con el vector. Las células pueden ser procariotas o eucariotas. En particular, pueden ser células vegetales. También se contemplan plantas y semillas derivadas de tales células vegetales transformadas. La invención proporciona además un producto de materias primas producido a partir de una planta tal, en el que dicho producto de materias primas comprende una cantidad detectable del polinucleótido anterior o un ribonucleótido expresado a partir del mismo. También se contemplan procedimientos para producir un producto de materias primas tal, obteniéndose tales plantas transformadas y preparando alimentos o pienso a partir de ellas. En particular, el alimento o pienso se define como aceite, comida, proteína, almidón, harina o forraje.

50 La invención también se refiere a procedimientos para controlar una población de un nematodo parásito de las plantas, tal como *H. glycines*, que comprende proporcionar un agente que comprende una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria que funciona tras ser captada por el nematodo para inhibir una función biológica dentro de dicho nematodo, en los que

(i) el agente comprende un fragmento de al menos 21 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos de SEC ID N°: 1920 o complementos de la misma; o

60 (ii) dichas secuencias de polinucleótidos presentan del 95 al 100 % de identidad de secuencias de nucleótidos a lo largo de al menos de 19 a 25 nucleótidos contiguos con una secuencia codificante derivada de dicho nematodo y se hibrida con una segunda secuencia de polinucleótidos que es complementaria a dicha primera secuencia de polinucleótidos, y en el que dicha secuencia codificante derivada de dicho nematodo es SEC ID N°:

1920 o complementos de la misma.

5 La invención también se refiere a un procedimiento de control de una población de nematodos parásitos de las plantas que comprende proporcionar en la planta huésped de un nematodo parásito de las plantas una célula vegetal transformada que expresa la secuencia de polinucleótidos anterior, en el que el polinucleótido se expresa para producir un ácido ribonucleico bicatenario que funciona tras ser captado por el nematodo parásito de las plantas para inhibir la expresión de una secuencia diana dentro de dicho nematodo y produce disminución del crecimiento del nematodo o población de nematodos, con respecto al crecimiento en un huésped que carece de la célula vegetal transformada.

10 La invención proporciona además un procedimiento de reducción del número de sitios de alimentación de *Heterodera* establecidos en el tejido de raíz de una planta huésped, que comprende proporcionar en la planta huésped de *Heterodera sp.* una célula vegetal transformada que expresa la secuencia de polinucleótidos anterior, en el que el polinucleótido se expresa para producir un ácido ribonucleico bicatenario que funciona tras ser captado por *Heterodera sp.* para inhibir la expresión de una secuencia diana dentro de dicho nematodo y produce una disminución en el número de sitios de alimentación establecidos, con respecto al crecimiento en un huésped que carece de la célula vegetal transformada.

15 La invención se refiere además a un procedimiento de control de la infestación por la plaga de nematodos de planta en una planta que comprende proporcionar en la dieta de una plaga de nematodos de planta un ARNbc que comprende:

- 20 a) una secuencia de nucleótidos sentido; y
b) una secuencia de nucleótidos antisentido complementaria a dicha secuencia de nucleótidos sentido,

en el que dicha secuencia de nucleótidos sentido comprende la primera secuencia de nucleótidos como se ha definido anteriormente.

25 La presente invención también se refiere a un procedimiento de mejora del rendimiento de un cultivo producido a partir de una planta de cultivo sometida a infección por nematodos parásitos de las plantas o mejora de la tolerancia a la sequía, comprendiendo dicho procedimiento las etapas de: a) introducir el polinucleótido anterior en dicha planta de cultivo; b) cultivar la planta de cultivo para permitir la expresión de dicho polinucleótido, en el que la expresión de dicho polinucleótido inhibe la infección por nematodos parásitos de las plantas o crecimiento y pérdida de rendimiento debido a la infección por nematodos parásitos de las plantas o mejora la tolerancia a la sequía. En particular, la planta de cultivo puede ser soja (*Glycine max*) y el nematodo parásito de las plantas es un nematodo tilénquido tal como *H. glycines*.

30 La invención proporciona adicionalmente un procedimiento de modulación de la expresión de un gen diana en una célula de nematodo parásito de las plantas, comprendiendo el procedimiento: (a) transformar una célula vegetal con un vector que comprende una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un ARNbc de SEC ID N°: 1920, operativamente ligado a un promotor y una secuencia de terminación de la transcripción, en el que dicho ARNbc inhibe la función del polipéptido que tiene la secuencia de SEC ID N°: 1920; (b) cultivar la célula vegetal transformada en condiciones suficientes para permitir el desarrollo de un cultivo de células vegetales que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas; (c) cultivar la célula vegetal transformada en condiciones suficientes para permitir el desarrollo de un cultivo de células vegetales que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas; (d) seleccionar células vegetales transformadas que han integrado la secuencia de ácidos nucleicos en sus genomas; (e) cribar las células vegetales transformadas para la expresión del ARNbc codificado por la secuencia de ácidos nucleicos; y (f) seleccionar una célula vegetal que expresa el ARNbc. También pueden regenerarse plantas a partir de tales células vegetales. En particular, "modular la expresión" puede comprender inhibir la expresión.

Descripción detallada de la invención

45 Lo siguiente es una descripción detallada de la invención proporcionada para ayudar a aquellos expertos en la materia en la práctica de la presente invención.

50 La presente invención proporciona procedimientos y composiciones para el control genético de infestaciones por nematodos parásitos de las plantas. También se proporcionan procedimientos para identificar genes esenciales para el ciclo vital de un nematodo parásito de las plantas para su uso como diana para el control mediado por ARNbc de una población de nematodos. Los vectores de plásmido de ADN que codifican moléculas de ARNbc se diseñan para suprimir genes de nematodos esenciales para el crecimiento y desarrollo. Por ejemplo, la presente invención proporciona procedimientos y tecnologías de ADN recombinante para reprimir o inhibir pos-transcripcionalmente la expresión de una secuencia codificante diana en un nematodo parásito de las plantas para proporcionar un efecto protector que permite que el nematodo parásito de las plantas ingiera una o más moléculas de ácido ribonucleico (ARN) bicatenario o interferente pequeño transcritas de toda o una porción de una secuencia codificante diana, controlando así la infección. Por tanto, la presente invención se refiere a la inhibición específica para secuencia de la expresión de secuencias codificantes usando ARN bicatenario (ARNbc), que incluye ARN interferente pequeño (ARNip), para lograr los niveles previstos del control de nematodos.

Un procedimiento de inhibición de la función de genes diana dentro del nematodo quístico de la soja patógeno de las plantas, *Heterodera glycines*, también se proporciona por la presente invención, y puede llevarse a cabo por interferencia por ARN, produciendo la alteración del ciclo vital del patógeno. Genes diana óptimos para la alteración incluyen genes esenciales para el ciclo vital en los que la alteración produce alta muerte por penetración de las poblaciones de parásitos o “muerte genética” bloqueando la reproducción con daño por alimentación mínimo a la planta, reducción en el número de sitios de alimentación establecidos y mínimos gusanos que escapan viables que alcanzan la siguiente generación. Otro aspecto de la presente invención proporciona los ácidos nucleicos de cada uno de los 300 genes diana predichos que son esenciales para el crecimiento y/o desarrollo de *H. glycines* (FIG 3). Las características usadas para predecir tales dianas incluyen ortología con genes de *C. elegans* conocidos con fenotipos de interferencia por ARN fuertes y reproducibles, y patrón de expresión en *H. glycines*.

En otro aspecto más de la presente invención se proporciona un conjunto de secuencias de nucleótidos aisladas y purificadas como se exponen en SEC ID N°: 1920. La presente invención proporciona una molécula de ARNbc estabilizada para la expresión de uno o más ARN para la inhibición de la expresión de un gen diana en un nematodo parásito de las plantas, expresado a partir de estas secuencias y fragmentos de las mismas. Un ARNbc estabilizado, que incluye una molécula de ARNbc o ARNip, puede comprender al menos dos secuencias codificantes que están dispuestas en una orientación sentido y una antisentido con respecto a al menos un promotor, en el que la secuencia de nucleótidos que comprende una hebra codificante y una hebra no codificante están enlazadas o conectadas por una secuencia espaciadora de al menos de cinco a mil nucleótidos, en el que la hebra codificante y la hebra no codificante puede ser de una longitud diferente, y en el que cada una de las dos secuencias codificantes comparte al menos el 80 % de identidad de secuencias, al menos el 90 %, al menos el 95 %, al menos el 98 %, o el 100 % de identidad de secuencias, con una cualquiera o más secuencias de nucleótidos expuestas en SEC ID N°: 1920.

En otro aspecto más, la invención proporciona construcciones de ADN recombinante que comprenden una molécula de ácido nucleico que codifica una molécula de ARNbc descrita en el presente documento. El ARNbc puede formarse por transcripción de una hebra de la molécula de ARNbc de una secuencia de nucleótidos que es al menos del 80 % al 100 % idéntica a una secuencia de nucleótidos SEC ID N°: 1920. Tales construcciones de ADN recombinante pueden definirse como que producen moléculas de ARNbc que pueden inhibir la expresión de gen(es) diana endógeno(s) en una célula de nematodo parásito de las plantas tras la ingestión. La construcción puede comprender una secuencia de nucleótidos de la invención operativamente ligada a una secuencia promotora que funciona en la célula huésped, tal como una célula vegetal. Un promotor tal puede ser específico para tejido y puede, por ejemplo, ser específico para un tipo de tejido que es el objeto del ataque de los nematodos parásitos de las plantas. En el caso de un patógeno de la raíz o foliar, respectivamente, por ejemplo, puede desearse usar un promotor que proporciona expresión preferida por la raíz u hoja, respectivamente.

Las construcciones de ácidos nucleicos según la invención puede comprender al menos una secuencia de nucleótidos que no se produce naturalmente que pueda transcribirse en un ARN monocatenario que pueda formar una molécula de ARNbc *in vivo* mediante hibridación intermolecular. Tales secuencias de ARNbc se auto-ensamblan y pueden proporcionarse en la fuente de nutrición de un nematodo parásito de las plantas para lograr la inhibición deseada.

Una construcción de ADN recombinante puede comprender dos secuencias que no se producen naturalmente diferentes que, cuando se expresan *in vivo* como secuencias de ARNbc y se proporcionan en los tejidos de la planta huésped de un nematodo parásito de las plantas, inhiben la expresión de al menos dos genes diana diferentes en el nematodo parásito de las plantas. En ciertas realizaciones, al menos 2, 3, 4, 5, 6, 8 ó 10 o más ARNbc diferentes se producen en una célula o planta que comprende la célula, que tienen un efecto inhibitorio de nematodos. Los ARNbc pueden expresarse a partir de múltiples construcciones introducidas en diferentes eventos de transformación o podrían introducirse en una única molécula de ácido nucleico. Los ARNbc pueden expresarse usando un único promotor o múltiples promotores. En una realización de la invención se producen ARNbc individuales que comprenden ácidos nucleicos homólogos a múltiples sitios dentro de un nematodo parásito de las plantas.

En otro aspecto más, la invención proporciona una célula huésped recombinante que tiene en su genoma al menos una secuencia de ADN recombinante que se transcribe para producir al menos una molécula de ARNbc que funciona cuando se ingiere por un nematodo parásito de las plantas para inhibir la expresión de un gen diana en el nematodo. La molécula de ARNbc puede codificarse por cualquiera de los ácidos nucleicos descritos en el presente documento y como se expone en el listado de secuencias. La presente invención también proporciona una célula vegetal transformada que tiene en su genoma al menos una secuencia de ADN recombinante descrita en el presente documento. También se proporcionan plantas transgénicas que comprenden una célula vegetal transformada tal, que incluyen plantas de progenie de cualquier generación, semillas y productos vegetales, comprendiendo cada uno el ADN recombinante. Las moléculas de ARNbc de la presente invención pueden encontrarse en la célula vegetal transgénica, por ejemplo, en el citoplasma. También pueden encontrarse en un espacio apoplástico.

La invención también proporciona una o más secuencias de estabilización, o “pinzas”, que puede estar sin relacionar con el gen de interés. Una pinza comprende preferentemente una región rica en GC que sirve para estabilizar termodinámicamente la molécula de ARNbc, y puede aumentar el silenciamiento de genes.

Adicionalmente se proporciona por la invención un fragmento de una secuencia de ácidos nucleicos SEC ID N°: 1920. El fragmento puede definirse como que causa la muerte, inhibición del crecimiento o cese de la infección o alimentación por un nematodo parásito de las plantas, cuando se expresa como un ARNbc y es captado por el nematodo. El fragmento puede comprender, por ejemplo, al menos 19, 21, 23, 25, 40, 60, 80, 100, 125 o más nucleótidos contiguos de SEC ID N°: 1920, o un complemento de los mismos. Un segmento de ADN beneficioso para su uso en la presente invención tiene al menos de 19 a 23, o 23 a 100 nucleótidos, pero menos de 2000 nucleótidos, de longitud. Serán particularmente útiles las secuencias de ARNbc que incluyen 23 a 300 nucleótidos homólogos a una secuencia diana de nematodos. La invención también proporciona un ácido ribonucleico expresado de cualquiera de tales secuencias que incluyen un ARNbc. Una secuencia seleccionada para su uso en la expresión de un agente de supresión génica puede construirse a partir de una única secuencia derivada de una o más especies de nematodos parásitos de las plantas diana y prevista para su uso en la expresión de un ARN que funciona en la supresión de un único gen o familia de genes en el uno o más patógenos diana, o que la secuencia de ADN puede construirse como una quimera a partir de una pluralidad de secuencias de ADN.

En otra realización, la invención proporciona un procedimiento de modulación de la expresión de un gen diana en una célula de nematodo, comprendiendo el procedimiento: (a) transformar una célula vegetal con un vector que comprende una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un ARNbc operativamente ligado a un promotor y una secuencia de terminación de la transcripción; (b) cultivar la célula vegetal transformada en condiciones suficientes para permitir el desarrollo de un cultivo de células vegetal que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas; (c) seleccionar células vegetales transformadas que han integrado el vector en sus genomas; (d) cribar las células vegetales transformadas para la expresión del ARNbc codificado por el vector; (e) seleccionar una célula vegetal que expresa el ARNbc; (f) opcionalmente regenerar una planta a partir de la célula vegetal que expresa el ARNbc; por lo que la expresión del gen en la planta es suficiente para modular la expresión de un gen diana en una célula de un nematodo parásito de las plantas que se pone en contacto con la planta o célula vegetal transformada. La modulación de la expresión génica puede incluir supresión parcial o completa de tal expresión.

En otro aspecto más, la invención proporciona un procedimiento de supresión de la expresión génica en un nematodo parásito de las plantas, que comprende la provisión en el tejido del huésped del nematodo de una cantidad supresora de genes de al menos una molécula de ARNbc transcrita de una secuencia de nucleótidos como se describe en el presente documento, al menos un segmento de la cual es complementario a una secuencia de ARNm dentro de las células del nematodo parásito de las plantas. El procedimiento puede comprender además observar la muerte o inhibición del crecimiento del nematodo parásito de las plantas, y el grado de la sintomatología del huésped. Una molécula de ARNbc, que incluye su forma modificada tal como una molécula de ARNip, ingerida por un microorganismo patógeno según la invención puede ser al menos el 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o el 100 % idéntica a una molécula de ARN transcrita de una secuencia de nucleótidos SEC ID N°: 1920.

Por tanto, se proporcionan moléculas de ácidos nucleicos aisladas y sustancialmente purificadas que incluyen, pero no se limitan a, secuencias de nucleótidos que no se producen naturalmente y construcciones de ADN recombinante para transcribir moléculas de ARNbc de la presente invención, que suprimen o inhiben la expresión de una secuencia codificante endógena o una secuencia codificante diana en el nematodo parásito de las plantas cuando se introduce en el mismo. También se contemplan plantas transgénicas que (a) contienen secuencias de nucleótidos que codifican las moléculas de ácidos nucleicos aisladas y sustancialmente purificadas y las construcciones de ADN recombinante que no se producen naturalmente para transcribir las moléculas de ARNbc para controlar infecciones por nematodos parásitos de las plantas, y (b) muestran resistencia y/o tolerancia potenciada a las infecciones. También están incluidas composiciones que contienen las secuencias de nucleótidos de ARNbc de la presente invención para su uso en aplicaciones tóxicas sobre plantas o sobre animales o en el entorno de un animal para lograr la eliminación o reducción de la infección por nematodos parásitos de las plantas.

Las secuencias de ADNc que codifican proteínas o partes de proteínas esenciales para la supervivencia, tales como las secuencias de aminoácidos que participan en diversas rutas bioquímicas metabólicas o catabólicas, división celular, reproducción, metabolismo de la energía y digestión pueden seleccionarse para su uso en preparar moléculas de ARN bicatenario que van a proporcionarse en la planta huésped de un nematodo parásito de las plantas. Como se describe en el presente documento, la ingestión de composiciones por un organismo diana que contiene uno o más ARNbc, al menos un segmento del cual se corresponde con al menos un segmento de ARN sustancialmente idéntico producido en las células del patógeno diana, puede producir la muerte u otra inhibición de la diana. Estos resultados indican que una secuencia de nucleótidos, tanto ADN como ARN, derivada de un nematodo parásito de las plantas puede usarse para construir células vegetales resistentes a la infestación por el nematodo. La planta huésped del nematodo, por ejemplo, puede transformarse para contener una o más de las secuencias de nucleótidos derivadas del nematodo que se proporcionan en el presente documento. La secuencia de nucleótidos transformada en el huésped puede codificar uno o más ARN que se forman en una secuencia de ARNbc en las células o fluidos biológicos dentro del huésped transformado, proporcionando así el ARNbc si/cuando el nematodo parásito de las plantas forma/e una relación nutritiva con el huésped transgénico. Esto puede producir la supresión de la expresión de uno o más genes en las células del nematodo parásito de las plantas y, por último lugar, muerte o inhibición de su crecimiento o desarrollo.

La presente invención se refiere, en general, al control genético de nematodos parásitos de las plantas en

organismos huésped. Más particularmente, la presente invención incluye procedimientos para la administración de agentes de control de nematodos a nematodos parásitos de las plantas. Tales agentes de control producen, directamente o indirectamente, una alteración en la capacidad del nematodo parásito de las plantas para alimentarse, crecer o de otro modo producir enfermedad en un huésped diana. La presente invención proporciona en una realización un procedimiento que comprende la administración de moléculas de ARNbc estabilizadas a nematodos parásitos de las plantas como un medio para la supresión de genes elegidos como diana en el nematodo parásito de las plantas, consiguiendo así el control deseado de la enfermedad de la planta en el nematodo huésped.

En cumplimiento de lo anterior, la presente invención proporciona un procedimiento para inhibir la expresión de un gen diana en un nematodo parásito de las plantas, produciendo el cese del crecimiento, desarrollo, reproducción y/o alimentación, y eventualmente puede producir la muerte del nematodo parásito de las plantas. El procedimiento comprende en una realización introducir moléculas de nucleótidos de ARN bicatenario (ARNbc) parciales o completamente estabilizadas, que incluyen sus formas modificadas tales como secuencias de ARN interferente pequeño (ARNip), en una composición nutritiva para el nematodo parásito de las plantas, y proporcionar la composición nutritiva o fuente de alimento para el nematodo parásito de las plantas. La ingestión de la composición nutritiva que contiene las moléculas bicatenarias o de ARNip produce la captación de las moléculas por las células del nematodo, produciendo la inhibición de la expresión de al menos un gen diana en las células del nematodo. La inhibición del gen diana ejerce un efecto perjudicial sobre el nematodo. Los procedimientos y composiciones asociadas pueden usarse para limitar o eliminar infección o parasitismo de una planta o célula vegetal por un nematodo, en o sobre cualquier tejido huésped o entorno en el que el nematodo esté presente proporcionando una o más composiciones que comprenden las moléculas de ARNbc descritas en el presente documento en el huésped del nematodo.

En ciertas realizaciones, las moléculas de ARNbc proporcionadas por la invención comprenden secuencias de nucleótidos complementarias a una secuencia como se expone en SEC ID N°: 1920, cuya inhibición en un nematodo parásito de las plantas produce la reducción o eliminación de una proteína o agente de secuencia de nucleótidos que es esencial para el crecimiento y desarrollo de nematodos u otra función biológica. La secuencia de nucleótidos seleccionada puede presentar del 80 % al 100 % de identidad de secuencias con las secuencias de nucleótidos de SEC ID N°: 1920, que incluyen el complemento de las mismas. Tal inhibición puede describirse como específica porque se elige una secuencia de nucleótidos de una porción del gen diana de la que se transcribe el ARNbc o ARNip inhibidor. El procedimiento es eficaz en inhibir la expresión de al menos un gen diana y puede usarse para inhibir muchos tipos diferentes de genes diana en el nematodo parásito de las plantas.

Las secuencias identificadas como que tienen un efecto protector de nematodos pueden expresarse fácilmente como moléculas de ARNbc mediante la creación de construcciones de expresión apropiadas. Por ejemplo, tales secuencias pueden expresarse como una estructura de horquilla y de tallo y lazo tomando un primer segmento correspondiente a una secuencia de SEC ID N°: 1920, o un fragmento de la misma, enlazando esta secuencia con una segunda región espaciadora de segmento que no es homóloga o complementaria al primer segmento, y enlazando ésta con un tercer segmento que transcribe un ARN, en el que al menos una porción del tercer segmento es sustancialmente complementaria al primer segmento. Una construcción tal forma una estructura de tallo y lazo por hibridación del primer segmento con el tercer segmento y se forma una estructura de lazo que comprende el segundo segmento (documentos WO94/01550, WO98/05770, US 2002/0048814 y US 2003/0018993). El ARNbc puede generarse, por ejemplo, en forma de una estructura bicatenaria tal como una estructura de tallo y lazo (por ejemplo, horquilla), por lo que la producción de ARNip elegido como diana por una secuencia de nematodos se potencia por co-expresión de un fragmento del gen elegido como diana, por ejemplo, en una casete expresable en planta adicional, que conduce a la producción de ARNip potenciada, o reduce la metilación para prevenir el silenciamiento de genes transcripcionales del promotor de la horquilla de ARNbc (por ejemplo, el documento WO05/019408).

Los procedimientos y composiciones de la presente invención pueden aplicarse a cualquier planta monocotiledónea y dicotiledónea, dependiendo del control de patógeno (por ejemplo, nematodo) deseado. Ejemplos de tales plantas incluyen, sin limitación, plantas de alfalfa, alcachofa, espárrago, cebada, judías, remolacha, brócoli, col, canola, zanahoria, yuca, coliflor, maíz, algodón, pepino, uva, avena, cebolla, guisante, cacahuete, patata, arroz, centeno, sorgo, soja, espinaca, calabaza alargada, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, tabaco, tomate, hierba de césped y trigo.

Nematodos parásitos de plantas ejemplares de los que las plantas pueden protegerse por la presente invención, y sus plantas correspondientes, incluyen, pero no se limitan a: alfalfa: *Ditylenchus dipsaci*, *Meloidogyne hapla*, *Meloidogyne incognita*, *Meloidogyne javanica*, *Pratylenchus spp.*, *Paratylenchus spp.*, *Xiphinema spp.*; banana: *Radopholus similis*, *Helicotylenchus multicinctus*, *M. incognita*, *M. arenaria*, *M. javanica*, *Pratylenchus coffeae*, *Rotylenchulus reniformis*; judías y guisantes: *Meloidogyne spp.*, *Heterodera spp.*, *Belonolaimus spp.*, *Helicotylenchus spp.*, *Rotylenchulus reniformis*, *Paratrichodorus anemones*, *Trichodorus spp.*; yuca: *Rotylenchulus reniformis*, *Meloidogyne spp.*; cereales: *Anguina tritici* (almidonero, centeno, trigo de espelta), *Bidera avenae* (avena, trigo), *Ditylenchus dipsaci* (centeno, avena), *Subanguina radicola* (avena, cebada, trigo, centeno), *Meloidogyne naasi* (cebada, trigo, centeno), *Pratylenchus spp.* (avena, trigo, cebada, centeno), *Paratylenchus spp.* (trigo), *Tylenchorhynchus spp.* (trigo, avena); garbanzos: *Heterodera cajani*, *Rotylenchulus reniformis*, *Hoplolaimus seinhorsti*, *Meloidogyne spp.*, *Pratylenchus spp.*; cítricos: *Tylenchulus semipenetrans*, *Radopholus similis*,

Radopholus citrophilus, *Hemicycliophora arenaria*, *Pratylenchus* spp., *Meloidogyne* spp., *Bolonolaimus longicaudatus*, *Trichodorus* spp., *Paratrichodorus* spp., *Xiphinema* spp.; trébol: *Meloidogyne* spp., *Heterodera trifolii*; maíz: *Pratylenchus* spp., *Paratrichodorus minor*, *Longidorus* spp., *Hoplolaimus columbus*; algodón: *Meloidogyne incognita*, *Belonolaimus longicaudatus*, *Rotylenchulus reniformis*, *Hoplolaimus galeatus*, *Pratylenchus* spp., *Tylenchorhynchus* spp., *Paratrichodorus minor*; uvas: *Xiphinema* spp., *Pratylenchus vulnus*, *Meloidogyne* spp., *Tylenchulus semipenetrans*, *Rotylenchulus reniformis*; céspedes: *Pratylenchus* spp., *Longidorus* spp., *Paratrichodorus christiei*, *Xiphinema* spp., *Ditylenchus* spp.; cacahuete: *Pratylenchus* spp., *Meloidogyne hapla*, *Meloidogyne arenaria*, *Criconemella* spp., *Belonolaimus longicaudatus*; guisante paloma: *Heterodera cajani*, *Rotylenchulus reniformis*, *Hoplolaimus seinhorsti*, *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp.; patata: *Globodera rostochiensis*, *Globodera pallida*, *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp., *Trichodorus primitivus*, *Ditylenchus* spp., *Paratrichodorus* spp., *Nacobbus aberrans*; arroz: *Aphelenchoides besseyi*, *Ditylenchus angustus*, *Hirschmanniella* spp., *Heterodera oryzae*, *Meloidogyne* spp.; frutos pequeños: *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp., *Xiphinema* spp., *Longidorus* spp., *Paratrichodorus christiei*, *Aphelenchoides* spp.; soja: *Heterodera glycines*, *Meloidogyne incognita*, *Meloidogyne javanica*, *Belonolaimus* spp., *Hoplolaimus columbus*; remolacha azucarera: *Heterodera schachtii*, *Ditylenchus dipsaci*, *Meloidogyne* spp., *Nacobbus aberrans*, *Trichodorus* spp., *Longidorus* spp., *Paratrichodorus* spp.; caña de azúcar: *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp., *Radopholus* spp., *Heterodera* spp., *Hoplolaimus* spp., *Helicotylenchus* spp., *Scutellonema* spp., *Belonolaimus* spp., *Tylenchorhynchus* spp., *Xiphinema* spp., *Longidorus* spp., *Paratrichodorus* spp.; tabaco: *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp., *Tylenchorhynchus claytoni*, *Globodera tabacum*, *Trichodorus* spp., *Xiphinema americanum*, *Ditylenchus dipsaci*, *Paratrichodorus* spp.; y tomate: *Pratylenchus* spp., *Meloidogyne* spp.

La invención también proporciona combinaciones de procedimientos y composiciones para controlar la infección por nematodos parásitos de las plantas. Un medio proporciona un procedimiento de ARNbc como se describe en el presente documento para proteger plantas de nematodos parásitos de las plantas junto con uno o más agentes químicos que presentan características diferentes de aquellas presentadas por los procedimientos de ARNbc y composiciones, y pueden interferir con el crecimiento o desarrollo de nematodos.

A. Composiciones y construcciones de ácido nucleico

La invención proporciona construcciones de ADN recombinante para su uso en conseguir la transformación estable de dianas huésped particulares. Las dianas huésped transformadas pueden expresar niveles eficaces de moléculas de ARNbc o de ARNip preferidas a partir de las construcciones de ADN recombinante. Pueden proporcionarse pares de secuencias de nucleótidos aisladas y purificadas de información de bibliotecas de ADNc y/o bibliotecas genómicas. Los pares de secuencias de nucleótidos pueden derivarse de cualquier nematodo para su uso como cebadores de la amplificación térmica para generar las moléculas de ARNbc y de ARNip de la presente invención.

Como se usa en el presente documento, el término “ácido nucleico” se refiere a un polímero mono o bicatenario de bases de desoxirribonucleótidos o ribonucleótidos leídas del extremo 5' al 3'. El “ácido nucleico” también puede contener opcionalmente bases de nucleótidos que no se producen naturalmente o alteradas que permiten la correcta lectura por una polimerasa y no reducen la expresión de un polipéptido codificado por ese ácido nucleico. El término “secuencia de nucleótidos” o “secuencia de ácidos nucleicos” se refiere a tanto las hebras codificantes como no codificantes de un ácido nucleico como cualquier hebra única individual o en el dúplex. El término “ácido ribonucleico” (ARN) es inclusivo de iARN (ARN inhibidor), ARNbc (ARN bicatenario), ARNip (ARN interferente pequeño), ARNm (ARN mensajero), miARN (micro-ARN), ARNt (ARN de transferencia, tanto cargado como sin cargar con un aminoácido correspondiente acilado) y ARNc (ARN complementario), y el término “ácido desoxirribonucleico” (ADN) incluye ADNc y ADN genómico e híbridos de ADN-ARN. La palabras “segmento de ácido nucleico”, “segmento de la secuencia de nucleótidos”, o más generalmente “segmento”, se entenderán por aquellos expertos en la materia en término funcional que incluye tanto secuencias genómicas, secuencias de ARN ribosómico, secuencias de ARN de transferencia, secuencias de ARN mensajero, secuencias de operones como secuencias de nucleótidos manipuladas más pequeñas que expresan o pueden adaptarse para expresar proteínas, polipéptidos o péptidos.

Según la invención se proporcionan secuencias de nucleótidos cuya expresión produce una secuencia de ARN que es sustancialmente homóloga a toda o parte de una molécula de ARN de un gen elegido como diana en un nematodo parásito de las plantas que comprende una secuencia de ARN codificada por una secuencia de nucleótidos dentro del genoma del nematodo. Así, después de la ingestión de la secuencia de ARN estabilizada, la regulación por disminución de la secuencia de nucleótidos del gen diana en las células del nematodo parásito de las plantas puede obtenerse produciendo un efecto perjudicial sobre el crecimiento, viabilidad, proliferación o reproducción del nematodo.

Como se usa en el presente documento, el término “sustancialmente homólogo” u “homología sustancial”, con referencia a una secuencia de ácidos nucleicos, incluye una secuencia de nucleótidos que se hibrida bajo condiciones rigurosas con la secuencia codificante de SEC ID N°: 1920, como se expone en el listado de secuencias, o los complementos de la misma. Secuencias que se hibridan bajo condiciones rigurosas o los complementos de la misma son aquellos que permiten que tenga lugar un alineamiento antiparalelo entre las dos secuencias, y entonces las dos secuencias son capaces, bajo condiciones rigurosas, de formar enlaces de hidrógeno con bases correspondientes en la cadena opuesta para formar una molécula dúplex que es

suficientemente estable bajo las condiciones rigurosas para ser detectable usando procedimientos muy conocidos en la técnica. Secuencias sustancialmente homólogas tienen preferentemente del 70 % al 80 % de identidad de secuencias, o más preferentemente del 80 % al 85 % de identidad de secuencias, o lo más preferible del 90 % al 95 % de identidad de secuencias, al 99 % de identidad de secuencias, con las secuencias de nucleótidos referentes como se expone en SEC ID N°: 1920, en el listado de secuencias, o los complementos de la misma.

Como se usa en el presente documento, el término "ortólogo" se refiere a un gen en dos o más especies que se ha desarrollado a partir de una secuencia de nucleótidos ancestral común y puede retener la misma función en las dos o más especies.

Como se usa en el presente documento, el término "identidad de secuencias", "similitud de secuencias" u "homología" se usan para describir relaciones de secuencias entre dos o más secuencias de nucleótidos. El porcentaje de "identidad de secuencias" entre dos secuencias se determina comparando dos secuencias óptimamente alineadas con una ventana de comparación, en el que la porción de la secuencia en la ventana de comparación puede comprender adiciones o deleciones (es decir, huecos) con respecto a la secuencia de referencia (que no comprende adiciones o deleciones) para el alineamiento óptimo de las dos secuencias. El porcentaje se calcula determinando el número de posiciones en las que la base de ácido nucleico idéntica o residuo de aminoácido se produce en ambas secuencias dando el número de posiciones coincidentes, dividiendo el número de posiciones coincidentes entre el número total de posiciones en la ventana de comparación, y multiplicando el resultado por 100 para dar el porcentaje de identidad de secuencias. Una secuencia que es idéntica en cada posición en comparación con una secuencia de referencia se dice que es idéntica a la secuencia de referencia y viceversa. Una primera secuencia de nucleótidos cuando se observa en la dirección de 5' a 3' se dice que es un "complemento" de, o complementaria a, una segunda secuencia de nucleótidos o de referencia observada en la dirección de 3' a 5' si la primera secuencia de nucleótidos presenta complementariedad completa con la segunda secuencia o de referencia. Como se usa en el presente documento, se dice que las moléculas de la secuencia de ácidos nucleicos presentan "complementariedad completa" cuando cada nucleótido de una de las secuencias leída de 5' a 3' es complementario a cada nucleótido de la otra secuencia cuando se lee de 3' a 5'. Una secuencia de nucleótidos que es complementaria a una secuencia de nucleótidos de referencia presentará una secuencia idéntica a la secuencia de complemento inversa de la secuencia de nucleótidos de referencia. Estos términos y descripciones están bien definidos en la materia y son fácilmente entendidos por aquellos expertos habituales en la materia.

Como se usa en el presente documento, una "ventana de comparación" se refiere a un segmento conceptual de al menos 6 posiciones contiguas, normalmente 50 a 100, más normalmente 100 a 150, en las que una secuencia se compara con una secuencia de referencia del mismo número de posiciones contiguas después de que las dos secuencias estén óptimamente alineadas. La ventana de comparación puede comprender adiciones o deleciones (es decir, huecos) del 20 % o menos con respecto a la secuencia de referencia (que no comprende adiciones o deleciones) para el alineamiento óptimo de las dos secuencias. Aquellos expertos en la materia deben referirse a los procedimientos detallados usados para el alineamiento de secuencias en Wisconsin Genetics Software Package Release 7.0, Genetics Computer Group, 575 Science Drive Madison, Wis., EE.UU.) o se refieren a Ausubel y col., (1998) para una discusión detallada del análisis de secuencias.

La presente invención proporciona secuencias de ADN que pueden expresarse como un ARN en una célula o microorganismo para inhibir la expresión de genes diana en una célula, tejido u órgano de un nematodo parásito de las plantas. Las secuencias comprenden una molécula de ADN que codifica una o más secuencias de nucleótidos diferentes, en las que cada una de las diferentes secuencias de nucleótidos comprende una secuencia de nucleótidos sentido y una secuencia de nucleótidos antisentido. Las secuencias pueden estar conectadas por una secuencia espaciadora que codifica una molécula de ARNbc de la presente invención. La secuencia espaciadora puede constituir parte de la secuencia de nucleótidos sentido o la secuencia de nucleótidos antisentido y se forma dentro de la molécula de ARNbc entre las secuencias sentido y antisentido. La secuencia de nucleótidos sentido o la secuencia de nucleótidos antisentido es sustancialmente idéntica a la secuencia de nucleótidos del gen diana o un derivado del mismo o una secuencia complementaria al mismo. La molécula de ADNbc puede ponerse operativamente bajo el control de una secuencia promotora que funciona en la célula, tejido u órgano del huésped que expresa el ADNbc para producir moléculas de ARNbc. En una realización, la secuencia de ADN puede derivarse de una secuencia de nucleótidos como se expone en SEC ID N°: 1920, en el listado de secuencias.

La invención también proporciona una secuencia de ADN para la expresión en una célula de una planta que, tras la expresión del ADN a ARN e ingestión por un nematodo parásito de las plantas, consigue la supresión de un gen diana en una célula, tejido u órgano de un nematodo parásito de las plantas. El ARNbc puede comprender una o múltiples secuencias de genes estructurales, en las que cada una de las secuencias de genes estructurales comprende una secuencia de nucleótidos sentido y una secuencia de nucleótidos antisentido que pueden estar conectadas por una secuencia espaciadora que forma un lazo dentro de las secuencias complementarias y antisentido. La secuencia de nucleótidos sentido o la secuencia de nucleótidos antisentido es sustancialmente idéntica a la secuencia de nucleótidos del gen diana, derivado del mismo, o secuencia complementaria al mismo. La una o más secuencias de genes estructurales pueden ponerse operativamente bajo el control de una o más secuencias promotoras, al menos una de las cuales es operable en la célula, tejido u órgano de un organismo procarionota o eucariota, particularmente una célula vegetal. Se conocen procedimientos para expresar una molécula de supresión de genes en plantas (por ejemplo, el documento WO06073727; publicación de EE.UU. 2006/0200878),

y puede usarse para expresar una secuencia de nucleótidos de la presente invención.

Una secuencia o fragmento de gen para el control de nematodos parásitos de las plantas según la invención puede clonarse entre dos promotores específicos para tejido, tales como dos promotores específicos para raíz que son operables en una célula vegetal transgénica y se expresan en el interior para producir ARNm en la célula vegetal transgénica que forman moléculas de ARNbc con ella. Ejemplos de promotores específicos para raíz se conocen en la técnica (por ejemplo, el promotor RB7 inducido por nematodos; patente de EE.UU. 5.459.252; Opperman y col., 1994). Las moléculas de ARNbc contenidas en tejidos vegetales son ingeridas por un nematodo parásito de las plantas de manera que se logre la supresión prevista de la expresión de genes diana.

El promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor, un promotor fuerte arquetípico común en aplicaciones en plantas transgénicas, o un promotor relacionado tal como el promotor E35S o FMV, pueden emplearse para accionar los genes de resistencia a nematodos, particularmente para nematodos quísticos (véase el Ejemplo 8). También se han identificado promotores que dirigen la expresión génica en estructuras de alimentación inducidas por nematodos dentro de una planta (por ejemplo, Gheysen y Fenoll, 2002). Así, puede utilizarse un promotor identificado de entre genes que se expresan reproduciblemente en sitios de alimentación. Ejemplos de genes regulados por incremento en sitios de alimentación (sincitios) formados por nematodos incluyen Hs1pro-1 (Thurau y col., 2003), AtSUC2 normalmente expresado en células acompañantes (Juergensen y col., 2003), At17.1 expresado en tejidos vasculares y puntas de la raíz (Mazarei y col., 2004), FGAM sintasa (fosforribosilformil-glicinamida sintasa) (Vaghchhipawala y col., 2004) y ABI3 (De Meutter y col., 2005), entre otros. Los sincitios formados en respuesta a nematodos quísticos se han descrito como simplásticamente aislados que carecen de plasmodesmos para tejidos circundantes (Bockenhoff y Grundler 1994; Bockenhoff y col., 1996), sin embargo, se ha mostrado que macromoléculas de hasta 30 kD pueden moverse de las células acompañantes del floema al sincitio (Hoth y col., 2005). Por tanto, la expresión génica en el floema también puede ser adecuada para la administración de moléculas efectoras a los sitios de alimentación.

Una secuencia de nucleótidos proporcionada por la presente invención puede comprender una repetición invertida separada por una "secuencia espaciadora". La secuencia espaciadora puede ser una región que comprende cualquier secuencia de nucleótidos que facilita la formación de la estructura secundaria entre cada repetición, donde esto se requiera. En una realización de la presente invención, la secuencia espaciadora es parte de la secuencia codificante sentido o antisentido para ARNm. La secuencia espaciadora puede comprender alternativamente cualquier combinación de nucleótidos u homólogos de los mismos que pueda enlazarse covalentemente con una molécula de ácido nucleico. La secuencia espaciadora puede comprender, por ejemplo, una secuencia de nucleótidos de al menos 10-100 nucleótidos de longitud, o alternativamente al menos 100-200 nucleótidos de longitud, al menos 200-400 nucleótidos de longitud, o al menos 400-500 nucleótidos de longitud.

Las moléculas de ácidos nucleicos o fragmentos de las moléculas de ácidos nucleicos u otras moléculas de ácidos nucleicos en el listado de secuencias pueden hibridarse específicamente con otras moléculas de ácidos nucleicos en ciertas circunstancias. Como se usa en el presente documento, dos moléculas de ácidos nucleicos se dice que son capaces de hibridarse específicamente con otra si las dos moléculas pueden formar una estructura de ácido nucleico bicatenaria antiparalela. Se dice que una molécula de ácido nucleico es el complemento de otra molécula de ácido nucleico si presentan complementariedad completa. Se dice que dos moléculas son "mínimamente complementarias" si pueden hibridarse con otra con suficiente estabilidad para permitir que sigan hibridadas entre sí bajo al menos condiciones de "baja rigurosidad" convencionales. Similarmente, se dice que las moléculas son complementarias si pueden hibridarse entre sí con estabilidad suficiente para permitir que sigan hibridadas entre sí bajo condiciones convencionales de "alta rigurosidad". Condiciones de rigurosidad convencionales se describen por Sambrook y col., (1989), y por Haymes y col., (1985).

Por tanto, son permisibles desviaciones de la complementariedad completa, en tanto que tales desviaciones no excluyan completamente la capacidad de las moléculas para formar una estructura bicatenaria. Así, con el fin de que una molécula de ácido nucleico o un fragmento de la molécula de ácido nucleico sirva de cebador o sonda, necesita ser solo suficientemente complementaria en secuencia para poder formar una estructura bicatenaria estable bajo el disolvente particular y las concentraciones de sales empleadas.

Condiciones de rigurosidad apropiadas que promueven la hibridación de ADN, por ejemplo, 6,0 x cloruro sódico/citrato de sodio (SSC) a 45 °C, seguido de un lavado de 2,0 x SSC a 50 °C, son conocidas para aquellos expertos en la materia o pueden encontrarse en Current Protocols in Molecular Biology (1989). Por ejemplo, la concentración de sales en la etapa de lavado puede seleccionarse de una baja rigurosidad de 2,0 x SSC a 50 °C a una alta rigurosidad de 0,2 x SSC a 50 °C. Además, la temperatura en la etapa de lavado puede aumentarse de condiciones de baja rigurosidad a temperatura ambiente, 22 °C, a condiciones de alta rigurosidad a 65 °C. Puede variarse tanto la temperatura como la sal, o tanto la temperatura como la concentración de sales pueden mantenerse constante mientras que se cambia la otra variable. Un ácido nucleico para su uso en la presente invención puede hibridarse específicamente con una o más moléculas de ácidos nucleicos de un nematodo o complementos de las mismas bajo tales condiciones. Preferentemente, un ácido nucleico para su uso en la presente invención presentará al menos a partir del 80 %, o al menos a partir del 90 %, o al menos a partir del 95 %, o al menos a partir del 98 % o incluso del 100 % de identidad de secuencias con una o más moléculas de ácidos nucleicos como se expone en SEC ID N°: 1920, en el listado de secuencias.

Los ácidos nucleicos de la presente invención también pueden sintetizarse, tanto completamente como en parte, especialmente si se desea proporcionar secuencias preferidas para plantas, mediante procedimientos conocidos en la técnica. Así, toda o una porción de los ácidos nucleicos de la presente invención pueden sintetizarse usando codones preferidos por un huésped seleccionado. Codones preferidos para especies pueden determinarse, por ejemplo, a partir de los codones usados más frecuentemente en las proteínas expresadas en una especie de huésped particular. Otras modificaciones de las secuencias de nucleótidos pueden producir mutantes que tienen actividad ligeramente alterada. Las secuencias de nucleótidos de ARNbc o de ARNip comprenden hebras dobles de ribonucleótido polimerizado y pueden incluir modificaciones a tanto el esqueleto fosfato-azúcar como el nucleósido. Las modificaciones en la estructura de ARN pueden confeccionarse para permitir inhibición genética específica. En una realización, las moléculas de ARNbc pueden modificarse mediante un proceso enzimático de manera que puedan generarse moléculas de ARNip. El ARNip puede mediar eficazmente en el efecto de regulación por disminución para algunos genes diana en algunos patógenos. Este proceso enzimático puede llevarse a cabo utilizando una enzima RNAsa III o una enzima DICER, presente en las células de un insecto, un animal vertebrado, un hongo o una planta en la ruta de iARN eucariota (Elbashir y col., 2001; Hamilton y Baulcombe, 1999). Este proceso también puede utilizar una DICER o RNAsa III recombinante introducida en las células de un insecto diana mediante técnicas de ADN recombinante que son fácilmente conocidas para el experto en la materia. Tanto la enzima DICER como RNAsa III, que se producen naturalmente en un patógeno o que se preparan mediante técnicas de ADN recombinante, escinden hebras de ARNbc más grandes en oligonucleótidos más pequeños. Las enzimas DICER cortan específicamente las moléculas de ARNbc en trozos de ARNip siendo cada uno de 19-25 nucleótidos de longitud mientras que las enzimas RNAsa III normalmente escinden las moléculas de ARNbc en ARNip de 12-15 pares de bases. Las moléculas de ARNip producidas por cualquiera de las enzimas tienen 2 a 3 nucleótidos protuberantes en 3', y extremos fosfato en 5' e hidroxilo de 3'. Las moléculas de ARNip generadas por la enzima RNAsa III son las mismas que aquellas producidas por enzimas Dicer en la ruta de iARN eucariota y, por tanto, son elegidas como diana y degradadas por un mecanismo de degradación de ARN celular inherente después de desenrollarse posteriormente, separarse en ARN monocatenario e hibridarse con las secuencias de ARN transcritas por el gen diana. Este procedimiento produce la eficaz degradación o eliminación de la secuencia de ARN codificada por la secuencia de nucleótidos del gen diana en el patógeno. El resultado es el silenciamiento de una secuencia de nucleótidos particularmente elegida como diana dentro del patógeno. Descripciones detalladas de procesos enzimáticos pueden encontrarse en Hannon (2002).

Una secuencia de nucleótidos de la presente invención puede grabarse en medios legibles por ordenador. Como se usa en el presente documento, "medios legibles por ordenador" se refiere a cualquier medio tangible de expresión que pueda leerse y al que pueda accederse directamente por un ordenador. Tales medios incluyen, pero no se limitan a: medios de almacenamiento magnético tales como disquetes, disco duro, medio de almacenamiento y cinta magnética; medios de almacenamiento ópticos tales como CD-ROM; medios de almacenamiento eléctrico tales como RAM y ROM; archivos de ordenador formateados de reconocimiento óptico de caracteres, e híbridos de estas categorías tales como medios de almacenamiento magnético/óptico. Un experto puede apreciar fácilmente que cualquiera de los medios legibles por ordenador presentemente conocidos puede usarse para crear una fabricación que comprende medio legible por ordenador que tiene grabado en él una secuencia de nucleótidos de la presente invención.

Como se usa en el presente documento, "grabado" se refiere a un procedimiento de guardar información en el medio legible por ordenador. Un experto puede adoptar fácilmente cualquiera de los procedimientos presentemente conocidos para grabar información en el medio legible por ordenador para generar medios que comprenden la información de la secuencia de nucleótidos de la presente invención. Una variedad de estructuras de almacenamiento de datos están disponibles para un experto para crear un medio legible por ordenador que tiene grabado en él una secuencia de nucleótidos de la presente invención. La elección de la estructura de almacenamiento de datos se basará generalmente en el medio elegido para acceder a la información grabada. Además, puede usarse una variedad de programas y formatos de procesadores de datos para guardar la información de la secuencia de nucleótidos de la presente invención en el medio legible por ordenador. La información de secuencia puede representarse en un archivo de texto de procesamiento por palabras, formateado en software comercialmente disponible tal como WordPerfect y Microsoft Word, o representarse en forma de un archivo de texto ASCII, guardado en una aplicación de base de datos, tal como DB2, Sybase u Oracle. El experto puede adaptar fácilmente cualquier número de formatos de estructuración de procesadores de datos (por ejemplo, archivo de texto o base de datos) con el fin de obtener medio legible por ordenador que tenga grabado en él la información de la secuencia de nucleótidos de la presente invención.

Está públicamente disponible software informático que permite que un experto acceda a la información de secuencia proporcionada en un medio legible por ordenador. Puede usarse software que implementa los algoritmos de búsqueda BLAST (Altschul y col., 1990) y BLAZE (Brutlag y col., 1993) en un sistema Sybase para identificar marcos de lectura abiertos (ORF) dentro de secuencias tales como Unigenes y EST que se proporcionan en el presente documento y que contienen homología con ORF o proteínas de otros organismos. Tales ORF son fragmentos que codifican proteínas dentro de las secuencias de la presente invención y son útiles en la producción de proteínas comercialmente importantes tales como enzimas usadas en la biosíntesis de aminoácidos, metabolismo, transcripción, traducción, procesamiento de ARN, ácido nucleico y una degradación de proteínas, modificación de proteínas y replicación, restricción, modificación, recombinación y reparación de ADN.

La presente invención proporciona además sistemas, particularmente sistemas basados en ordenador, que contienen la información de secuencia descrita en el presente documento. Tales sistemas se diseñan para identificar fragmentos comercialmente importantes de la molécula de ácido nucleico de la presente invención. Como se usa en el presente documento, "un sistema basado en ordenador" se refiere al medio de hardware, medio de software y medio de almacenamiento de datos usado para analizar la información de la secuencia de nucleótidos de la presente invención. El medio de hardware mínimo de los sistemas basados en ordenador de la presente invención comprende una unidad de procesamiento central (CPU), medios de entrada, medios de salida y medios de almacenamiento de datos. Un experto puede apreciar fácilmente que uno cualquiera del sistema basado en ordenador actualmente disponible es adecuado para su uso en la presente invención.

Como se usa en el presente documento, "un motivo estructural diana" o "motivo diana" se refiere a cualquier secuencia racionalmente seleccionada o combinación de secuencias en las que las secuencias o secuencia(s) se eligen basándose en una configuración tridimensional que se forma tras el plegamiento del motivo diana. Hay una variedad de motivos diana conocidos en la técnica. Los motivos diana de proteína incluyen, pero no se limitan a, sitios activos enzimáticos y secuencias señal. Los motivos diana de ácido nucleico incluyen, pero no se limitan a, secuencias promotoras, elementos en cis, estructuras de horquilla y elementos de expresión inducibles (secuencias de unión de proteína).

B. Vectores recombinantes y transformación de células huésped

Un vector de ADN recombinante puede ser, por ejemplo, un plásmido circular lineal o cerrado. El sistema de vector puede ser un único vector o plásmido o dos o más vectores o plásmidos que juntos contienen el ADN total que va a introducirse en el genoma del huésped bacteriano. Además, un vector bacteriano puede ser un vector de expresión. Moléculas de ácidos nucleicos como se exponen en SEC ID N°: 1920, o fragmentos de las mismas, pueden, por ejemplo, insertarse adecuadamente en un vector bajo el control de un promotor adecuado que funciona en uno o más huéspedes microbianos para accionar la expresión de una secuencia codificante ligada u otra secuencia de ADN. Muchos vectores están disponibles para este fin, y la selección del vector apropiado dependerá principalmente del tamaño del ácido nucleico que va a insertarse en el vector y la célula huésped particular que va a transformarse con el vector. Cada vector contiene diversos componentes dependiendo de su función (amplificación de ADN o expresión de ADN) y la célula huésped particular con la que es compatible. Los componentes de vector para transformación bacteriana generalmente incluyen uno o más de los siguientes: una secuencia señal, un origen de replicación, uno o más genes de marcadores de selección y un promotor inducible que permite la expresión de ADN exógeno.

Los vectores de expresión y de clonación generalmente contienen un gen de selección, también denominado un marcador de selección. Este gen codifica una proteína necesaria para la supervivencia o crecimiento de células huésped transformadas cultivadas en un medio de cultivo selectivo. Genes de selección típicos codifican proteínas que (a) confieren resistencia a antibióticos u otras toxinas, por ejemplo, ampicilina, neomicina, metotrexato o tetraciclina, (b) complementan deficiencias auxotróficas, o (c) suministran nutrientes críticos no disponibles de medios complejos, por ejemplo, el gen que codifica D-alanina racemasa para bacilos. Aquellas células que se transforman satisfactoriamente con una proteína heteróloga o fragmento de la misma producen una proteína que confiere resistencia a fármacos y así sobreviven la pauta de selección.

Un vector de expresión para producir un ARNm también puede contener un promotor inducible que es reconocido por un organismo huésped bacteriano y está operativamente ligado al ácido nucleico. Promotores inducibles adecuados para su uso con huéspedes bacterianos incluyen promotor de β -lactamasa, promotores P_L y P_R del fago λ de *E. coli* y promotor de galactosa de *E. coli*, promotor de arabinosa, promotor de fosfatasa alcalina, promotor de triptófano (*trp*), y el promotor del operón de lactosa y variaciones de los mismos y promotores híbridos tales como el promotor *tac*. Sin embargo, son adecuados otros promotores inducibles bacterianos conocidos.

El término "operativamente ligada", como se usa en referencia a una secuencia reguladora y una secuencia de nucleótidos estructural, significa que la secuencia reguladora produce expresión regulada de la secuencia de nucleótidos estructural ligada. "Secuencias reguladoras" o "elementos de control" se refiere a secuencias de nucleótidos localizadas en la dirección 5' (secuencias no codificantes de 5'), dentro de, o en la dirección 3' (secuencias no traducidas de 3') de una secuencia de nucleótidos estructural, y que influyen en el momento correcto y nivel o cantidad de transcripción, procesamiento o estabilidad de ARN, o traducción de la secuencia de nucleótidos estructural asociada. Las secuencias reguladoras pueden incluir promotores, secuencias conductoras de la traducción, intrones, potenciadores, estructuras de tallo-lazo, secuencias de unión a represor y secuencias de reconocimiento de la poliadenilación.

La construcción de vectores adecuados que contienen uno o más de los componentes anteriormente enumerados emplea técnicas de ADN recombinante convencionales. Los plásmidos o fragmentos de ADN aislados se escinden, se confeccionan y se religan en la forma deseada para generar los plásmidos requeridos. Ejemplos de vectores de expresión bacterianos disponibles incluyen los vectores de clonación y expresión multifuncionales de *E. coli* tales como Bluescript™ (Stratagene, La Jolla, CA) en los que, por ejemplo, un ácido nucleico, o fragmento del mismo, mostrado en la FIG. 3 puede ligarse en el vector en marco con secuencias para la Met del extremo amino y los 7 residuos posteriores de β -galactosidasa de manera que se produzca una proteína híbrida; y vectores pIN (Van Heeke y Schuster, 1989).

La presente invención también contempla la transformación de una secuencia de nucleótidos de la presente invención en una planta para lograr niveles de expresión inhibidores de nematodos de una o más moléculas de ARNbc. Un vector de transformación puede prepararse fácilmente usando procedimientos disponibles en la materia. El vector de transformación comprende una o más secuencias de nucleótidos que puede/pueden transcribirse en una molécula de ARN y que es/son sustancialmente homóloga/s y/o complementaria/s a una o más secuencias de nucleótidos codificadas por el genoma del nematodo diana, de forma que tras la captación del ARN transcrito de la una o más secuencias de nucleótidos por el nematodo parásito de las plantas haya regulación por disminución de la expresión de al menos una de las secuencias de nucleótidos respectivas del genoma del nematodo.

El vector de transformación puede llamarse una construcción de ADNbc y también puede definirse como una molécula recombinante, un agente de control de enfermedades, una molécula genética o una construcción genética quimérica. Una construcción genética quimérica de la presente invención puede comprender, por ejemplo, secuencias de nucleótidos que codifican uno o más transcritos antisentido, uno o más transcritos sentido, uno o más de cada uno de los anteriormente mencionados, en los que todo o parte de un transcrito de la misma es homólogo a toda o parte de una molécula de ARN que comprende una secuencia de ARN codificada por una secuencia de nucleótidos dentro del genoma de un patógeno.

En una realización, un vector de transformación de plantas comprende una molécula de ADN aislada y purificada que comprende un promotor heterólogo operativamente ligado a una o más secuencias de nucleótidos de la presente invención. La secuencia de nucleótidos es SEC ID N°: 1920, como se exponen en el listado de secuencias. La secuencia de nucleótidos incluye un segmento que codifica todo o parte de un ARN presente dentro de un transcrito de ARN de nematodo elegido como diana y puede comprender repeticiones invertidas de toda o una parte de un ARN de nematodo elegido como diana. La molécula de ADN que comprende el vector de expresión también puede contener una secuencia de intrón funcional posicionada tanto en la dirección 5' de la secuencia codificante como incluso dentro de la secuencia codificante, y también puede contener una secuencia conductora sin traducir de cinco prima (5') (es decir, una UTR o 5'-UTR) posicionada entre el promotor y el punto de iniciación de la traducción.

Un vector de transformación de plantas puede contener secuencias de más de un gen, permitiendo así la producción de más de un ARNbc para inhibir la expresión de dos o más genes en células de un nematodo diana. Un experto en la materia apreciará fácilmente que segmentos de ADN cuya secuencia se corresponde con la presente en diferentes genes pueden combinarse en un único segmento de ADN compuesto para la expresión en una planta transgénica. Alternativamente, un plásmido de la presente invención que ya contiene al menos un segmento de ADN puede modificarse por la inserción secuencial de segmentos de ADN adicionales entre las secuencias de potenciador y promotor y terminador. En el agente de control de enfermedades de la presente invención diseñado para la inhibición de múltiples genes, los genes que van a inhibirse pueden obtenerse de la misma especie de nematodos parásitos de las plantas con el fin de potenciar la eficacia del agente de control. En ciertas realizaciones, los genes pueden derivarse de diferentes nematodos parásitos de las plantas con el fin de ensanchar el intervalo de nematodos contra los que el (los) agente(s) es (son) eficaz (eficaces). Si se eligen múltiples genes como diana para la supresión o una combinación de expresión y supresión, puede fabricarse un elemento de ADN policistrónico como se ilustra y desvela en la publicación de EE.UU. 2004-0029283.

Promotores que funcionan en diferentes especies de plantas también son muy conocidos en la técnica. Promotores útiles para la expresión de polipéptidos en plantas incluyen aquellos que son inducibles, virales, sintéticos o constitutivos como se describe en Odell y col. (1985), y/o promotores que son temporalmente regulados, espacialmente regulados y espaciotemporalmente regulados. Promotores preferidos incluyen los promotores de CaMV35S potenciados, y el promotor de FMV35S. También puede preferirse un fragmento del promotor de CaMV35S que presenta especificidad por raíz. Con el fin de la presente invención puede ser preferible alcanzar los mayores niveles de expresión de estos genes dentro de los tejidos de raíz de las plantas. Se han identificado varios promotores específicos para raíz y se conocen en la técnica (por ejemplo, patentes de EE.UU. 5.110.732; 5.837.848 y 5.459.252; Hirel y col., 1992).

Un vector o construcción de ADN recombinante de la presente invención puede comprender un marcador de selección que confiere un fenotipo de selección a células vegetales. Los marcadores de selección también pueden usarse para seleccionar plantas o células vegetales que contienen los ácidos nucleicos exógenos que codifican polipéptidos o proteínas de la presente invención. El marcador puede codificar resistencia a biocidas, resistencia a antibióticos (por ejemplo, kanamicina, bleomicina G418, higromicina) o resistencia a herbicidas (por ejemplo, glifosato). Ejemplos de marcadores de selección incluyen, pero no se limitan a, un gen *neo* que codifica resistencia a kanamicina y puede seleccionarse para usar kanamicina, G418; un gen *bar* que codifica resistencia a bialafos; un gen EPSP sintasa mutante que codifica resistencia a glifosato; un gen nitrilasa que confiere resistencia a bromoxinilo; un gen acetolactato sintasa (ALS) mutante que confiere resistencia a imidazolinona o sulfonilurea; y un gen DHFR resistente a metotrexato. Están disponibles múltiples marcadores de selección que confieren resistencia a ampicilina, bleomicina, cloranfenicol, gentamicina, higromicina, kanamicina, lincomicina, metotrexato, fosfotricina, puromicina, espectinomina, rifampicina y tetraciclina. Ejemplos de tales marcadores de selección se ilustran en las patentes de EE.UU. 5.550.318; 5.633.435; 5.780.708 y 6.118.047.

Un vector recombinante o construcción de la presente invención también puede incluir un marcador de selección. Los marcadores de selección pueden usarse para monitorizar la expresión. Marcadores de selección a modo de ejemplo incluyen un gen β -glucuronidasa o *uidA* (GUS) que codifica una enzima para la que se conocen diversos sustratos

cromogénicos (Jefferson y col., 1987); un gen de sitio R, que codifica un producto que regula la producción de pigmentos de antocianina (color rojo) en tejidos vegetales (Dellaporta y col., 1988); un gen β -lactamasa (Sutcliffe y col., 1978), un gen que codifica una enzima para la que se conocen diversos sustratos cromogénicos (por ejemplo, PADAC, una cefalosporina cromogénica); un gen luciferasa (Ow y col., 1986), un gen *xyE* (Zukowsky y col., 1983) que codifica una catecol dioxigenasa que puede convertir catecoles cromogénicos; un gen α -amilasa (Ikata y col., 1990); un gen tirosinasa (Katz y col., 1983) que codifica una enzima que puede oxidar tirosina a DOPA y dopaquinona que a su vez condensa a melanina; una α -galactosidasa, que cataliza un sustrato de α -galactosa cromogénico.

Vectores de transformación de plantas preferidos incluyen aquellos derivados de un plásmido Ti de *Agrobacterium tumefaciens* (por ejemplo, las patentes de EE.UU. nº 4.536.475; 4.693.977; 4.886.937 y 5.501.967; y EP 0122791). Los plásmidos de *Agrobacterium rhizogenes* (o "Ri") también son útiles y conocidos en la técnica. Otros vectores de transformación de plantas preferidos incluyen los desvelados, por ejemplo, por Herrera-Estrella (1983); Bevan (1983), Klee (1985) y el documento EP 0120516.

En general puede preferirse introducir un ADN recombinante funcional en una localización no específica en un genoma de planta. En casos especiales puede ser útil insertar una construcción de ADN recombinante por integración específica para sitio. Existen varios sistemas de recombinación específicos para sitio que son conocidos por implantes funcionales, que incluyen cre-lox como se desvela en la patente de EE.UU. 4.959.317 y FLP-FRT como se desvela en la patente de EE.UU. 5.527.695.

Se cree que los procedimientos adecuados para la transformación de células huésped para su uso con la presente invención incluyen prácticamente cualquier procedimiento por el que el ADN pueda introducirse en una célula (véase, por ejemplo, Miki y col., 1993), tal como por transformación de protoplastos (patente de EE.UU. nº 5.508.184; Omirulleh y col., 1993), por captación de ADN mediada por desecación/inhibición (Potrykus y col., 1985), por electroporación (patente de EE.UU. nº 5.384.253), por agitación con fibras de carburo de silicio (Kaeppeler y col., 1990; patentes de EE.UU. nº 5.302.523 y 5.464.765), por transformación mediada por *Agrobacterium* (patentes de EE.UU. nº 5.563.055; 5.591.616; 5.693.512; 5.824.877; 5.981.840 y 6.384.301) y por aceleración de partículas recubiertas con ADN (patentes de EE.UU. nº 5.015.580; 5.550.318; 5.538.880; 6.160.208; 6.399.861 y 6.403.865; Padgett y col., 1995). Mediante la aplicación de técnicas tales como estas, las células de prácticamente cualquier especie pueden transformarse establemente. En el caso de especies pluricelulares, las células transgénicas pueden regenerarse en organismos transgénicos. El procedimiento más ampliamente utilizado para introducir un vector de expresión en plantas se basa en el sistema de transformación natural de *Agrobacterium* (por ejemplo, Horsch y col., 1985). *A. tumefaciens* y *A. rhizogenes* son bacterias de la tierra patógenas para plantas que transforman genéticamente células vegetales. Los plásmidos Ti y Ri de *A. tumefaciens* y *A. rhizogenes*, respectivamente, llevan genes responsables de la transformación genética de la planta. Descripciones de sistemas de vector de *Agrobacterium* y procedimientos para transferencia génica mediada por *Agrobacterium* se proporcionan por numerosas referencias, que incluyen Gruber y col., 1993; Miki y col., 1993, Moloney y col., 1989, y las patentes de EE.UU. nº: 4.940.838 y 5.464.763. Otras bacterias tales como *Sinorhizobium*, *Rhizobium* y *Mesorhizobium* que interaccionan con plantas naturalmente pueden modificarse para mediar en la transferencia génica a varias plantas diversas. Estas bacterias simbióticas asociadas a plantas pueden hacerse competentes para la transferencia génica por adquisición de tanto un plásmido Ti desarmado como un vector binario adecuado (Broothaerts y col., 2005).

Se conocen procedimientos para la creación de plantas transgénicas y expresión de ácidos nucleicos heterólogos en plantas en particular y pueden usarse con los ácidos nucleicos proporcionados en el presente documento para preparar plantas transgénicas que presentan susceptibilidad reducida a alimentación por un nematodo diana. Los vectores de transformación de plantas pueden prepararse, por ejemplo, insertando los ácidos nucleicos productores de ARNbc desvelados en el presente documento en vectores de transformación de plantas e introduciendo éstos en plantas. Un sistema de vector conocido se ha derivado modificando el sistema de transferencia de genes natural de *Agrobacterium tumefaciens*. El sistema natural comprende grandes plásmidos Ti (inductores de tumores) que contienen un gran segmento, conocidos como T-ADN, que se transfiere a plantas transformadas. Otro segmento del plásmido Ti, la región vir, es responsable de la transferencia de T-ADN. La región de T-ADN está limitada por repeticiones terminales. En los vectores binarios modificados los genes inductores de tumor se han delecionado y las funciones de la región vir se utilizan para transferir ADN extraño limitado por las secuencias de frontera de T-ADN. La región T también puede contener un marcador de selección para la eficaz recuperación de plantas y células transgénicas, y un sitio de clonación múltiple para insertar secuencias para la transferencia tal como un ácido nucleico que codifica ARNbc.

Una planta transgénica formada usando procedimientos de transformación con *Agrobacterium* normalmente contiene una simple secuencia de ADN recombinante individual insertada en un cromosoma y se denomina un evento transgénico. Puede denominarse que tales plantas transgénicas son heterocigóticas para la secuencia exógena insertada. Una planta transgénica homocigótica con respecto a un transgén puede obtenerse apareando sexualmente (autofecundando) una planta transgénica segregante independiente que contiene una única secuencia de genes exógena consigo misma, por ejemplo, una planta F0, para producir semilla F1. Un cuarto de la semilla F1 producida será homocigótica con respecto al transgén. La germinación de la semilla F1 produce plantas que pueden probarse para heterocigosidad, normalmente usando un ensayo de SNP o un ensayo de amplificación térmica que permite la distinción entre heterocigotos y homocigotos (es decir, un ensayo de cigosidad). El cruce de una planta heterocigótica consigo misma u otra planta heterocigótica solo produce progenie heterocigótica.

C. Expresión de ácido nucleico y supresión de genes diana

La presente invención proporciona, como ejemplo, una planta huésped transformada de un organismo diana patógeno, células vegetales transformadas y plantas transformadas y su progenie. Las células vegetales transformadas y plantas transformadas pueden manipularse para expresar una o más de las secuencias de ARNbc o ARNip, bajo el control de un vector heterólogo, descritas en el presente documento para proporcionar un efecto protector para patógenos. Estas secuencias pueden usarse para la supresión génica en un patógeno, reduciendo así el nivel o incidencia de enfermedad producida por el patógeno en un organismo huésped transformado protegido. Como se usa en el presente documento, el término "supresión génica" pretende referirse a cualquiera de los procedimientos muy conocidos para reducir los niveles de proteína producida como resultado de la transcripción génica a ARNm y posterior traducción del ARNm.

La supresión génica también pretende significar la reducción de la expresión de proteínas de un gen o una secuencia codificante que incluye supresión génica pos-transcripcional y supresión transcripcional. La supresión génica pos-transcripcional está mediada por la homología entre todo o una parte de un ARNm transcrito de un gen o secuencia codificante elegida como diana para la supresión y el ARN bicatenario correspondiente usado para la supresión, y se refiere a la reducción sustancial y medible de la cantidad de ARNm disponible en la célula para la unión por ribosomas. El ARN transcrito puede estar en la orientación sentido para efectuar lo que se llama la co-supresión, en la orientación antisentido para efectuar lo que se llama la supresión antisentido, o en ambas orientaciones producir un ARNbc para efectuar lo que se llama interferencia por ARN (iARN). La supresión transcripcional está mediada por la presencia en la célula de un agente de supresión de gen de ARNbc que presenta identidad de secuencias sustancial con una secuencia de ADN promotora o el complemento de la misma para efectuar lo que se denomina supresión *trans* del promotor. La supresión génica puede ser eficaz contra un gen de planta nativo asociado a un rasgo, por ejemplo, para proporcionar plantas con niveles reducidos de una proteína codificada por el gen nativo o con niveles potenciados o reducidos de un metabolito afectado. La supresión génica también puede ser eficaz contra genes diana en un nematodo parásito de las plantas que puede ingerir o ponerse en contacto con material de planta que contiene agentes de supresión génica, específicamente diseñados para inhibir o suprimir la expresión de una o más secuencias homólogas o complementarias en las células del nematodo. La supresión génica pos-transcripcional por ARN orientado antisentido o sentido para regular la expresión génica en células vegetales se desvela en las patentes de EE.UU. n° 5.107.065; 5.759.829; 5.283.184 y 5.231.020. El uso de ARNbc para suprimir genes en plantas se desvela en los documentos WO 99/53050, WO 99/49029, publicaciones de EE.UU. 2003/0175965 y 2003/0061626, solicitud de patente de EE.UU. n° 10/465.800, y las patentes de EE.UU. n° 6.506.559 y 6.326.193.

Un procedimiento beneficioso de supresión génica pos-transcripcional frente a un nematodo parásito de las plantas emplea tanto ARN transcrito orientado sentido como orientado antisentido que se estabiliza, por ejemplo, como una estructura de horquilla y tallo y lazo. Una construcción de ADN preferida para efectuar la supresión génica pos-transcripcional es una en la que un primer segmento codifica un ARN que presenta una orientación antisentido que presenta identidad sustancial con un segmento de un gen elegido como diana para la supresión, que está enlazado con un segundo segmento que codifica un ARN que presenta complementariedad sustancial con el primer segmento. Una construcción tal forma una estructura de tallo y lazo por hibridación del primer segmento con el segundo segmento y una estructura de lazo de las secuencias de nucleótidos que enlazan los dos segmentos (véanse los documentos WO94/01550, WO98/05770, US 2002/0048814 y US 2003/0018993). También puede emplearse co-expresión con un segmento de gen diana adicional, como se observa anteriormente (por ejemplo, el documento WO05/019408).

Según una realización de la presente invención, se proporciona una secuencia de nucleótidos, para la que la expresión *in vitro* produce la transcripción de una secuencia de ARN estabilizada que es sustancialmente homóloga a una molécula de ARN de un gen elegido como diana en un nematodo parásito de las plantas que comprende una secuencia de ARN codificada por una secuencia de nucleótidos dentro del genoma del nematodo. Así, después de que el nematodo parásito de las plantas ingiera la secuencia de ARN estabilizada, se efectúa una regulación por disminución de la secuencia de nucleótidos correspondiente al gen diana en las células de un nematodo diana.

En ciertas realizaciones de la invención puede utilizarse la expresión de un fragmento de al menos 21 nucleótidos contiguos de una secuencia de ácidos nucleicos de SEC ID N°: 1920, que incluye la expresión de un fragmento de hasta 21, 36, 60, 100, 550 ó 1000 nucleótidos contiguos, o secuencias que muestran el 90-100 % de identidad con tales secuencias, o sus complementos. En realizaciones específicas, un nucleótido proporcionado por la invención puede comprender una secuencia seleccionada del grupo descrito en la Tabla 4, que incluye una localización en tal secuencia que engloba los nucleótidos como se describen en la Tabla 4. En todavía otras realizaciones, un nucleótido proporcionado por la invención puede describirse como que comprende uno o más de nucleótidos 1-21, 22-50, 51-100, 101-150, 151-200, 201-250, 251-300, 301-350, 351-400, 401-450, 451-500, 501-550, 551-600, 601-650, 651-700, 701-750, 751-800, 801-850, 851-900, 901-950, 951-1000, 1001-1050, 1051-1100, 1101-1150, 1151-1200, 1201-1250, 1251-1300, 1301-1350, 1351-1400, 1401-1450, 1451-1500, 1501-1550, 1551-1600, 1601-1650, 1651-1700, 1701-1750, 1751-1800, 1801-1850, 1851-1900, 1901-1950, 1951-2000, 2001-2050, 2051-2100, 23-75, 76-125, 126-175, 176-225, 226-275, 276-325, 326-375, 376-425, 426-475, 476-525, 526-575, 576-625, 626-675, 676-725, 726-775, 776-825, 826-875, 876-925, 926-975, 976-1025, 1026-1075, 1076-1125, 1126-1175, 1176-1225, 1226-1275, 1276-1325, 1326-1375, 1376-1425, 1426-1475, 1476-1525, 1526-1575, 1576-1625, 1626-1675, 1676-

1725, 1726-1775, 1776-1825, 1826-1875, 1876-1925, 1926-1975, 1976-2025, 2026-2075, 2076-2125, 1-550, 200-750, 300-850, 400-950, 500-1050, 600-1150, 700-1250, 800-1350, 900-1450, 1000-1550, 1100-1650, 1200-1750, 1300-1850, 1400-1950, 1500-2050, hasta la longitud completa de la secuencia, de SEC ID N°: 1920. Procedimientos para seleccionar sub-secuencias específicas como dianas para supresión génica mediada por ARNip se conocen en la técnica (por ejemplo, Reynolds y col., 2004).

La inhibición de un gen diana usando la tecnología de ARNbc estabilizado de la presente invención es específica para secuencias en las que secuencias de nucleótidos correspondientes a la región de dúplex del ARN son elegidas como diana para la inhibición genética. Para la inhibición se prefiere ARN que contiene una secuencia de nucleótidos idéntica a una parte del gen diana. También se ha encontrado que las secuencias de ARN con inserciones, deleciones y mutaciones puntuales individuales con respecto a la secuencia diana también son eficaces para inhibición. En la realización de la presente invención se prefiere que el ARNbc inhibidor y la porción del gen diana compartan al menos el 80 % de identidad de secuencias, o el 90 % de identidad de secuencias, o el 95 % de identidad de secuencias, o el 99 % de identidad de secuencias, o incluso el 100 % de identidad de secuencias. Alternativamente, la región de dúplex del ARN puede definirse funcionalmente como una secuencia de nucleótidos que puede hibridarse con una parte del gen diana transcrito. Una secuencia de longitud inferior a completa que presenta una mayor homología compensa una secuencia más larga menos homóloga. La longitud de las secuencias de nucleótidos idénticas puede ser al menos 25, 50, 100, 200, 300, 400, 500 o al menos 1000 bases. Normalmente debe usarse una secuencia de más de 20-100 nucleótidos, aunque se preferiría una secuencia de más de 200-300 nucleótidos, y una secuencia de más de 500-1000 nucleótidos sería especialmente preferida dependiendo del tamaño del gen diana. La invención tiene la ventaja de poder tolerar variaciones de secuencia que podrían esperarse debido a mutación genética, polimorfismo de cepas o divergencia evolutiva. La molécula de ácido nucleico introducida puede no necesitar tener homología absoluta, puede no necesitar ser de longitud completa, con respecto a tanto el producto de transcripción primario como al ARNm completamente procesado del gen diana. Por tanto, aquellos expertos en la materia necesitan darse cuenta de que, como se ha desvelado en el presente documento, no se requiere el 100 % de la identidad de secuencias entre el ARN y el gen diana para poner en práctica la presente invención.

La inhibición de la expresión génica diana puede cuantificarse midiendo tanto el ARN diana endógeno como la proteína producida por traducción del ARN diana y las consecuencias de la inhibición pueden confirmarse por examen de las propiedades externas de la célula u organismo. Las técnicas para cuantificar ARN y proteínas son muy conocidas para un experto habitual en la materia. En ciertas realizaciones preferidas, la expresión génica se inhibe al menos el 10 %, preferentemente al menos el 33 %, más preferentemente al menos el 50 %, y todavía más preferentemente al menos el 80 %. En realizaciones particularmente preferidas de la invención, la expresión génica se inhibe al menos el 80%, más preferentemente al menos el 90 %, más preferentemente al menos el 95 %, o por al menos el 99 % dentro de células en el patógeno de manera que tenga lugar una inhibición significativa. Inhibición significativa pretende referirse a la inhibición suficiente que produce un fenotipo detectable (por ejemplo, cese del crecimiento, alimentación, desarrollo, mortalidad) o una disminución detectable en ARN y/o proteína correspondiente al gen diana que se inhibe. Aunque en ciertas realizaciones de la invención la inhibición se produce en sustancialmente todas células del nematodo parásito de las plantas, en otras realizaciones preferidas la inhibición se produce en solo un subconjunto de células que expresan el gen.

Las moléculas de ARNbc pueden sintetizarse tanto *in vivo* como *in vitro*. El ARNbc puede formarse por una única hebra de ARN autocomplementaria o a partir de dos hebras de ARN complementarias. La ARN polimerasa endógena de la célula puede mediar en la transcripción *in vivo*, o puede usarse ARN polimerasa clonada para transcripción *in vivo* o *in vitro*. La inhibición puede elegirse como diana por transcripción específica en un órgano, tejido o tipo de célula; estimulación de una condición medioambiental (por ejemplo, infección, estrés, temperatura, inductores químicos); y/o transcripción por ingeniería en una etapa o edad de desarrollo. Las hebras de ARN pueden o pueden no estar poliadeniladas; las hebras de ARN pueden o pueden no ser capaces de ser traducidas en un polipéptido por un aparato traduccional de células.

Un ARN, ARNbc, ARNip o miARN de la presente invención puede producirse químicamente o enzimáticamente por un experto en la materia mediante reacciones manuales o automatizadas o *in vivo* en otro organismo. El ARN también puede producirse por síntesis orgánica parcial o total; cualquier ribonucleótido modificado puede introducirse por síntesis enzimática u orgánica *in vitro*. El ARN puede sintetizarse por una ARN polimerasa celular o una ARN polimerasa de bacteriófago (por ejemplo, T3, T7, SP6). El uso y producción de una construcción de expresión se conocen en la técnica (véanse, por ejemplo, documento WO 97/32016; patentes de EE.UU. n° 5.593.874, 5.698.425, 5.712.135, 5.789.214 y 5.804.693). Si se sintetiza químicamente o por síntesis enzimática *in vitro*, el ARN puede purificarse antes de la introducción en la célula. Por ejemplo, el ARN puede purificarse de una mezcla por extracción con un disolvente o resina, precipitación, electroforesis, cromatografía, o una combinación de los mismos. Alternativamente, el ARN puede usarse sin o con un mínimo de purificación para evitar pérdidas debidas al procesamiento de muestras. El ARN puede secarse para almacenamiento o disolverse en una disolución acuosa. La disolución puede contener tampones o sales para promover la hibridación, y/o estabilización de las hebras dúplex.

Para la transcripción de un transgén *in vivo* o una construcción de expresión, una región reguladora (por ejemplo, promotor, potenciador, silenciador y poliadenilación) puede usarse para transcribir la hebra (o hebras) de ARN. Por tanto, en una realización, las secuencias de nucleótidos para su uso en producir las moléculas de ARN pueden ligarse operativamente a una o más secuencias de promotores funcionales en un microorganismo, un hongo o una célula

huésped de planta. Idealmente, las secuencias de nucleótidos se colocan bajo el control de un promotor endógeno, normalmente residente en el genoma huésped. La secuencia de nucleótidos de la presente invención, bajo el control de una secuencia de promotor operativamente ligada, puede flanquearse adicionalmente por secuencias adicionales que afectan ventajosamente su transcripción y/o la estabilidad de un transcrito resultante. Tales secuencias se localizan generalmente en la dirección 5' del promotor operativamente ligado y/o en la dirección 3' del extremo 3' de la construcción de expresión y pueden producirse tanto en la dirección 5' del promotor como en la dirección 3' del extremo 3' de la construcción de expresión, aunque también se contempla solo una secuencia tal en la dirección 5'.

Como se usa en el presente documento, el término “agente de control de enfermedades”, o “agente de supresión génica” se refiere a una molécula de ARN particular que consiste en un primer segmento de ARN y un segundo segmento de ARN ligado por un tercer segmento de ARN. El primer y el segundo segmentos de ARN se encuentran dentro de la longitud de la molécula de ARN y son repeticiones sustancialmente invertidas entre sí y están ligados juntos por el tercer segmento de ARN. La complementariedad entre el primer y el segundo segmentos de ARN produce la capacidad de los dos segmentos para hibridarse *in vivo* e *in vitro* para formar una molécula bicatenaria, es decir, un tallo, ligado junto a un extremo de cada uno del primer y segundo segmentos por el tercer segmento que forma un lazo, de manera que la estructura entera forme una estructura de tallo y lazo, o incluso estructuras que se hibridan más estrechamente pueden formar una estructura anudada de tallo-lazo. El primer y el segundo segmentos se corresponden invariablemente y no respectivamente con una secuencia sentido y antisentido con respecto al ARN diana transcrito a partir del gen diana en el patógeno diana que se suprime por la ingestión de la molécula de ARNbc. El agente de control de insectos también puede ser una molécula de ácido nucleico sustancialmente purificada (o aislada) y más específicamente moléculas de ácidos nucleicos o moléculas de fragmentos de ácido nucleico de las mismas de un ADN genómico (ADNg) o biblioteca de ADNc. Alternativamente, los fragmentos pueden comprender oligonucleótidos más pequeños que tienen de 15 a 250 residuos de nucleótidos, y más preferentemente 15 a 30 residuos de nucleótidos.

Como se usa en el presente documento, el término “genoma” como se aplica a células de un nematodo parásito de plantas o un huésped engloba no solo ADN cromosómico encontrado dentro del núcleo, sino ADN de orgánulos encontrado dentro de componentes subcelulares de la célula. Por tanto, el ADN de la presente invención introducido en células vegetales puede estar tanto cromosómicamente integrado como localizado en orgánulos. El término “genoma” como se aplica a bacterias engloba tanto el cromosoma como los plásmidos dentro de una célula huésped bacteriana. Por tanto, el ADN de la presente invención introducido en células huésped bacterianas puede estar tanto cromosómicamente integrado como localizado en plásmidos.

Como se usa en el presente documento, la expresión “nematodo parásito de las plantas” se refiere a aquellos nematodos que pueden infectar, colonizar, parasitar o producir enfermedad en el material de planta huésped transformado a expresar o recubiertos con un agente de supresión génica bicatenario. Como se usa en el presente documento, un rasgo de “resistencia a nematodos” es una característica de una planta transgénica, animal transgénico, u otro huésped transgénico que hace que el huésped sea resistente al ataque de un nematodo que normalmente puede ocasionar daño o pérdida al huésped. Tal resistencia puede producirse a partir de una mutación natural o más normalmente a partir de incorporación de ADN recombinante que confiere resistencia de nematodos parásitos de las plantas. Para conferir resistencia a nematodos a una planta transgénica, un ADN recombinante puede, por ejemplo, transcribirse en un molécula de ARN que forma una molécula de ARNbc dentro de los tejidos o fluidos de la planta recombinante. La molécula de ARNbc comprende en parte un segmento de ARN que es idéntico a un segmento de ARN correspondiente codificado a partir de una secuencia de ADN dentro de un nematodo parásito de plantas que prefiere causar la enfermedad en la planta recombinante. La expresión del gen dentro del nematodo parásito de las plantas diana se suprime por el ARNbc, y la supresión de la expresión del gen en el nematodo parásito de las plantas diana hace que la planta sea resistente al nematodo. Fire y col. (patente de EE.UU. n° 6.506.599) describe genéricamente la inhibición de la infestación de plagas, proporcionando detalles solo sobre varias secuencias de nucleótidos que eran eficaces para la inhibición de la función génica en la especie de nematodos *Caenorhabditis elegans*. Similarmente, el documento US 2003/0061626 describe el uso de ARNbc para inhibir la función génica en una variedad de plagas de nematodos. El documento US 2003/0150017 describe usar secuencias de ADNbc para transformar células huésped para expresar secuencias de ARNbc correspondientes que son sustancialmente idénticas a secuencias diana en plagas específicas, y particularmente describen la construcción de plantas recombinantes que expresan tales secuencias de ARNbc para ingestión por diversos nematodos parásitos de las plantas, facilitando la regulación por disminución de un gen en el genoma del organismo diana y mejorando la resistencia de la planta al nematodo parásito de las plantas.

El efecto modulador del ARNbc es aplicable a una variedad de genes expresados en el nematodo parásito de las plantas que incluye, por ejemplo, genes endógenos responsables del metabolismo celular o transformación celular, que incluye genes de mantenimiento, factores de transcripción, genes relacionados con la muda, y otros genes que codifican polipéptidos que participan en el metabolismo celular o crecimiento y desarrollo normal.

Como se usa en el presente documento, el término “inhibición de la expresión génica” o “inhibir la expresión de un gen diana en la célula de un nematodo parásito de las plantas” se refiere a la ausencia (o disminución observable) en el nivel de proteína y/o producto de ARNm del gen diana. La especificidad se refiere a la capacidad para inhibir el gen diana sin manifestar efectos sobre otros genes de la célula y sin ningún efecto sobre ningún gen dentro de la célula que está produciendo la molécula de ARNbc. La inhibición de la expresión génica del gen diana en los nematodos parásitos de las plantas puede producir rasgos fenotípicos novedosos en el nematodo.

La presente invención proporciona en parte un sistema de administración para la administración de los agentes de control de nematodos por ingestión de células huésped o el contenido de las células. Según otra realización, la presente invención implica generar una célula vegetal transgénica o una planta que contiene una construcción de ADN recombinante que transcribe las moléculas de ARNbc estabilizadas de la presente invención. Como se usa en el presente documento, "captación" se refiere al proceso de que un agente se ponga en contacto con células de un organismo diana, tal como un nematodo. Esto puede producirse, por ejemplo, por alimentación de nematodos, por remojo, o por inyección. Como se usa en el presente documento, el término "generar una célula vegetal o una planta transgénica" se refiere a los procedimientos de emplear las tecnologías de ADN recombinante fácilmente disponibles en la materia (por ejemplo, por Sambrook y col., 1989) para construir un vector de transformación de plantas que transcribe las moléculas de ARNbc estabilizadas de la presente invención, para transformar la célula vegetal o la planta y para generar la célula vegetal transgénica o la planta transgénica que contienen las moléculas de ARNbc estabilizadas transcritas.

Se contempla que las composiciones de la presente invención pueden incorporarse dentro de las semillas de una especie de planta tanto como un producto de expresión de un gen recombinante incorporado en un genoma de las células vegetales, como incorporado en un recubrimiento o tratamiento de semilla que se aplica a la semilla antes de sembrarla. La célula vegetal que contiene un gen recombinante se considera en el presente documento que es un evento transgénico.

La presente invención proporciona en parte un sistema de administración para la administración de agentes de control de enfermedades a nematodos parásitos. Las moléculas de ARNbc o de ARNip estabilizado de la presente invención pueden introducirse directamente en las células de un nematodo parásito de las plantas. Los procedimientos para introducción oral pueden incluir mezcla directa de ARN con tejido del huésped para el nematodo parásito de las plantas, además de enfoques de ingeniería en los que una especie que es un huésped se manipula para expresar el ARNbc o ARNip. En una realización, el ARN puede pulverizarse sobre una superficie de la planta. En todavía otra realización, el ARNbc o ARNip puede expresarse por microorganismos y los microorganismos pueden aplicarse sobre una superficie de la planta o introducirse en una raíz, tallo por un medio físico tal como una inyección. En todavía otra realización, una planta puede manipularse genéticamente para expresar el ARNbc o ARNip en una cantidad suficiente para destruir los nematodos parásitos de las plantas que se sabe que infestan la planta.

También se anticipa que los ARNbc producidos por síntesis química o enzimática pueden formularse de un modo de acuerdo con prácticas agrícolas comunes y usarse como productos de pulverización para controlar enfermedad de la planta. Las formulaciones pueden incluir los adhesivos y humectantes apropiados requeridos para cobertura foliar eficaz, además de protectores de UV para proteger el ARNbc de daño por UV. Tales aditivos se usan comúnmente en la industria de los bioinsecticidas y son muy conocidos para aquellos expertos en la materia. Tales aplicaciones podrían combinarse con otras aplicaciones de insecticidas de pulverización, biológicamente basadas o no, para potenciar la fitoprotección de nematodos parásitos de las plantas.

La presente invención también se refiere a construcciones de ADN recombinante para la expresión en un microorganismo. Ácidos nucleicos exógenos de los que se transcribe un ARN de interés pueden introducirse en una célula microbiana huésped, tal como una célula bacteriana o una célula fúngica, usando procedimientos conocidos en la técnica.

Las secuencias de nucleótidos de la presente invención pueden introducirse en una amplia variedad de huéspedes de microorganismos procariotas y eucariotas para producir las moléculas de ARNbc o de ARNip estabilizado. El término "microorganismo" incluye especies microbianas procariotas y eucariotas tales como bacterias y hongos, además de nematodos. Hongos incluyen levaduras y hongos filamentosos, entre otros. Procariotas ilustrativos, tanto Gram-negativos como Gram-positivos, incluyen *Enterobacteriaceae* tales como *Escherichia*, *Erwinia* y *Serratia*; *Bacillaceae*; *Rhizobiaceae*, tal como *Rhizobium*; *Spirillaceae*, tal como fotobacteria, *Zymomonas*; *Lactobacillaceae*; *Pseudomonadaceae*, tal como *Pseudomonas* y *Acetobacter*; *Azotobacteraceae*, *Actinomycetales* y *Nitrobacteraceae*. Entre los eucariotas están hongos, tales como ficomicetos y ascomicetos, que incluyen *Saccharomyces* y *Schizosaccharomyces*; y basidiomicetos, tales como *Rhodotorula*, *Aureobasidium*.

D. Plantas transgénicas

La presente invención proporciona semillas y plantas que tienen uno o más eventos transgénicos. Combinaciones de eventos se denominan eventos transgénicos "apilados". Estos eventos transgénicos apilados pueden ser eventos que están dirigidos al mismo organismo diana, o pueden estar dirigidos a diferentes patógenos o plagas diana. En una realización, una semilla que tiene la capacidad para expresar un ácido nucleico proporcionado en el presente documento también tiene la capacidad para expresar al menos otro agente que incluye, pero no se limita a, una molécula de ARN cuya secuencia se deriva de la secuencia de un ARN expresado en un patógeno diana tal como un nematodo y que forma una estructura de ARN bicatenario con la expresión en la semilla o células de una planta cultivada a partir de la semilla, en el que la ingestión de una o más células de la planta por la diana produce la supresión de la expresión del ARN en las células de la diana.

En ciertas realizaciones, una semilla que tiene la capacidad para expresar una secuencia de ARNbc que se deriva de un nematodo parásito de las plantas diana también tiene un evento transgénico que proporciona tolerancia a herbicidas.

Un ejemplo beneficioso de un gen de tolerancia a herbicidas proporciona resistencia a glifosato, N-(fosfonometil)glicina, que incluye la forma de sal de isopropilamina de tal herbicida.

Beneficios proporcionados por la presente invención pueden incluir, pero no se limitan a: la facilidad de introducir ARNbc en las células de nematodos parásitos de las plantas, la baja concentración de ARNbc que puede usarse, la estabilidad del ARNbc y la eficacia de la inhibición. La capacidad para usar una baja concentración de un ARNbc estabilizado evita varias desventajas de interferencia antisentido. La presente invención no se limita a uso *in vitro* o a composiciones de secuencia específica, a un conjunto particular de genes diana, una porción particular de la secuencia de nucleótidos del gen diana o un transgén particular o a un procedimiento de administración particular, a diferencia de algunas de las técnicas disponibles conocidas en la técnica, tal como antisentido y co-supresión. Además, la manipulación genética es posible en organismos que no son modelos genéticos clásicos.

Con el fin de lograr la inhibición de un gen diana selectivamente dentro de una especie de nematodos parásitos de las plantas que se desea controlar, el gen diana debe presentar preferentemente un bajo grado de identidad de secuencias con genes correspondientes en una planta o un animal vertebrado. Preferentemente, el grado de la identidad de secuencias es inferior al 80 %. Más preferentemente, el grado de la identidad de secuencias es inferior al 70%. Lo más preferentemente, el grado de la identidad de secuencias es inferior al 60 %.

Además de la transformación directa de una planta con una construcción de ADN recombinante, las plantas transgénicas pueden prepararse cruzando una primera planta que tiene una construcción de ADN recombinante con una segunda planta que carece de la construcción. Por ejemplo, el ADN recombinante para supresión génica puede introducirse en la primera línea de planta que es aceptada para transformación para producir una planta transgénica que puede cruzarse con una segunda línea de planta para introgresar el ADN recombinante para supresión génica en la segunda línea de planta.

La presente invención puede combinarse, en la práctica, con otros rasgos de control de las enfermedades en una planta para lograr rasgos deseados para el control potenciado de enfermedad de las plantas. El combinar los rasgos de control de las enfermedades que emplean distintos modos de acción puede proporcionar plantas transgénicas protegidas con superior durabilidad con respecto a plantas que alojan un único rasgo de control debido a la reducida probabilidad de que la resistencia se desarrolle en el campo.

La invención también se refiere a productos de materias primas que contienen una o más de las secuencias de la presente invención, y se producen a partir de una planta o semilla recombinante que contiene una o más de las secuencias de nucleótidos de la presente invención, se contemplan específicamente como realizaciones de la presente invención. Un producto de materia prima que contiene una o más de las secuencias de la presente invención está previsto que incluya, pero no se limita a, harinas, aceites, granos molidos o enteros o semillas de una planta, o cualquier producto alimenticio que comprenda cualquier harina, aceite o grano molido o entero de una planta o semilla recombinante que contiene una o más de las secuencias de la presente invención. La detección de una o más de las secuencias de la presente invención en una o más materias primas o los productos de materias primas contemplados en el presente documento es de hecho una prueba de que la materia prima o producto de materia prima está compuesto por una planta transgénica diseñada para expresar una o más de las secuencias de nucleótidos de la presente invención con el fin de controlar enfermedad de la planta usando procedimientos de supresión génica mediada por ARNbc.

E. Obtención de ácidos nucleicos

La presente invención proporciona procedimientos de obtención de un ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótidos para producir un ARNbc o ARNip. En una realización, un procedimiento tal comprende: (a) analizar uno o más genes diana para su expresión, función y fenotipo tras la supresión génica mediada por ARNbc en un nematodo; (b) sondear una biblioteca de ADNc o ADNg con una sonda de hibridación que comprende toda o una porción de una secuencia de nucleótidos o un homólogo de la misma de un nematodo elegido como diana que muestra un fenotipo de crecimiento o desarrollo de nematodos alterado, por ejemplo, reducido, en un análisis de supresión mediada por ARNbc; (c) identificar un clon de ADN que se hibrida con la sonda de hibridación; (d) aislar el clon de ADN identificado en la etapa (b); y (e) secuenciación del ADNc o fragmento de ADNg que comprende el clon aislado en la etapa (d) en el que la molécula de ácido nucleico secuenciada transcribe toda o una porción sustancial de la secuencia de ácidos nucleicos de ARN o un homólogo de la misma.

En otra realización, un procedimiento de la presente invención para obtener un fragmento de ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótidos para producir una porción sustancial de un ARNbc o ARNip comprende: (a) sintetizar primero y segundo cebadores de oligonucleótidos correspondientes a una porción de una de las secuencias de nucleótidos de un patógeno elegido como diana; y (b) amplificar un inserto de ADNc o ADNg presente en un vector de clonación usando el primer y segundo cebadores de oligonucleótidos de la etapa (a) en el que la molécula de ácido nucleico amplificada transcribe una porción sustancial de una porción sustancial de un ARNbc o ARNip de la presente invención.

En la práctica de la presente invención, un gen diana puede derivarse de *H. glycines* u otro nematodo. Se contempla que puedan emplearse varios criterios en la selección de genes diana preferidos. El gen de *H. glycines* puede ser uno que tiene un ortólogo de *C. elegans* con una probabilidad de un fenotipo fuerte tras la inactivación de la

expresión de iARN, que incluye un fenotipo **P0**. Tales dianas son frecuentemente aquellas con productos de proteína que participan en procesos celulares centrales tales como replicación de ADN, ciclo celular, transcripción, procesamiento de ARN, traducción, tráfico de proteínas, secreción, modificación de proteínas, estabilidad y degradación de proteínas, producción de energía, metabolismo intermedio, estructura celular, transducción de señales, canales y transportadores, y endocitosis. En ciertas realizaciones es ventajoso seleccionar un gen para el que una pequeña disminución en el nivel de expresión produce efectos perjudiciales para el patógeno.

Como se usa en el presente documento, el término “derivado de” se refiere a una secuencia de nucleótidos especificada que puede obtenerse a partir de una fuente especificada particular o especie, no obstante no necesariamente directamente de esa fuente o especie especificada.

Con el fin de la presente invención, las moléculas de ARNbc o de ARNip pueden obtenerse por amplificación de la cadena de polimerasa (PCR™) de secuencias de un gen diana derivadas de una biblioteca de ADNg o de ADNc o porciones de la misma. La biblioteca de ADN puede prepararse usando procedimientos conocidos para el experto habitual en la materia y puede extraerse ADN/ARN. Las bibliotecas de ADN genómico o de ADNc generadas a partir de un organismo diana pueden usarse para amplificación por PCR™ para la producción del ARNbc o ARNip.

Los genes diana pueden entonces amplificarse por PCR™ y secuenciarse usando los procedimientos fácilmente disponibles en la materia. Un experto en la materia puede poder modificar las condiciones de PCR™ para garantizar la formación óptima de productos de PCR™. El producto de PCR™ confirmado puede usarse como molde para la transcripción *in vitro* para generar ARN sentido y antisentido con los promotores mínimos incluidos. En una realización, la presente invención comprende secuencias de nucleótidos aisladas y purificadas que pueden usarse como agentes de control de nematodos parásitos de las plantas. Las secuencias de nucleótidos aisladas y purificadas pueden comprender aquellas que se exponen en el listado de secuencias.

Como se usa en el presente documento, el término “secuencia codificante”, “secuencia de nucleótidos estructural” o “molécula de ácido nucleico estructural” se refiere a una secuencia de nucleótidos que se traduce en un polipéptido, normalmente mediante ARNm, cuando se pone bajo el control de secuencias reguladoras apropiadas. Los límites de la secuencia codificante se determinan por un codón de iniciación de la traducción en el extremo 5' y un codón de terminación de la traducción en el extremo 3'. Una secuencia codificante puede incluir, pero no se limita a, secuencias de ADN genómico, ADNc, EST y de nucleótidos recombinantes.

El término “ADN recombinante” o “secuencia de nucleótidos recombinante” se refiere a ADN que contiene una modificación genéticamente manipulada mediante manipulación mediante mutagénesis o enzimas de restricción.

Para muchos de los nematodos parásitos de las plantas que son posibles dianas para el control por la presente invención puede haber información limitada referente a las secuencias de la mayoría de los genes o el fenotipo resultante de la mutación de genes particulares. Por tanto, se contempla que la selección de genes apropiados para su uso en la presente invención puede llevarse a cabo mediante el uso de información disponible del estudio de los genes correspondientes en un organismo modelo tal como en *C. elegans*, en el que los genes se han caracterizado, según los análisis descritos en los Ejemplos 1-8. En algunos casos será posible obtener la secuencia de un gen correspondiente de un nematodo diana buscando bases de datos tales como GenBank usando tanto el nombre del gen como la secuencia de, por ejemplo, un nematodo a partir del cual se ha clonado el gen. Una vez la secuencia se obtiene, puede usarse PCR™ para amplificar un segmento del gen apropiadamente seleccionado en el nematodo diana para su uso en la presente invención. Pueden diseñarse cebadores de PCR™ basándose en la secuencia como se encuentra en otro organismo a partir del cual se ha clonado el gen. Los cebadores se diseñan para amplificar un segmento de ADN de longitud suficiente para su uso en la presente invención. El ADN (tanto ADN genómico como ADNc) se prepara a partir del nematodo parásito de las plantas diana, y los cebadores de PCR™ se usan para amplificar el segmento de ADN. Las condiciones de amplificación se seleccionan de manera que se produzca la amplificación incluso si los cebadores no coinciden exactamente con la secuencia diana. Alternativamente, el gen (o una porción del mismo) puede clonarse a partir de una biblioteca de ADNg o de ADNc preparada a partir de una especie de nematodo parásito de las plantas, usando el gen conocido como sonda. Se conocen técnicas para realizar PCR™ y clonación de bibliotecas. Más detalles del procedimiento por el que segmentos de ADN de especies de nematodos parásitos de las plantas diana pueden aislarse basándose en la secuencia de genes previamente clonada de otras especies se proporcionan en los ejemplos. Un experto habitual en la materia reconocerá que puede usarse una variedad de técnicas para aislar segmentos de genes de nematodos parásitos de las plantas que se corresponden con genes previamente aislados de otras especies.

Ejemplos

Los inventores en el presente documento han identificado un medio para controlar nematodos parásitos de las plantas proporcionando moléculas de ácidos ribonucleicos bicatenarios para nematodos parásitos de las plantas, y un medio para seleccionar secuencias que codifican estas moléculas de ácidos ribonucleicos bicatenarios. Las moléculas de ácidos ribonucleicos bicatenarios que funcionan tras la ingestión para inhibir una función biológica en un nematodo pueden producir, por ejemplo, uno o más de los siguientes atributos: reducción en el crecimiento de un nematodo, inhibición del desarrollo de un nematodo, o reducción de la viabilidad. Una cualquiera o cualquier combinación de estos atributos puede producir una inhibición eficaz de la infección o colonización de plantas, y en el

caso de un nematodo patógeno de las plantas, la inhibición de la enfermedad de las plantas y/o reducción en la gravedad de los síntomas de la enfermedad. Ejemplos referentes a materia no englobada por las reivindicaciones son para fines ilustrativos.

Ejemplo 1

5 Criterios para la selección de genes diana

Para ordenar genes por esencialidad probable de la función en el ciclo vital de los nematodos, la información de experimentos de interferencia por ARN (iARN) de *C. elegans* disponibles en wormbase.org se combinó con información experimental adicional. Usando los datos >40.000 fenotipos en wormbase, todos los ~20.000 genes de *C. elegans* se ordenaron para su potencia de fenotipo, nivel de confianza en el fenotipo y probabilidad de efectos en múltiples etapas en el ciclo vital. 715 genes de *C. elegans* con homología de aminoácidos por BLAST por *H. glycines* de al menos e-10 (véase la determinación de ortología más adelante) tuvieron puntuaciones en este sistema de puntuación de fenotipos de 44 o mejor, siendo 1 la mejor. A continuación se proporcionan estadísticas de fenotipos para solo las dianas que eventualmente constituyen la lista de los 300 principales (usando todos los criterios). Como la clasificación del fenotipo depende de la información actualmente disponible, no quiere decir que estén incluidos todos los genes que capturan cada gen que pueda ser una buena diana, sino más bien que proporciona una lista de dianas de alta calidad que probablemente sea satisfactoria en iARN de *H. glycines* basándose en información en mano.

Los siguientes análisis de fenotipos evidentes siguiendo el tratamiento de iARN se realizaron antes de la reciente publicación del sondeo de iARN del genoma de *C. elegans* de Sonnichsen y col. (Sonnichsen y col., 2005). Este grupo probó 19.075 genes mediante inyección de ARNbc en las gónadas de hermafroditas de la cepa N2 natural de *C. elegans* y buscó efectos sobre ese animal y su progenie. Encontraron efectos para solo 1.668 genes (8,7 %). Proporcionando soporte adicional a la robustez de la lista de los 300 principales (FIG 3), 293 estuvieron entre los genes probados por Sonnichsen y col., y 257 tuvieron fenotipos (87,7 %) que incluyen 176-Emb (embrionario letal), 34 Lva (detención larval), 34 Ste (estéril), 8 Lvl (larval letal), 2 Stp (progenie estéril), 1 Bmd (defecto morfológico del cuerpo), 1 Dpy (regordete), 1 Egl (deposición de huevos anormal). 36 tuvieron informes naturales (WT). Los informes naturales aumentaron hacia el final de la lista: 7 informes WT en 1-100, 13 WT en 101-200, 16 WT en 201-300.

Los informes de fenotipo de iARN se clasificaron en cuatro grupos. Primero, los informes de letalidad en el estadio larval (letal = let, letal de larvas = lvl, parada de larvas = lva) se pusieron juntos y se les dio el mayor peso. Tales fenotipos, si imitados en *H. glycines* sería ventajoso como administración de ARNbc de la planta al nematodo, empezarían como el gusano juvenil de segunda etapa, una etapa análoga a la larva dauer, entra en la planta. La administración continuaría durante el desarrollo de las etapas juveniles J2, J3 y J4 o estadios larvales en el sitio de alimentación. La alteración de la fisiología de los nematodos durante estos estadios larvales podría prevenir la formación del sitio de alimentación en las raíces de la planta en la generación **P0** (primaria).

Segundo, informes de defectos de muda (mlt), formación de ampollas (bli) y rotura (rup) se pusieron juntos y se les dio el segundo mayor peso. Tales fenotipos son raros con respecto a otros efectos más comúnmente observados tales como letalidad o esterilidad. Los nematodos, que incluyen tanto *C. elegans* como *H. glycines*, están cubiertos por una cutícula de colágeno. Los defectos de muda bloquearían la caída y re-formación de la cutícula entre estadios larvales (J2 -> J3, J3 -> J4, J4 ->A) y, por tanto, la progresión del desarrollo. Los fenotipos de ampolla frecuentemente también implican defectos en la cutícula. Los fenotipos de rotura en *C. elegans* no están bien entendidos, pero pueden implicar la pérdida de integridad corporal o desplazamientos osmóticos. Los fenotipos de rotura son particularmente atractivos para el control de NQS ya que es probablemente irreversible sin oportunidad de que el gusano se recupere como puede ser el caso de bloqueos temporales al metabolismo o desarrollo.

Tercero, fenotipos de letalidad estéril (ste) y embrionaria (emb) se pusieron juntos y se les dio el tercer mayor peso. En *C. elegans*, el tejido de la línea germinal, en el que muchos genes implicados en fertilidad y desarrollo embrionario son activos (factores maternos), es particularmente sensible a iARN. En el contexto de una infección del NQS, un bloqueo letal estéril o embrionario al ciclo vital solo prevendría la formación de una segunda generación, pero permitiría la formación del sitio de alimentación inicial y el daño al sistema de raíces de la planta. Cuarto, otros defectos importantes en la fisiología que incluyen crecimiento defectuoso (gro), fenotipos enfermo (sck), descoordinado (unc), paralizado (prl, prz) se pusieron juntos y se les dio el cuarto mayor peso. En *H. glycines* hembra, una vez se forma un sitio de alimentación, el gusano deja de moverse y la musculatura de la pared del cuerpo desempeña una función limitada en la supervivencia. Sin embargo, gusanos masculinos se vuelven móviles como los adultos de manera que pueden buscar, encontrar y fecundar hembras. Por tanto, el bloqueo de las estructuras musculares y del sistema nervioso importantes para el movimiento normal podría interferir con la fecundación y formación de una segunda generación. Para los fines de esta clasificación no se incluyeron otros fenotipos de iARN no letales (regordete, corto, largo, defecto de la morfología del cuerpo, etc.). Tampoco se usaron fenotipos observados por mutación genética en este sistema de clasificación.

Para clasificar genes basándose en la información de iARN de wormbase, genes con múltiples informes fenotípicos y múltiples fenotipos diferentes se favorecieron con respecto a genes con informes fenotípicos únicos y fenotipos únicos. Los múltiples informes de fenotipos son útiles, ya que añaden confianza a la asignación de fenotipo a un

gen. Basándose en los experimentos de múltiples grupos, experimentos de iARN de *C. elegans* tiene una tasa de negativos falsos y positivos falsos del ~10-15 %. La evidencia de fenotipos de más de un informe disminuye la probabilidad de inclusión de positivos falsos en la lista. Debido a que la iARN de *C. elegans* no produce eliminación de transcritos completa (la inactivación se estima al 90 %) y es frecuentemente no uniforme durante toda la población, experimentos de iARN de genes individuales frecuentemente producen la observación de múltiples fenotipos durante el transcurso del ciclo vital. Por tanto, informando el fenotipo de un gen dado como “ste, emb, lvi” puede significar que se requiere durante todo el ciclo vital mientras que un fenotipo de “emb” solo puede significar que el gen solo se requiere para una etapa en el desarrollo embrionario. Para los fines del control de parásitos, genes requeridos para múltiples etapas y múltiples procesos en el ciclo vital son dianas más atractivas que aquellas requeridas en solo una etapa ya que esto proporciona más oportunidades para un ARNbc para interferir con el ciclo vital y bloquear la infección.

En cada una de estas cuatro categorías, los informes de iARN de *C. elegans* se totalizaron y ponderaron. Al primer informe de un fenotipo en un contexto de N2 (natural) para un gen de un laboratorio dado se le dio un peso de 1. Al segundo, tercer, etc. informe de un fenotipo de ese mismo laboratorio se le dio un peso rebajado de 0,7. Por tanto, informes independientes de dos laboratorios (puntuación = 2) estarían favorecidos con respecto a dos informes del mismo laboratorio (puntuación = 1,7) que podría ser vulnerable a un error sistemático (por ejemplo, clon equivocado seleccionado y usado dos veces). A los informes de fenotipos en el contexto genético *rrf-3(-/-)* que es más sensible a iARN que N2 se les dio una puntuación rebajada de 0,6.

Con estas categorías y ponderaciones, las dianas se clasificaron en una escala de una puntuación de 1 a 44 o mayor basándose en su registro en la matriz formada en la FIG 1. Por ejemplo, para recibir una puntuación de 3, las dianas tuvieron que tener un puntuación de *let lvi lva* de ≥ 2 , una puntuación de *mlt bli rup* de $X \geq 1$, una puntuación de *ste emb* de ≥ 2 y otra puntuación de fenotipo de ≥ 1 . La mayoría de los genes en *C. elegans* tienen una puntuación peor a 44. 715 genes tuvieron una puntuación de 44 o mejor y un posible homólogo en *H. glycines*. De las 300 dianas principales, siguiendo la clasificación en todos los criterios, la puntuación promedio del fenotipo fue 22 ± 9 . La puntuación principal fue 3 (6 dianas) y solo 10 dianas tuvieron una puntuación inferior a 10. Las categorías más comunes fueron puntuaciones de 10 (61 dianas con una puntuación de *let lvi lva* de ≥ 2 , una puntuación de *mlt bli rup* de 0, una puntuación de *ste emb* de ≥ 2 y otra puntuación de fenotipo de ≥ 1), 15 (23 dianas), 24 (26 dianas), 26 (93 dianas) y 33 (19 dianas). Los promedios y desviaciones estándar para los registros en cada categoría fueron puntuación de *let lvi lva* = $1,9 \pm 1$, puntuación de *mlt bli rup* = $0,3 \pm 0,7$, puntuación de *ste emb* = $2,8 \pm 1,7$, y otra puntuación de fenotipo = $1,6 \pm 1,3$. *mlt bli rup* fueron los fenotipos más raros con solo 56 dianas que tienen una puntuación ≥ 0 . Los totales de dianas con puntuaciones ≥ 0 en las otras categorías fueron 284 para *let lvi lva*, 281 para puntuación de *ste emb* de ≥ 2 y 258 para otro fenotipo.

Además de informes de fenotipos visibles de wormbase también se registraron informes de fenotipo natural (es decir, sin fenotipo) para cada diana. Los hallazgos naturales se consideraron un negativo para la clasificación de dianas y la mayoría de las dianas con altos números de informes naturales se eliminaron de la consideración para la lista de los 300 principales. A todos los informes de natural se les dio una puntuación de 1, excepto aquellos de Vidal y col., a los que se les dio una puntuación de 0,3 ya que esta metodología de grupo parece haber producido un mayor porcentaje de informes de natural que todos los otros grupos de informe. Además de los registros de natural totales, también se calculó el % de natural con respecto a todos los otros informes. Para las 300 dianas principales, los promedios y desviaciones estándar para registro de natural y porcentaje de natural fueron $0,14 \pm 0,41$ y $1,9 \pm 5,1$ %. 250 de las 300 dianas no tuvieron informes de natural. Para las 50 dianas con informes de natural, los registros y porcentajes de natural fueron $0,85 \pm 0,65$ y $11,3 \pm 7,3$ %. En solo 24 casos fueron los informes de natural > 10 % de todos los informes, siendo el mayor del 33 %.

A continuación, los datos de iARN se compararon con los disponibles en wormbase. Los experimentos de iARN se han realizado en más de 1.500 genes de *C. elegans* de interés en ensayos de alimentación con N2, *rrf-3*, y otras cepas. De los 715 genes de *C. elegans* en consideración con homología de aminoácidos por BLAST con las puntuaciones de fenotipo de *H. glycines* y de wormbase de 44 o mejor (FIG 1), estuvo disponible información para aproximadamente 75. Adicionalmente, a la lista se añadieron 3 genes con efectos de P0 (primera generación) en ensayos no en la lista de los 715. 10 genes diana de los 715 originales no mostraron fenotipo en un ensayo (múltiples duplicados con confirmación de secuencia de construcciones) y, por tanto, se excluyeron de los 300 principales. Se observaron fenotipos para 39 genes diana en los 300 principales que incluyen fenotipos *lvi*, *lva*, *rup*, *ste*, *emb*, *unc*, *sck* y adicionales no incluidos en el sistema de clasificación tal como crecimiento defectuoso (*gro*), progenie estéril (*stp*), *regordete* (*dpy*) y defecto de la morfología del cuerpo (*bmd*).

Ejemplo 2

55 Cribados de iARN de P cero (P0) de *C. elegans*

Además del ensayo de iARN convencional, se realizaron cribados de iARN de *C. elegans* adicionales. Uno de estos fue un cribado letal de P0.

P cero (P0) o efectos de iARN de rápida aparición en *C. elegans*

Para controlar *Heterodera glycines* proporcionando ARNbc de una planta de soja transgénica, el encontrar genes que sean sensibles a los efectos de iARN de rápida aparición podrían ser útil. Tales genes podrían bloquear la formación del sitio de alimentación maduro por J2 mientras que los genes de lenta aparición podrían no mostrar un efecto hasta la siguiente generación. Los genes de *C. elegans* en los que se observan efectos en el animal expuesto, los llamados efectos de la generación P0 (P cero), podrían predecir ortólogos de *H. glycines* con alta y rápida sensibilidad a iARN.

Todos los cribados a gran escala para efectos de iARN en *C. elegans* han expuesto gusanos iniciales como L4s o adultos (la generación P0 (P cero) genética) a ARNbc y buscado fenotipos en su progenie, la generación F1 y F2. La esterilidad del animal P0 inicial también se observó en muchos casos. Ninguno de los cribados de microinyección (Gonczy y col., 2000; Piano y col., 2000; Piano y col., 2002) o cribados de alimentación (Fraser y col., 2000; Kamath y col., 2003) observa efectos sobre los animales P0 distintos de esterilidad. Asimismo, en un cribado de más de 1.200 genes de *C. elegans* por alimentación desde el principio de L4, no se observaron fenotipos de P0 distintos de esterilidad. Los registros de wormbase (www.wormbase.org) de fenotipos de iARN no mencionan incluso la generación en la que se observa un efecto (P0, F1, F2, etc.), por lo que encontrar candidatos de P0 de estos registros no es posible. Maeda y col., 2000 realizaron iARN en 2.500 genes de *C. elegans* por remojo de L4. De forma interesante, en el material en línea suplementario que acompaña a la publicación, Maeda y col. mencionan 26 casos en los que se observaron efectos de P0 distintos de esterilidad que oscilan de enfermo a crecimiento lento a letalidad. Estas dianas se investigaron experimentalmente para ver si alguno de los genes era en realidad válido para efectos de P0 (FIG 2).

De las 26 entradas de Maeda y col., 21 se correspondieron con entradas de wormbase.org mientras que 5 fueron clones de origen poco claro. 19 genes se han clonado satisfactoriamente en construcciones de alimentación de *E. coli* de iARN y la secuencia se verificó mientras que 2 tuvieron dificultades de clonación. Hasta la fecha se han probado 17 de los 19 clones completados para fenotipos de P0. Están en progreso experimentos para terminar de probar dos clones más y repetir la prueba de otros seis que solo se han probado una vez para confirmar resultados. Adicionalmente, se probaron 7 dianas de interés en el mismo ensayo para un total de 24. Se recogieron datos de dos puntos de inicio del ciclo vital. Primero, se realizó un inicio de P0 L4 para imitar tanto el ensayo de Maeda como el ensayo de alimentación de *E. coli* convencional. Segundo, se realizó un inicio de huevo de P0 para exponer el animal P0 a ARNbc durante todo el desarrollo, una situación similar a la que puede encontrarse por un nematodo de *Heterodera glycines* tras la infección de una planta que produce un ARNbc. Para el inicio del huevo, la suposición es que la primera exposición de ARNbc se produce a medida que la larva L1 eclosiona y empieza a alimentarse.

De los 17 candidatos de Maeda y col., (2001) probados y 7 dianas adicionales, se encontró que 6 tenían fenotipos de P0 distintos de esterilidad de un inicio de huevo en el ensayo de alimentación (3 de Maeda y 3 de la lista adicional). Estos fueron Y57G11C.15 (sec61 alfa), C47E12.5 (uba-1) y R07E4.6 (kin-2) de Maeda y C34G6.6 (pan-1), F52B11.3 (pan-2) y T25C8.2 (act-5) de la lista adicional. Para el inicio de L4, solo tres genes mostraron un fenotipo de P0 distintos de esterilidad. Los genes con fenotipos de inicio de F4 fueron un subconjunto de los 6 que muestran un fenotipo de inicio de huevo: Y57G11C.15 (sec61 alfa) y R07E4.6 (kin-2) de Maeda y T25C8.2 (act-5) de la lista adicional. De los genes restantes probados hasta la fecha de los candidatos de Maeda, 4 tuvieron fenotipos menos graves tales como esterilidad y parada de larvas F1 mientras que 9 son completamente naturales y fueron probablemente positivos falsos en el cribado de Maeda. Sin embargo, sigue siendo posible que los genes que carecen de un fenotipo en un ensayo de alimentación bacteriano tuvieran un fenotipo en un ensayo de remojo.

Además de los estudios con gusano N2 de *C. elegans* (cepa estándar de laboratorio), también se realizaron estudios para 22 de los genes en un contexto mutante *fog-2(q71)*. *fog-2(q71)* es un mutante que feminiza la línea germinal del hermafrodita y se mantiene como cepa masculina/femenina. Se recogieron aparte gusanos hembra de machos como larva antes de la fecundación. Tales gusanos hembra virgen son fáciles de mantener durante muchos días a medida que envejecen ya que no hay generación F1 presente para cubrir demasiado la placa y pueden, por tanto, ayudar a ver efectos de aparición posteriores en el gusano adulto P0. Los resultados de P0 observados en *fog-2(q71)* fueron idénticos a aquellos observados en N2 y no se detectaron fenotipos adicionales. Por tanto, se suspendieron las pruebas de *fog-2* en genes posteriores.

Los estudios mostraron que en *C. elegans* obtener un fenotipo de P0 distinto de esterilidad de un inicio de F4 es un evento muy raro, pero que existen ejemplos tales como Y57G11C.15 (sec61 alfa), R07E4.6 (kin-2) y T25C8.2 (act-5) (FIG 2). La evidencia sugiere que la mayoría de los fenotipos de P0 distintos de esterilidad registrados por Maeda y col. en sus materiales complementarios fueron positivos falsos. Esto está respaldado por otra evidencia: además de los presentes datos, al menos seis genes se han probado por otros laboratorios y se encontró que tenían solo fenotipos naturales en todas las generaciones (P0, F1, etc.). Los fenotipos de P0 distintos de esterilidad de un inicio de F4 son supuestamente raros, ya que el adulto ya tiene muchas de las proteínas necesarias para supervivencia y la lenta cinética de iARN necesita tiempo para degradar todos los transcritos. Genes que muestran un efecto bajo tales condiciones pueden ser aquellos en los que el gusano es especialmente sensible a su alteración y, por tanto, se clasificó muy alto entre las dianas a considerar. Los fenotipos de P0 distintos de esterilidad de un inicio de huevo son menos raros y se observan en varias de las dianas de interés conocidas por tener fenotipos graves (por ejemplo, pan-1, pan-2). Supuestamente, un mayor sondeo de dianas con fuertes fenotipos encontraría más.

De las seis dianas en las que se confirmó un fenotipo letal P0, todas tienen razonablemente fuertes ortólogos entre las secuencias de *H. glycines*. Ya se había confirmado que kin-2 tenía un fenotipo de P0 y, por tanto, se clasificó en los 10 principales. pan-1 y pan-2 están ambos ya entre los 100 principales usando el sistema de clasificación de fenotipos de iARN de wormbase de los presentes inventores (FIG 1) e información de secuencia de *H. glycines* adicional y también se considerarán. Pan-1, que careció de EST, se ha identificado recientemente en *H. glycines* basándose en la secuenciación de Genome Survey. act-5, uba-1 y sec61 alfa no estaban todavía entre los varios de cientos de dianas principales usando el sistema de clasificación de fenotipos de iARN de wormbase debido a que carecieron de informes de fenotipo let, lvi., lva, mlt, bli y rup en wormbase. Las posiciones de clasificación final de estas seis dianas entre los 300 principales son Y57G11C.15 (sec61 alfa) = nº 2, C47E12.5 (uba-1) = nº 3 y R07E4.6 (kin-2) = nº 4, C34G6.6 (pan-1) = nº 7, F52B11.3 (pan-2) = nº 30 y T25C8.2 (act-5) = nº 21.

Ejemplo 3

Cribado de iARN específico para intestino de *C. elegans*

También se realizó un segundo cribado adicional para ayudar en la selección de genes diana (Tabla 1). Previamente se generó una cepa de *C. elegans* que es sensible a iARN solo en el intestino. Esta cepa puede usarse para cribar rápidamente el conjunto de genes que se mostró previamente que era esencial para la viabilidad y desarrollo por iARN para identificar aquellos que son esenciales específicamente en el intestino. Tales genes pueden ser dianas ventajosas con iARN de *H. glycines* administrado por plantas ya que se cree que el intestino es el primer tejido que se pone en contacto con el ARNbc que entra. Además, genes que codifican proteínas secretadas y transmembrana pueden ser vulnerables a alteración por la expresión en la planta de proteínas nematocidas que alteran la función de estos productos génicos.

La cepa de iARN específica para intestino de *C. elegans* se generó introduciendo un transgén que acciona la expresión del gen *sid-1* natural bajo el control de un promotor específico para el intestino en un contexto de otro modo *sid-1* menos (cepa HC75). *sid-1* es esencial para la iARN sistémica en *C. elegans* y codifica una proteína transmembrana que es un transportador de ARNbc putativo (Winston y col., 2002). Se han probado tres líneas, cada una que acciona la expresión de un promotor intestinal diferente, para sensibilidad a iARN. Los promotores usados son regiones de 5' de *elt-2*, *ges-1* e *ile-1*. La alimentación de ARNbc de *unc-54* (músculo de la pared del cuerpo), *dpy-7* (hipodermis) y *act-1* (múltiples tejidos) no mostró fenotipo en estas cepas, aunque los tres ARNbc produjeron el fenotipo esperado en controles de gusanos naturales (N2). Por otra parte, la alimentación de ARNbc de *act-5*, una actina específica para el intestino, e *ile-1*, un gen con localización intestinal, en estas cepas produjo esterilidad. Estas observaciones respaldan la conclusión de que estas cepas son sensibles a iARN en el intestino, pero no en varios otros tejidos. La cepa *ges-1::sid-1* se seleccionó para cribado. Los fenotipos en esta cepa son más débiles que en N2 incluso para genes que solo tienen funciones en el intestino, probablemente debido a que la expresión de *ges-1* es no uniforme o más débil que la expresión intestinal de SID-1 endógena de forma que SID-1 no está siempre presente a los niveles en los que estaría en N2. Sin embargo, fenotipos, tales como el 50 % de esterilidad, se puntúan fácilmente con respecto a controles y son reproducibles. Se han examinado 130 genes hasta la fecha en la cepa de iARN intestinal, basándose en las dianas secretadas y transmembrana, y se han observado que 57 tienen fenotipos (Tabla 1). De los 715 genes diana en consideración para la lista de los 300 principales, 24 tuvieron fenotipos en la cepa de iARN intestinal mientras que 3 fueron neutros. En la clasificación de dianas de otro modo igualmente ponderadas se dio preferencia a genes que mostraron fenotipos de cepas de iARN intestinal y 14 de tales genes constituyeron la lista de los 300 principales. Los 10 que ni tuvieron fenotipos de iARN intestinal débil (por ejemplo, 25 % estériles) ni otros inconvenientes (homología débil, no ortología, etc.).

Tabla 1. Fenotipos de la cepa de iARN intestinal de *C. elegans*

<u>Gen</u>	<u>Fenotipo de iARN intestinal</u>	<u>Gen</u>	<u>Fenotipo de iARN intestinal</u>
act-5	80 % estéril	C01G8.5	40 % estéril
lle-1	80 % estéril	R13H4.4	30 % estéril
C16A3.3	20-70 % estéril	C25A11.4	40 % estéril
C47E12.5	40-99 % estéril	T26FE3.3	15 % estéril
C48E7.6	20-40 % estéril	F54G8.3	20 % estéril
D1014.3	30-80 % estéril	ZK1058.2	50-80 % estéril
D1069.3	15-50 % estéril	K07D8.1	25 % estéril
T10H9.3	20-40 % estéril	H19M22.2	45 % estéril

(continuación)

Gen	Fenotipo de iARN intestinal	Gen	Fenotipo de iARN intestinal
T24H7.1	15-35 % estéril	F42C5.10	65 % estéril
ZK973.6	20-30 % estéril	T03E6.7	EMB
C01F1.2	15-40 % estéril	R03E1.2	75 % estéril
C54G4.8	50-80 % estéril	Y55H10A.1	LVA, 80 % estéril
F10D7.5	15-40 % estéril	C23H3.4	80 % estéril
F11G11.5	15-50 % estéril	F43D9.3	55 % estéril
F32B5.8	20-25 % estéril	Y57G11C.15	80 % estéril
F33A8.1	60-97 % estéril	F49C12.13	155 % estéril
F34D10.2	20-30 % estéril	T01H3.1	60 % estéril
F39B2.11	20-25 % estéril	T04A8.9	20-80 % estéril
F54C9.2	15-25 % estéril	H19M22.2	45-55 % estéril
F55A11.2	10-15 % estéril	K02B12.3	20-50 % estéril
F55A12.7	50-60 % estéril	W04A4.5	25-50 % estéril
F55A12.8	20 % estéril	Y47G6A.23	25-50 % estéril
F55F10.1	20-25 % estéril	C16D9.2	30-35 % estéril
K07A12.3	15-25 % estéril	F52C6.3	35 % estéril
K07B1.5	25-30 % estéril	F53B8.1	65 % estéril
K07D8.1	25 % estéril	C49C3.11	35 % estéril
K12D12.2	40-70 % estéril	F41G3.4	35 % estéril
R04F11.2	40-70 % estéril	Y57G11C.31	25 % estéril
T01B11.3	10-30 % estéril		

Ejemplo 4

Información sobre los ortólogos de genes de *C. elegans* - Función molecular putativa

5 Además del fenotipo, información adicional extraída de wormbase incluyó nombre del gen, ID de proteína de Wormpep, patrón de expresión, localización subcelular, motivos prominentes, breve identificación, descripción concisa y términos de ontología del gen. Se dio preferencia para la clasificación a genes diana con función molecular conocida con respecto a aquellos con función completamente desconocida. Los presentes inventores observaron que genes con fuertes fenotipos fueron en general aquellos con productos de proteína que participaban en procesos nucleares centrales tales como replicación de ADN, ciclo celular, transcripción, procesamiento de ARN, traducción que incluye función de ribosomas y ARNt, tráfico de proteínas, secreción, modificación de proteínas, estabilidad y degradación de proteínas, producción de energía que incluye función mitocondrial, metabolismo intermediario, estructura celular, transducción de señales, canales y transportadores, y endocitosis. De las 300 dianas seleccionadas, 275 pertenecen a una de estas categorías (Tabla 2). De las 100 principales, 98 pertenecieron a una de estas categorías. Las categorías más frecuentemente observadas entre dianas con fuertes fenotipos fueron traducción / ribosoma / ARNt, transcripción / procesamiento de ARN, y estabilidad de proteínas / degradación / proteosoma.

Tabla 2. Clasificación de las 300 dianas principales de *C. elegans* por función celular putativa

	Replicación de ADN, reparación, modificación, ciclo celular, cromatina	Transcripción / procesamiento de ARN	Traducción / ribosoma / ARNt	Tráfico de proteínas / secreción / importación nuclear / exportación	Modificación de proteínas	Estabilidad de proteínas / degradación / proteosoma	Producción de energía / mitocondria	Metabolismo / otras enzimas	Estructura celular / matriz extracelular	Receptores / transducción de señales / cinasas	Canales / transportadores	Endocitosis	Otros / desconocidos
Totales 1 - 300	22	41	65	22	3	31	14	28	21	20	1	8	25
%	7 %	14 %	22 %	7 %	1 %	10 %	5 %	9 %	7 %	7 %	0 %	3 %	8 %
1-100	7	13	14	4	2	13	8	13	8	11	0	6	2
101-200	5	14	34	6	0	11	3	8	6	4	0	1	8
201-300	10	14	17	12	1	7	3	7	7	5	1	1	15

El seguimiento de la función celular putativa asegura que se mantenga la diversidad adecuada en la lista de las dianas principales y que la lista de diana no se vuelva demasiado dependiente de uno o algunos procesos que podrían funcionar de manera diferente en *H. glycines* que en *C. elegans*. En idea, se da prioridad baja a procesos de desarrollo que se cree que evolucionan rápidamente en nematodos tales como la determinación del sexo, ya que es menos probable que tales procesos se conserven entre *H. glycines* y *C. elegans*. En la práctica, algunas de tales puntuaciones de genes son suficientes en el fenotipo de iARN para considerarse para la lista de los 300 principales. De forma interesante, considerando la intensidad del fenotipo de *C. elegans* solo (puntuación de 1-44 e informes de natural) incluso antes de la inclusión de información sobre la conservación de secuencias, dianas altamente clasificadas representan enormemente por exceso procesos celulares centrales que implican grandes complejos de múltiples unidades tales como el ribosoma y el proteosoma. Esto puede resultar simplemente de la importancia de la traducción y degradación de proteínas para la supervivencia celular. Una interpretación adicional de este hallazgo es que las subunidades de grandes complejos tienden a tener fuerte fenotipo tras la inactivación de iARN y que son más sensibles a la dosificación que las proteínas que no actúan en complejos. Por ejemplo, aunque una enzima de monómero pueda retener flujo adecuado mediante una ruta metabólica con solo el 10 % de su dosis de proteína normal, el desequilibrio entre dosis subunitarias en un gran complejo puede producir ensamblaje erróneo complejo u otro fallo funcional. Los recientes hallazgos en *S. cerevisiae* respaldan esta interpretación (Papp y col., 2003).

Ejemplo 5

20 Homología de secuencias, identidad y asignación de ortología

Para identificar ortólogos de *Heterodera glycines* de genes de *C. elegans* caracterizados se realizaron búsquedas de homología usando el paquete de aplicaciones BLAST (Altschul y col., 1990). Usando secuencias de proteínas

5 predichas para genes de *C. elegans* (Wormpep) se usó TBLASTN para buscar tanto EST agrupados de *H. glycines* como otras secuencias disponibles de Genbank, además de secuencias de sondeo del genoma patentado recientemente generadas. Se siguieron Puntuación de bits, valor de e y % de identidad. Para consideración como diana, un gen de *C. elegans* tuvo que tener una coincidencia de TBLASTN con un ortólogo u homólogo en *H. glycines* con un valor de e de al menos e-10 o mejor. 715 genes de *C. elegans* con fenotipos de iARN que se clasifican de 1-44 (FIG 1) cumplen este criterio mínimo. Para estos 715 genes, las coincidencias de *H. glycines* fueron:

BLAST	Media ± DE	Intervalo
% ID	56 ± 18	96 - 22
Puntuación de bits	184 ± 141	1031 - 52
Valor de e	e-48 (mediana)	0 - e-11

10 Para construir la lista de los 300 principales (FIG 3), la secuencia al nivel de aminoácidos favorable similar entre *C. elegans* y *H. glycines* fue el segundo factor más importante en la clasificación después del fenotipo de iARN. Las características de dianas de % ID, puntuación de bits y valor de e se dividieron en cuartiles. Las dianas principales de la clasificación, además de tener fuertes fenotipos de iARN, también tuvieron características de homología favorables indicativas de ortología: puntuación de bits (>100), valor de e (<e-20) y porcentaje de identidad (>40 %). Para asegurar la asignación de ortología, las dianas también se probaron para coincidencia de BLAST recíproca de manera que cuando la secuencia de *H. glycines* seleccionada se volvió a comprobar por BLAST con la lista de Wormpep de *C. elegans* (BLASTX), se identificó la secuencia de inicio original. 25 genes que de otro modo han constituido los 300 principales suspendieron esta prueba de BLAST recíproca que indica que fue poco probable que los genes en *C. elegans* y *H. glycines* fueran ortólogos. De los 300 finales, 296 parecieron ser claros ortólogos con las principales coincidencias de BLAST recíprocas en ambas direcciones, 1 empató para coincidencia principal (2 homólogos próximos en *C. elegans*) y 3 estuvieron dentro del 5 % de la mejor puntuación de bits (estos se mantuvieron debido a fuertes fenotipos entre todos los principales homólogos de *C. elegans*). Para los 300 genes principales, las coincidencias de *H. glycines* fueron:

BLAST	Media ± DE	Intervalo
% de ID	65 ± 15	96 - 30
Puntuación de bits	253 ± 158	1031 - 71
Valor de e	e-61 (mediana)	0 - e-13

25 De las 300 dianas principales, 63 parecen haberse identificado específicamente debido a la secuenciación de Genome Survey. Las coincidencias en EST u otras secuencias públicamente disponibles están tanto ausentes como son de puntuaciones sustancialmente más débiles (principalmente parálogos). La clasificación de estos genes entre los 300 principales es la siguiente:

30 23 en los 100 principales: 1, 5, 7, 9, 15, 33, 35, 37, 38, 40, 44, 51, 53, 58, 60, 67, 68, 75, 80, 82, 83, 88, 96
15 en los 2° 100: 102, 115, 134, 142, 148, 151, 152, 156, 163, 164, 191, 193, 199, 200
26 en los 3° 100: 206, 208, 211, 219, 226, 231, 237, 241, 242, 247, 251, 254, 256, 258, 260, 261, 263, 267, 271, 272, 280, 281, 289, 292, 298, 300.

Ejemplo 6

Expresión génica en *H. glycines* y otros tilénquidos

35 También se monitorizó la expresión de genes diana en *H. glycines* y otros nematodos parásitos de las plantas tilénquidos. Incluso dentro de *H. glycines*, este procedimiento fue impreciso ya que el transcrito identificado de la lista de los 300 principales puede ser el gen real de interés en los casos en los que el éxito principal fuera un EST (237 de las 300) o un homólogo relacionado en el que la principal coincidencia fuera con la secuencia genómica (63 de las 300). Asimismo, las coincidencias en tilénquidos relacionados pueden ser ortólogos u homólogos. Sin embargo, esta información proporciona un punto de partida para buscar en el estado de expresión. La expresión en 40 J2, J3 y J4 es particularmente atractiva ya que la administración de ARN bicatenario debe ser posible a partir de la planta en estas etapas mediante el sitio de alimentación mientras que se está formando el quiste. De los genes con representación de EST en *H. glycines*, el 47 % estuvieron representados por un único EST. El 53 % de los genes estuvieron representados por dos o más EST. El 64 % tuvo representación en las etapas J2, J3 o J4. 165 de las 300 dianas tuvieron ortólogos u homólogos entre EST y otra secuenciación disponible de otros nematodos parásitos de 45 las plantas tilénquidos que incluyen *Heterodera schachtii*, *Globodera rostochiensis*, *Globodera pallida*, *Meloidogyne incognita*, *Meloidogyne javanica*, *Meloidogyne arenaria*, *Meloidogyne hapla*, *Meloidogyne chitwoodi*, *Meloidogyne paranaensis*, *Pratylenchus vulnus*, *Pratylenchus penetrans*, *Radopholus similis* (Tabla 3).

Tabla 3: Evidencia de la expresión de las 300 dianas principales en *H. glycines* y otras especies de tilénquidos.

	EST de <i>H. g.</i> total	EST de <i>H. g.</i> de J2, J3, J4	ETS total de otras especies
media	4,7	2,3	14,0
de	22,0	5,3	64,3
mediana	1	1	1
ceros	22	122	135
unos	131	66	38
doses	43	46	12
tres o más	102	64	113

Ejemplo 7

5 Lista de dianas para iARN de *H. glycines*

La alteración de la función de genes diana dentro del nematodo quístico de soja patógeno de la planta, *Heterodera glycines*, puede llevarse a cabo por interferencia por ARN y puede producir alteración del ciclo vital del patógeno. Genes diana óptimos para la alteración incluyen genes esenciales del ciclo vital en los que la alteración produce alta muerte por penetración de las poblaciones de parásitos o “muerte genética” bloqueando la reproducción con daño mínimo a la planta y gusanos de escape viables mínimos que alcanzan la siguiente generación. Los inventores han proporcionado un procedimiento para seleccionar dianas de iARN y una lista de 300 genes diana predichos por ser esenciales para la reproducción de *H. glycines*. Características clave usadas para predecir dianas incluyen ortología con genes conocidos de *C. elegans* con fenotipos de interferencia por ARN fuertes y reproducibles. La lista de las 300 dianas principales completa se proporciona en la FIG 3. La Tabla 4 enumera dianas de genes seleccionados para ensayar en tejidos vegetales.

Tabla 4: Dianas de genes seleccionados para raíz pilosa de la soja y en ensayos *in planta*

Nombre del gen	Secuencia de nucleótidos coincidente	Localización en la secuencia de nucleótidos	Secuencia de péptidos
Bli-3	SeqID_1304	12-552	SeqID_1889
Bli-3	SeqID_1487	12-552	SeqID_1889
C23H3.4	SeqID_510	925-735	SeqID_1056
C23H3.4	SeqID_814	586-776	SeqID_1056
C26E6.4	SeqID_539	2836-3029	SeqID_1051
C34G6.6	SeqID_511	3917-3429	SeqID_1233
C34G6.6	SeqID_790	244-732	SeqID_1233
Cct-4	SeqID_1318	193-568	SeqID_1741
Cct-4	SeqID_1537	193-568	SeqID_1741

ES 2 479 090 T3

(continuación)

Nombre del gen	Secuencia de nucleótidos coincidente	Localización en la secuencia de nucleótidos	Secuencia de péptidos
Cgh-1	SeqID_1289	319-795	SeqID_1722
Cqh-1	SeqID_1513	280-756	seqID_1722
Cgh-1	SeqID_1289	1587-1761	SeqID_1722
Crs-1	SeqID_535	1783-1487	SeqID_1035
Crs-1	SeqID_792	1353-1649	SeqID_1035
Cyc-1	SeqID_513	1375-1154	SeqID_1046
Cyc-1	seqID_804	529-750	SeqID_1046
F01G10.1	SeqID_509	3122-3454	SeqID_1055
F01G10.1	SeqID_813	690-1022	SeqID_1055
F52B11.3	SeqID_508	3280-3088	SeqID_1053
F52B11.3	SeqID_811	1036-1228	SeqID_1053
F54B3.3	SeqID_524	2457-2222	SeqID_1058
F54B3.3	SeqID_816	266-501	SeqID_1058
Kin-2	SeqID_506	1310-1023	SeqID_1032
Kin-2	SeqID_787	79-366	SeqID_1032
Kin-2	SeqID_1921	15-464	SeqID_1931
Kin-2	SeqID_1921	465-714	SeqID_1931
Kin-2	SeqID_1926	211-460	SeqID_1931
Kin-2	SeqID_787	265-514	SeqID_1032
Kin-2	SeqID_787	514-663	SeqID_1032
Kin-2	SeqID_1921	340-586	SeqID_1931
Kin-2	SeqID_1926	86-332	SeqID_1931
Kin-2	SeqID_787	140-386	SeqID_1032
Let-767	SeqID_1306	328-687	SeqID_1735
Let-767	SeqID_1528	295-654	SeqID_1735
Pas-4	SeqID_1292	564-894	SeqID_1724
Pas-6	SeqID_1290	314-859	SeqID_1723
Ran-1	SeqID_1307	550-777	SeqID_1736
Rpt-1	SeqID_1310	328-581	SeqID_1737
Rpt-1	SeqID_1531	328-581	SeqID_1737
Rpt-1	SeqID_523	1356-1609	SeqID_1047
Rpt-1	SeqID_805	668-921	SeqID_1047

(continuación)

Nombre del gen	Secuencia de nucleótidos coincidente	Localización en la secuencia de nucleótidos	Secuencia de péptidos
Sec61 alfa	SeqID_1330	93-488	SeqID_1751
Sec61 alfa	SeqID_1548	93-488	SeqID_1751
Top-1	SeqID_1298	1-449	SeqID_1729
Top-1	SeqID_1521	1-449	SeqID_1729
Top-1	SeqID_1920	1569-2017	SeqID_1930
Top-1	SeqID_1925	1565-2013	SeqID_1930
Uba-1	SeqID_1923	1977-2184	SeqID_1933
Uba-1	SeqID_1928	1715-1922	SeqID_1933
Uba-1	SeqID_505	2500-2708	SeqID_1031
Uba-1	SeqID_786	1562-1770	SeqID_1031
Vab-10	SeqID_542	2871-3759	SeqID_1028
Vab-10	SeqID_788	444-1332	SeqID_1028
Vha-12	SeqID_1303	44-496	SeqID_1733
Vha-12	SeqID_1526	1-453	SeqID_1733
Vha-12	SeqID_793	1-453	SeqID_1036
Vha-13	SeqID_1312	16-255	SeqID_1906
Vha-13	SeqID_1533	16-255	SeqID_1906
Vha-13	SeqID_514	1979-2218	SeqID_1048
Vha-13	SeqID_806	707-946	SeqID_1048
Vha-15	SeqID_519	1318-1137	SeqID_1033
Vha-15	SeqID_789	997-1178	SeqID_1033
Y48B6A.3	SeqID_1302	1755-2384	SeqID_1732
Y48B6A.3	SeqID_1525	1697-2326	SeqID_1732
Y55H10A.1	SeqID_1327	524-830	SeqID_1748
Y55H10A.1	SeqID_1545	524-830	SeqID_1748
ZK1127.5	SeqID_538	285-535	SeqID_1050
ZK1127.5	SeqID_808	50-300	SeqID_1050

Ejemplo 8**Genes de *H. glycines* seleccionados que muestran eficacia en bloquear la infección de soja por el nematodo quístico de la soja**

- 5 Los resultados de los ensayos de remojo muestran que los ortólogos (y fragmentos de tales ortólogos) de pas-4 (por ejemplo, encontrado en los nucleótidos 1-544 de SEC ID N°: 1292), pas-5 (por ejemplo, encontrado en SEC ID N°: 525, 569, 797, nucleótidos 1-672 de SEC ID N°: 1293, o en SEC ID N°: 1516), pas-6 (por ejemplo, encontrado en los nucleótidos 314-859 de SEC ID N°: 1290) y cgh-1 (por ejemplo, encontrado en los nucleótidos 931-1567 de SEC ID

Nº: 1289), entre otros, demuestran eficacia en bloquear la reproducción del nematodo quístico de la soja (NQS). Cada uno de estos genes se encuentra entre las 16 entradas principales en la FIG 3.

También se probaron genes seleccionados o fragmentos de genes en un ensayo de raíz pilosa de la soja (por ejemplo, Narayanan y col., 1999) y tejidos vegetales demostraron resistencia a NQS como se muestra en la Tabla 5:

5 **Tabla 5. Resultados de ensayos en raíz pilosa que demuestran actividad de resistencia a NQS.**

Nombre del gen	Locus	Clase I	Clase II	Clase III	Clase IV	Exp total
Sec61 alfa	Y57G11C.15	2	1	2	0	7
Uba-1	C47E12.5	8	2	2	0	16
Kin-2	R07E4.6	20	8	3	4	32
Vab-10	ZK1151.1	1	1	2	0	7
Vha-15	T14F9.1	4	2	1	0	8
C34G6.6	C34G6.6	1	2	0	1	7
Y48B6A.3	Y48B6A.3	0	1	0	0	2
Crs-1	Y23H5A.7	1	0	0	0	2
Vha-12	F20B62	0	1	0	0	4
Pas-4	C36B1.4	2	0	0	0	6
Bli-3	F56C11.1	3	0	0	0	3
Cgh-1	C07H6.5	1	0	0	1	9
Let-767	C56G2.6	3	0	1	0	4
Pas-6	CD4.6	2	5	0	1	7
Ran-1	K01G5.4	2	2	0	0	5
Cyc-1	C54G4.8	1	0	0	0	2
Rpt-1	C52E4.4	2	0	0	0	6
Vha-13	Y49A3A.2	3	2	1	0	8
Top-1	M01E5.5	18	8	2	4	26
ZK1127.5	ZK1127.5	0	2	0	0	2
C26E6.4	C26E6.4	1	1	1	0	3
F52B11.3	F52B11.3	2	1	1	0	3
F01G10.1	F01G10.1	6	1	3	1	10
C23H3.4	C23H3.4	2	1	0	0	5
Cct-4	K01C8.10	3	1	0	0	4
F54B3.3	F54B3.3	0	1	0	0	2
Y55H10A.1	Y55H10A.1	3	1	1	0	6

Clasificación de eficacia para la Tabla 5

Clase IV: superior o igual al 50 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para control natural por vector vacío transgénico;

Clase III: 35 - 49 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para control natural por vector vacío transgénico;

Clase II: 20 - 34 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para control natural por vector vacío transgénico

Clase I: que tiene eventos de transformación individuales con mayor eficacia que la mayor eficacia del evento observada con control natural por vector vacío transgénico

Se prepararon plantas de soja transgénica que expresan fragmentos de genes que codifican, por ejemplo, Pas-4,

Pas-5, Cgh-1 o Pas-6, y estas plantas se probaron para resistencia a NQS. Los resultados se muestran en la Tabla 6, que demuestran la eficacia en reducir la infección y/o reproducción por NQS.

Tabla 6. Análisis de plantas transgénicas para resistencia a NQS

Nombre del gen	Locus	Promotor	Línea de soja	Clase I	Clase II	Clase III	Clase IV	Eventos totales probados
Pas-4	C36B1.4	FMV	Lee 74	6	3	1	0	12
			A3244	6	2	0	0	
Pas-5	F25H2.9	FMV	Lee 74	4	5	5	1	18
			A3244	0	1	0	0	
Pas-5	F25H2.9	E35S	Lee 74	2	4	4	2	16
			A3244	1	1	1	0	
Cgh-1	C07H6.5	FMV	Lee 74	4	2	2	2	11
			A3244	0	2	1	1	
Cgh-1	C07H6.5	E35S	Lee 74	5	13	2	2	27
			A3244	6	2	0	2	
Pas-6	CD4.6	FMV	Lee 74	5	1	2	1	14
			A3244	1	1	2	0	
Pas-6	CD4.6	E35S	Lee 74	7	5	0	0	20
			A3244	3	1	0	0	

Clasificación de eficacia para la Tabla 6:

Clase I: 10-20 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para Lee 74 o A3244;

Clase II: 20 - 35 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para Lee 74 o A3244;

Clase III: 36 - 50 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para Lee 74 o A3244;

Clase IV: >50 % de reducción en el número de quistes medio con respecto al número de quistes medio para Lee 74 o A3244

5 Referencias

Patentes de EE.UU. 4.536.475; 4.693.977; 4.886.937; 4.940.838;4.959.317; 5.015.580; 5.107.065; 5.110.732; 5.231.020; 5.283.184;5.302.523; 5.384.253; 5.464.763; 5.464.765; 5.501.967; 5.508.184;5.527.695; 5.538.880; 5.459.252; 5.550.318; 5.563.055; 5.591.616;5.593. 874; 5.633.435; 5.693.512; 5.698.425; 5.712.135;5.759.829; 5.780.708; 5.789.214; 5.804.693; 5.824.877; 5.837.848;5.981.840; 6.118.047; 6.160.208; 6.326.193; 6.384.301; 6.399.861;6.403.865; y 6.506.559.

Publicaciones de solicitud de patente de EE.UU. n° de serie 10/465.800; y 11/360.355

Publicaciones de EE.UU. 2002/0048814; 2003/0018993; 2003/0061626; 2003/0150017; 2003/0175965; 2004-0029283; 2004/0098761; 2004/0133943; 2005/0188438; 2006/0037101; 2006/0200878.

Aboobaker y Blaxter, Mol. Biochem. Parasitol., 129:41-51, 2003.

Altschul y col., J. Mol. Biol., 215:403-410, 1990.

Ashrafi y col., Nature, 421:268-72, 2003.

Ausubel y col., In: Current Protocols in Molecular Biology, John, Wiley & Sons, Inc, New York, 1998.

Barker y col., In: Plant and Soil Nematodes: Societal Impact and Focus for the Future, Comm. Natl. Needs Priorities Nematol., Cooperative State Research Service, US Dept. Arig. Soc. Nematologists, 1994.

Bevan y col., Nature, 304:184-187, 1983.

Böckenhoff and Grundler Parasitology 109: 249-254,1994.

Böckenhoff y col., Plant Physiol 112:1421-7, 1996.

Broothaerts y col., Nature, 433:629-633, 2005.

Brutlag y col., Computers and Chemistry, 17:203-207, 1993.

- De Meutter y col., *Mol Plant Path* 6:321-325, 2005.
- Dellaporta y col., In: *Chromosome Structure and Function: Impact of New Concepts*, 18th Stadler Genetics Symposium, 11:263-282, 1988.
- Elbashir y col., *Genes Dev.*, 5(2):188-200, 2001.
- 5 EP 0 120 516 and EP 0122 791.
- Fairbairn y col., "Plant Delivered RNAi (PD- RNAi): A novel strategy to control plant parasitic nematodes by inactivating nematode genes in planta", (Annual Meeting Abstract #372) American Society for Plant Biology, 2005.
- Fire y col., *Nature*, 391(6669):806-811, 1998.
- 10 Fraser y col., *Nature*, 408:325-330, 2000.
- Gheysen and Fenoll, *Annu. Rev. Phytopathol.* 40:191-219, 2002. Gonczy y col., *Nature*, 408:331-336, 2000.
- Gruber y col., en: *Vectors for Plant Transformation, Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology*, Glick and Thompson (Eds.), CRC Press, Inc., Boca Raton, 89-119, 1993. Hamilton and Baulcombe, *Science*, 286:950-952, 1999.
- 15 Hannon, *Nature*, 418:244-251, 2002
- Haymes y col., en: *Nucleic acid hybridization, a practical approach*, IRL Press, Washington, DC, 1985.
- Herrera-Estrella y col., *Nature*, 303:209-213, 1983.
- Hirel y col., *Plant Molecular Biology*, 20:207-218, 1992.
- Horsch y col., *Science*, 227:1229, 1985.
- 20 Hoth y col., *Plant Physiol* 138:383-392, 2005.
- Hussein y col., *Mol. Biochem. Parasitol.*, 122:91-94, 2002.
- Ikata y col., *Bio/Technol.*, 8:241-242, 1990.
- Jefferson y col., *EMBO J.*, 6:3901-3907, 1987.
- Juergensen y col., *Plant Physiol* 131:61-69, 2003.
- 25 Kaeppler y col., *Plant Cell Rep.*, 8:415-418, 1990.
- Karnath y col., *Genome Biol.*, 2:R02, 2001.
- Kamath y col., *Nature*, 421:231-237, 2003.
- Katz y col., *J. Gen Microbiol.*, 129:2703-2714, 1983.
- Klee y col., *Bio/Technol.*, 3:637-642, 1985.
- 30 Kwa y col., *J. Mol. Biol.*, 3:246:500-510, 1995.
- Lustigman y col., *Mol. Biochem. Parasitol.*, 138:165-70, 2004.
- Maeda y col., *Curr. Biol.*, 11: 171-176, 2001.
- Mazarei y col., *Mol Plant Path* 5:409-423, 2004.
- Martinez y col., *Cell*, 110:563-574, 2002.
- 35 McCarter y col., *Genome Biology*, 4:R26,1-19, 2003.
- McCarter, *Trends in Parasitology*, 20:462-468, 2004.
- McManus and Sharp, *Nat. Rev. Genet.*, 3:737-47, 2002.
- Miki y col., en: *Procedures for Introducing Foreign DNA into Plants, Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology*, Glick and Thompson (Eds.), CRC Press, Inc., Boca Raton, 67-88, 1993.
- 40 Moloney y col., *Plant Cell Reports*, 8:238, 1989.
- Narayanan y col., *Crop Sci.* 39:1680-1686, 1999.
- Odell y col., *Nature*, 313:810-812, 1985.
- Omirulleh y col., *Plant Mol. Biol.*, 21:415-428, 1993.
- Opperman y col., *Science* 263:221-223, 1994.
- 45 Ow y col., *Science*, 234:856-859, 1986.
- Padgett y col., *Crop Sci.*, 35:1451-1461, 1995.
- Papp y col., *Nature*, 424:194-197, 2003.
- Parkinson y col., *Nature Genetics*, 36:1259-1267, 2004.
- 50 WO 06/073727; WO 05/019408; WO 03/052110; WO 97/32016; WO 99/49029; WO 99/53050; WO94/01550; and WO98/05770.
- Piano y col., *Curr Biol.*, 10:1619-1622, 2000.
- Piano y col., *Curr Biol.*, 12:1959-64, 2002.
- Potrykus y col., *Mol. Gen. Genet.*, 199:183-188, 1985.
- 55 Redmond y col., *Mol. Biochem. Parasitol.*, 112:125-31, 2001.
- Reynolds y col., *Nat Biotechnol.* 22:326-330, 2004.
- Sambrook y col., (ed.), *Molecular Cloning Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY*, 1989.
- Simmer y col., *PLoS Biol.*, 1:E12, 2003.
- Sonnichsen y col., *Nature*, 434:462-469, 2005.
- 60 Sutcliffe, *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 75:3737-3741, 1978.
- Thurau y col., *Plant Mol Biol* 52:643-660, 2003.
- Urwin y col., *Mol. Plant Microbe. Interact.*, 15:747-752, 2002.
- Vaghchhipawala y col., *Genome* 47:404-413, 2004.
- Van Heeke and Schuster, *J. Biol. Chem.*, 264:5503-5509, 1989.
- Winston y col., *Science*, 295:2456-2459, 2002.
- 65 Zukowski y col., *Proc. Natl. Acad Sci. USA*, 80:1101-1105, 1983.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> MONSANTO TECHNOLOGY, LLC

5 <120> IDENTIFICACIÓN Y USO DE GENES DIANA PARA EL CONTROL DE NEMATODOS PARÁSITOS DE LAS PLANTAS

<130> MNDI:002WO

10 <140> EP 07756833.5
<141> 09-02-2007

<150> US 60/772.265
<151> 10-02-2006

15 <160> 1934

<170> PatentIn versión 3.3

20 <210> 1

<400> 1
000

25 <210> 2

<400> 2
000

30 <210> 3

<400> 3
000

35 <210> 4

<400> 4
000

40 <210> 5

<400> 5
000

45 <210> 6

<400> 6
000

50 <210> 7

<400> 7
000

55 <210> 8

<400> 8
000

60 <210> 9

<400> 9
000

65 <210> 10

ES 2 479 090 T3

	<400> 10 000
5	<210> 11 <400> 11 000
10	<210> 12 <400> 12 000
15	<210> 13 <400> 13 000
20	<210> 14 <400> 14 000
25	<210> 15 <400> 15 000
30	<210> 16 <400> 16 000
35	<210> 17 <400> 17 000
40	<210> 18 <400> 18 000
45	<210> 19 <400> 19 000
50	<210> 20 <400> 20 000
55	<210> 21 <400> 21 000
60	<210> 22 <400> 22 000
65	<210> 23 <400> 23

ES 2 479 090 T3

000
<210> 24
5 <400> 24
000
<210> 25
10 <400> 25
000
<210> 26
15 <400> 26
000
<210> 27
20 <400> 27
000
<210> 28
25 <400> 28
000
<210> 29
30 <400> 29
000
<210> 30
35 <400> 30
000
<210> 31
40 <400> 31
000
<210> 32
45 <400> 32
000
<210> 33
50 <400> 33
000
<210> 34
55 <400> 34
000
<210> 35
60 <400> 35
000
<210> 36
65 <400> 36
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 37
	<400> 37 000
5	<210> 38
	<400> 38 000
10	<210> 39
	<400> 39 000
15	<210> 40
	<400> 40 000
20	<210> 41
	<400> 41 000
25	<210> 42
	<400> 42 000
30	<210> 43
	<400> 43 000
35	<210> 44
	<400> 44 000
40	<210> 45
	<400> 45 000
45	<210> 46
	<400> 46 000
50	<210> 47
	<400> 47 000
55	<210> 48
	<400> 48 000
60	<210> 49
	<400> 49 000
65	<210> 50

ES 2 479 090 T3

	<400> 50 000
5	<210> 51 <400> 51 000
10	<210> 52 <400> 52 000
15	<210> 53 <400> 53 000
20	<210> 54 <400> 54 000
25	<210> 55 <400> 55 000
30	<210> 56 <400> 56 000
35	<210> 57 <400> 57 000
40	<210> 58 <400> 58 000
45	<210> 59 <400> 59 000
50	<210> 60 <400> 60 000
55	<210> 61 <400> 61 000
60	<210> 62 <400> 62 000
65	<210> 63 <400> 63

ES 2 479 090 T3

000
<210> 64
5 <400> 64
000
<210> 65
10 <400> 65
000
<210> 66
15 <400> 66
000
<210> 67
20 <400> 67
000
<210> 68
25 <400> 68
000
<210> 69
30 <400> 69
000
<210> 70
35 <400> 70
000
<210> 71
40 <400> 71
000
<210> 72
45 <400> 72
000
<210> 73
50 <400> 73
000
<210> 74
55 <400> 74
000
<210> 75
60 <400> 75
000
<210> 76
65 <400> 76
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 77
	<400> 77 000
5	<210> 78
	<400> 78 000
10	<210> 79
	<400> 79 000
15	<210> 80
	<400> 80 000
20	<210> 81
	<400> 81 000
25	<210> 82
	<400> 82 000
30	<210> 83
	<400> 83 000
35	<210> 84
	<400> 84 000
40	<210> 85
	<400> 85 000
45	<210> 86
	<400> 86 000
50	<210> 87
	<400> 87 000
55	<210> 88
	<400> 88 000
60	<210> 89
	<400> 89 000
65	<210> 90

ES 2 479 090 T3

	<400> 90 000
5	<210> 91 <400> 91 000
10	<210> 92 <400> 92 000
15	<210> 93 <400> 93 000
20	<210> 94 <400> 94 000
25	<210> 95 <400> 95 000
30	<210> 96 <400> 96 000
35	<210> 97 <400> 97 000
40	<210> 98 <400> 98 000
45	<210> 99 <400> 99 000
50	<210> 100 <400> 100 000
55	<210> 101 <400> 101 000
60	<210> 102 <400> 102 000
65	<210> 103 <400> 103

ES 2 479 090 T3

000
<210> 104
5 <400> 104
000
<210> 105
10 <400> 105
000
<210> 106
15 <400> 106
000
<210> 107
20 <400> 107
000
<210> 108
25 <400> 108
000
<210> 109
30 <400> 109
000
<210> 110
35 <400> 110
000
<210> 111
40 <400> 111
000
<210> 112
45 <400> 112
000
<210> 113
50 <400> 113
000
<210> 114
55 <400> 114
000
<210> 115
60 <400> 115
000
<210> 116
65 <400> 116
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 117
	<400> 117 000
5	<210> 118
	<400> 118 000
10	<210> 119
	<400> 119 000
15	<210> 120
	<400> 120 000
20	<210> 121
	<400> 121 000
25	<210> 122
	<400> 122 000
30	<210> 123
	<400> 123 000
35	<210> 124
	<400> 124 000
40	<210> 125
	<400> 125 000
45	<210> 126
	<400> 126 000
50	<210> 127
	<400> 127 000
55	<210> 128
	<400> 128 000
60	<210> 129
	<400> 129 000
65	<210> 130

ES 2 479 090 T3

	<400> 130 000
5	<210> 131 <400> 131 000
10	<210> 132 <400> 132 000
15	<210> 133 <400> 133 000
20	<210> 134 <400> 134 000
25	<210> 135 <400> 135 000
30	<210> 136 <400> 136 000
35	<210> 137 <400> 137 000
40	<210> 138 <400> 138 000
45	<210> 139 <400> 139 000
50	<210> 140 <400> 140 000
55	<210> 141 <400> 141 000
60	<210> 142 <400> 142 000
65	<210> 143 <400> 143

ES 2 479 090 T3

000
<210> 144
5 <400> 144
000
<210> 145
10 <400> 145
000
<210> 146
15 <400> 146
000
<210> 147
20 <400> 147
000
<210> 148
25 <400> 148
000
<210> 149
30 <400> 149
000
<210> 150
35 <400> 150
000
<210> 151
40 <400> 151
000
<210> 152
45 <400> 152
000
<210> 153
50 <400> 153
000
<210> 154
55 <400> 154
000
<210> 155
60 <400> 155
000
<210> 156
65 <400> 156
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 157
	<400> 157 000
5	<210> 158
	<400> 158 000
10	<210> 159
	<400> 159 000
15	<210> 160
	<400> 160 000
20	<210> 161
	<400> 161 000
25	<210> 162
	<400> 162 000
30	<210> 163
	<400> 163 000
35	<210> 164
	<400> 164 000
40	<210> 165
	<400> 165 000
45	<210> 166
	<400> 166 000
50	<210> 167
	<400> 167 000
55	<210> 168
	<400> 168 000
60	<210> 169
	<400> 169 000
65	<210> 170

ES 2 479 090 T3

	<400> 170 000
5	<210> 171 <400> 171 000
10	<210> 172 <400> 172 000
15	<210> 173 <400> 173 000
20	<210> 174 <400> 174 000
25	<210> 175 <400> 175 000
30	<210> 176 <400> 176 000
35	<210> 177 <400> 177 000
40	<210> 178 <400> 178 000
45	<210> 179 <400> 179 000
50	<210> 180 <400> 180 000
55	<210> 181 <400> 181 000
60	<210> 182 <400> 182 000
65	<210> 183 <400> 183

ES 2 479 090 T3

000
<210> 184
5 <400> 184
000
<210> 185
10 <400> 185
000
<210> 186
15 <400> 186
000
<210> 187
20 <400> 187
000
<210> 188
25 <400> 188
000
<210> 189
30 <400> 189
000
<210> 190
35 <400> 190
000
<210> 191
40 <400> 191
000
<210> 192
45 <400> 192
000
<210> 193
50 <400> 193
000
<210> 194
55 <400> 194
000
<210> 195
60 <400> 195
000
<210> 196
65 <400> 196
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 197
<400> 197
000
<210> 198
<400> 198
000
10 <210> 199
<400> 199
000
15 <210> 200
<400> 200
000
20 <210> 201
<400> 201
000
25 <210> 202
<400> 202
000
30 <210> 203
<400> 203
000
35 <210> 204
<400> 204
000
40 <210> 205
<400> 205
000
45 <210> 206
<400> 206
000
50 <210> 207
<400> 207
000
55 <210> 208
<400> 208
000
60 <210> 209
<400> 209
000
65 <210> 210

ES 2 479 090 T3

	<400> 210 000
5	<210> 211 <400> 211 000
10	<210> 212 <400> 212 000
15	<210> 213 <400> 213 000
20	<210> 214 <400> 214 000
25	<210> 215 <400> 215 000
30	<210> 216 <400> 216 000
35	<210> 217 <400> 217 000
40	<210> 218 <400> 218 000
45	<210> 219 <400> 219 000
50	<210> 220 <400> 220 000
55	<210> 221 <400> 221 000
60	<210> 222 <400> 222 000
65	<210> 223 <400> 223

ES 2 479 090 T3

000
<210> 224
5 <400> 224
000
<210> 225
10 <400> 225
000
<210> 226
15 <400> 226
000
<210> 227
20 <400> 227
000
<210> 228
25 <400> 228
000
<210> 229
30 <400> 229
000
<210> 230
35 <400> 230
000
<210> 231
40 <400> 231
000
<210> 232
45 <400> 232
000
<210> 233
50 <400> 233
000
<210> 234
55 <400> 234
000
<210> 235
60 <400> 235
000
<210> 236
65 <400> 236
000

ES 2 479 090 T3

<210> 237
<400> 237
000
5
<210> 238
<400> 238
000
10
<210> 239
<400> 239
000
15
<210> 240
<400> 240
000
20
<210> 241
<400> 241
000
25
<210> 242
<400> 242
000
30
<210> 243
<400> 243
000
35
<210> 244
<400> 244
000
40
<210> 245
<400> 245
000
45
<210> 246
<400> 246
000
50
<210> 247
<400> 247
000
55
<210> 248
<400> 248
000
60
<210> 249
<400> 249
000
65
<210> 250

ES 2 479 090 T3

	<400> 250 000
5	<210> 251 <400> 251 000
10	<210> 252 <400> 252 000
15	<210> 253 <400> 253 000
20	<210> 254 <400> 254 000
25	<210> 255 <400> 255 000
30	<210> 256 <400> 256 000
35	<210> 257 <400> 257 000
40	<210> 258 <400> 258 000
45	<210> 259 <400> 259 000
50	<210> 260 <400> 260 000
55	<210> 261 <400> 261 000
60	<210> 262 <400> 262 000
65	<210> 263 <400> 263

ES 2 479 090 T3

000
<210> 264
5 <400> 264
000
<210> 265
10 <400> 265
000
<210> 266
15 <400> 266
000
<210> 267
20 <400> 267
000
<210> 268
25 <400> 268
000
<210> 269
30 <400> 269
000
<210> 270
35 <400> 270
000
<210> 271
40 <400> 271
000
<210> 272
45 <400> 272
000
<210> 273
50 <400> 273
000
<210> 274
55 <400> 274
000
<210> 275
60 <400> 275
000
<210> 276
65 <400> 276
000

ES 2 479 090 T3

<210> 277
<400> 277
000
5
<210> 278
<400> 278
000
10
<210> 279
<400> 279
000
15
<210> 280
<400> 280
000
20
<210> 281
<400> 281
000
25
<210> 282
<400> 282
000
30
<210> 283
<400> 283
000
35
<210> 284
<400> 284
000
40
<210> 285
<400> 285
000
45
<210> 286
<400> 286
000
50
<210> 287
<400> 287
000
55
<210> 288
<400> 288
000
60
<210> 289
<400> 289
000
65
<210> 290

ES 2 479 090 T3

	<400> 290 000
5	<210> 291 <400> 291 000
10	<210> 292 <400> 292 000
15	<210> 293 <400> 293 000
20	<210> 294 <400> 294 000
25	<210> 295 <400> 295 000
30	<210> 296 <400> 296 000
35	<210> 297 <400> 297 000
40	<210> 298 <400> 298 000
45	<210> 299 <400> 299 000
50	<210> 300 <400> 300 000
55	<210> 301 <400> 301 000
60	<210> 302 <400> 302 000
65	<210> 303 <400> 303

ES 2 479 090 T3

000
<210> 304
5 <400> 304
000
<210> 305
10 <400> 305
000
<210> 306
15 <400> 306
000
<210> 307
20 <400> 307
000
<210> 308
25 <400> 308
000
<210> 309
30 <400> 309
000
<210> 310
35 <400> 310
000
<210> 311
40 <400> 311
000
<210> 312
45 <400> 312
000
<210> 313
50 <400> 313
000
<210> 314
55 <400> 314
000
<210> 315
60 <400> 315
000
<210> 316
65 <400> 316
000

	<210> 317
	<400> 317 000
5	<210> 318
	<400> 318 000
10	<210> 319
	<400> 319 000
15	<210> 320
	<400> 320 000
20	<210> 321
	<400> 321 000
25	<210> 322
	<400> 322 000
30	<210> 323
	<400> 323 000
35	<210> 324
	<400> 324 000
40	<210> 325
	<400> 325 000
45	<210> 326
	<400> 326 000
50	<210> 327
	<400> 327 000
55	<210> 328
	<400> 328 000
60	<210> 329
	<400> 329 000
65	<210> 330

ES 2 479 090 T3

	<400> 330 000
5	<210> 331 <400> 331 000
10	<210> 332 <400> 332 000
15	<210> 333 <400> 333 000
20	<210> 334 <400> 334 000
25	<210> 335 <400> 335 000
30	<210> 336 <400> 336 000
35	<210> 337 <400> 337 000
40	<210> 338 <400> 338 000
45	<210> 339 <400> 339 000
50	<210> 340 <400> 340 000
55	<210> 341 <400> 341 000
60	<210> 342 <400> 342 000
65	<210> 343 <400> 343

ES 2 479 090 T3

000
<210> 344
5 <400> 344
000
<210> 345
10 <400> 345
000
<210> 346
15 <400> 346
000
<210> 347
20 <400> 347
000
<210> 348
25 <400> 348
000
<210> 349
30 <400> 349
000
<210> 350
35 <400> 350
000
<210> 351
40 <400> 351
000
<210> 352
45 <400> 352
000
<210> 353
50 <400> 353
000
<210> 354
55 <400> 354
000
<210> 355
60 <400> 355
000
<210> 356
65 <400> 356
000

5 <210> 357
<400> 357
000
<210> 358
<400> 358
000
10 <210> 359
<400> 359
000
15 <210> 360
<400> 360
000
20 <210> 361
<400> 361
000
25 <210> 362
<400> 362
000
30 <210> 363
<400> 363
000
35 <210> 364
<400> 364
000
40 <210> 365
<400> 365
000
45 <210> 366
<400> 366
000
50 <210> 367
<400> 367
000
55 <210> 368
<400> 368
000
60 <210> 369
<400> 369
000
65 <210> 370

ES 2 479 090 T3

	<400> 370 000
5	<210> 371 <400> 371 000
10	<210> 372 <400> 372 000
15	<210> 373 <400> 373 000
20	<210> 374 <400> 374 000
25	<210> 375 <400> 375 000
30	<210> 376 <400> 376 000
35	<210> 377 <400> 377 000
40	<210> 378 <400> 378 000
45	<210> 379 <400> 379 000
50	<210> 380 <400> 380 000
55	<210> 381 <400> 381 000
60	<210> 382 <400> 382 000
65	<210> 383 <400> 383

ES 2 479 090 T3

000
<210> 384
5 <400> 384
000
<210> 385
10 <400> 385
000
<210> 386
15 <400> 386
000
<210> 387
20 <400> 387
000
<210> 388
25 <400> 388
000
<210> 389
30 <400> 389
000
<210> 390
35 <400> 390
000
<210> 391
40 <400> 391
000
<210> 392
45 <400> 392
000
<210> 393
50 <400> 393
000
<210> 394
55 <400> 394
000
<210> 395
60 <400> 395
000
<210> 396
65 <400> 396
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 397
	<400> 397 000
5	<210> 398
	<400> 398 000
10	<210> 399
	<400> 399 000
15	<210> 400
	<400> 400 000
20	<210> 401
	<400> 401 000
25	<210> 402
	<400> 402 000
30	<210> 403
	<400> 403 000
35	<210> 404
	<400> 404 000
40	<210> 405
	<400> 405 000
45	<210> 406
	<400> 406 000
50	<210> 407
	<400> 407 000
55	<210> 408
	<400> 408 000
60	<210> 409
	<400> 409 000
65	<210> 410

ES 2 479 090 T3

	<400> 410 000
5	<210> 411 <400> 411 000
10	<210> 412 <400> 412 000
15	<210> 413 <400> 413 000
20	<210> 414 <400> 414 000
25	<210> 415 <400> 415 000
30	<210> 416 <400> 416 000
35	<210> 417 <400> 417 000
40	<210> 418 <400> 418 000
45	<210> 419 <400> 419 000
50	<210> 420 <400> 420 000
55	<210> 421 <400> 421 000
60	<210> 422 <400> 422 000
65	<210> 423 <400> 423

ES 2 479 090 T3

000
<210> 424
5 <400> 424
000
<210> 425
10 <400> 425
000
<210> 426
15 <400> 426
000
<210> 427
20 <400> 427
000
<210> 428
25 <400> 428
000
<210> 429
30 <400> 429
000
<210> 430
35 <400> 430
000
<210> 431
40 <400> 431
000
<210> 432
45 <400> 432
000
<210> 433
50 <400> 433
000
<210> 434
55 <400> 434
000
<210> 435
60 <400> 435
000
<210> 436
65 <400> 436
000

ES 2 479 090 T3

<210> 437
<400> 437
000
5
<210> 438
<400> 438
000
10
<210> 439
<400> 439
000
15
<210> 440
<400> 440
000
20
<210> 441
<400> 441
000
25
<210> 442
<400> 442
000
30
<210> 443
<400> 443
000
35
<210> 444
<400> 444
000
40
<210> 445
<400> 445
000
45
<210> 446
<400> 446
000
50
<210> 447
<400> 447
000
55
<210> 448
<400> 448
000
60
<210> 449
<400> 449
000
65
<210> 450

ES 2 479 090 T3

	<400> 450 000
5	<210> 451 <400> 451 000
10	<210> 452 <400> 452 000
15	<210> 453 <400> 453 000
20	<210> 454 <400> 454 000
25	<210> 455 <400> 455 000
30	<210> 456 <400> 456 000
35	<210> 457 <400> 457 000
40	<210> 458 <400> 458 000
45	<210> 459 <400> 459 000
50	<210> 460 <400> 460 000
55	<210> 461 <400> 461 000
60	<210> 462 <400> 462 000
65	<210> 463 <400> 463

ES 2 479 090 T3

000
<210> 464
5 <400> 464
000
<210> 465
10 <400> 465
000
<210> 466
15 <400> 466
000
<210> 467
20 <400> 467
000
<210> 468
25 <400> 468
000
<210> 469
30 <400> 469
000
<210> 470
35 <400> 470
000
<210> 471
40 <400> 471
000
<210> 472
45 <400> 472
000
<210> 473
50 <400> 473
000
<210> 474
55 <400> 474
000
<210> 475
60 <400> 475
000
<210> 476
65 <400> 476
000

ES 2 479 090 T3

<210> 477
<400> 477
000
5
<210> 478
<400> 478
000
10
<210> 479
<400> 479
000
15
<210> 480
<400> 480
000
20
<210> 481
<400> 481
000
25
<210> 482
<400> 482
000
30
<210> 483
<400> 483
000
35
<210> 484
<400> 484
000
40
<210> 485
<400> 485
000
45
<210> 486
<400> 486
000
50
<210> 487
<400> 487
000
55
<210> 488
<400> 488
000
60
<210> 489
<400> 489
000
65
<210> 490

ES 2 479 090 T3

	<400> 490 000
5	<210> 491 <400> 491 000
10	<210> 492 <400> 492 000
15	<210> 493 <400> 493 000
20	<210> 494 <400> 494 000
25	<210> 495 <400> 495 000
30	<210> 496 <400> 496 000
35	<210> 497 <400> 497 000
40	<210> 498 <400> 498 000
45	<210> 499 <400> 499 000
50	<210> 500 <400> 500 000
55	<210> 501 <400> 501 000
60	<210> 502 <400> 502 000
65	<210> 503 <400> 503

ES 2 479 090 T3

000
 <210> 504
 5 <400> 504
 000
 <210> 505
 <211> 4554
 10 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_544;
 15 coordenadas = 414..516
 ,571..770,826..999,1053..1206,1261..1487,1533..1646,1694..1879,1940..2062,2107..222
 0,2273..2438,2500..2708,2757..2861,2912..3058 ,3115..3189,3234..3438,....
 <220>
 20 <223> coordenadas de ADNc genómica virtual = 3490..3677,3725..3931,3990..4076,4126..4226,4274..4409
 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_786;
 25 coordenadas = 414..516,571..770,826..999
 ,1053..1206,1261..1487,1533..1646,1694..1879,1940..2062,2107..2220
 ,2273..2438,2500..2708,2757..2861,2912..3058,3115..3189,3234..3438 ,3490..3677,3725..3931,....
 <220>
 30 <223> coordenadas codificantes = 3990..4076,4126..4226,4274..4409
 <220>
 <223> Secuencia peptídico = SecID_1031
 35 <400> 505
ttcgaccaat tcgagattcc gaaaccaaat tcgaacaaaa agtcgaaaat tcaaaatfff 60
cgaatttcgg gtttttggcc gaacaaggtc taaatacatt aaaatgaact ttaatgtcat 120
cagtgcttca ataaaagatt gtttaaacca tttttagcct aaaaatcaaa attcgaaatt 180

ES 2 479 090 T3

tttgaatfff cgactfffttg ttogaatfftg gtttcggaat ctogaattgg togaatgga 240
 tgtcgtattc gtgatcagcg accccgaaaa cccaataata cttgttttca ggagttttta 300
 aacccaaaaa aaaattgaaa atttctggcc aaaaaagggg acccaaaccc aatgagtacc 360
 gccgcgacaa atgcctttga tataattggt tattgtggtt tttcctggtt agttatgcgc 420
 ttggacattc cgccatggaa cacttgcgca aggcgtcggg tctcgtcagt ggcctcggct 480
 ccgtgggctg ggaggtggcg aagaatctga tccttgggtc cgccattctt tgattttact 540
 ttgcatgact aaacaatcgc cgcttttcag ggggtgttcg ctgggtgact cttcacgaca 600
 caaaagcgtt ggcgttcaga gatttgtcgg cgcatttcta cgccaaggaa agcgacgtgg 660
 gaacgaaccg tgccaaagt ttgcttcgaca aattggcggg gctcaacgac actgtgaact 720
 gtgcattgtc tgtggaaaat ctgtcggagg atttcgtcaa acaattcgcg gtcagcaaac 780
 gcttccttcc ttttcccgtc tcgcctaatt ccgtcgttct ttcagttggt cgttctcacc 840
 gacgcgtcct tttccactca gacggaagtg aacggttgga tgcgcaacca tcgcaaaatg 900
 ttcattctcg cagacgcgcg cggacttttc tcttatgcat ttgtggactt gggcgacgaa 960
 ttcgttgtga acgattccga cggggagacg tgcaaagagg tggaaattgg aataattaat 1020
 ttaattgcga attgaatggt tccgattttc aggtgctcgt tgagtacatc gactgcgaaa 1080
 gccgcgacat gacgacactc gaaggcgcgt ttcaccagtt ggaggacggg gaccacgttg 1140
 tgttcaccga ctttgagcac gccgaactga acgaacttcc accagtcca gtcactttga 1200
 agggaagtga gtgccaccac tgatcatttg ttggttcatc tacagtcctc ccatttttag 1260
 gcaaagtctt caacattgga aatgctctcg cggccttttc tggcgcagtt caaggccccg 1320
 tttcgcgttg acgtgttcag caagtcaaag tgcccaagaa aatgtccttc aagccattgt 1380
 ctgcgcactc cgccgagccc gactttatga tttgggactt tgccaagttc gacgaacctg 1440
 cacaacttca cgccctttgg caggctttgt acagttttga ggagatggtt cgtcatcttg 1500
 cgactttcca tttggttggg ttttctttc agaaaaacta cagcccttg ccccgttccg 1560
 atgccgacgc aaaattgta aaggaaatgc tgccaaaaga tgcgcccga atgccggact 1620
 cactgctctt caacttctct taccaggtcc cttttgtgcc tttttcaact togaattcct 1680
 cccccgtctt aaggcgtgcg gaaatctcca accatcgtct tcgctcatcg gcggtttggt 1740
 ggcccaagag gcgatgaagg cagtgcgca ccacacgacg cccctcaagc agtttctgta 1800
 caccgattct cttgaggcgt tgccgggctc cgattcgacc tttgacgccg ccaagtggga 1860
 gaagaacgat tgtgcaccgg tgagtffffg gacggacaac taattgctgt tggagtgttc 1920
 aaaaactgtc catttgcagc gcaacaatcg ctacgacgga caggcggccg tttcgggtg 1980
 ggcctttcag gaggcgctgc agcaacagaa atggttcatt gttggcgcgg gagcgattgg 2040
 ctgtgagctg ctgaagaaca tggtcagtca tttgctgcca attgtaataa aagtacgttt 2100
 tgccaggcga tgatgggctt gggctgtggc aacagtggct cgctgaccat caccgacccc 2160

ES 2 479 090 T3

gacaccatcg aagtgtccaa tttgaaccgc cagtttctgt ttcgtcgtcc tgatgttggg 2220
gtcagttgcg agtottaat gttaccaaat tcttgtcatc gcctttctgt agaaaaagaa 2280
gtccgaagtc gccgcccgtt ccgtcaaagc gtttaactcg accattcaca tcaatccgat 2340
gtctgagatc gtcgccgagt cgaccgagca catcttcggc gacgacttct tcgccctct 2400
gaacggcgtc tgtaatgcmc tggacaatgt cgaagcacgt aagaaattag gagaaggggg 2460
ggggcagact caaattggca cttttgccca ttttgccagg ccgttacggt gaccgccgct 2520
gcgtgtacta tcagcttccg ctgctcaggt ccggcacaat gggcgcaaag ggcaacacgc 2580
aagtgtctt ccgcacttg acggagtctt acggctccac gtccgaaccg ccogagaag 2640
agacgccat ctgcacgctg cgcaatttcc cctaccaaat ccatcacacc attcaatggg 2700
cgcgagctgt gaaatttatt gacctaatth cagttgtagg aaaagtcccg ttttaagaagt 2760
tcaccgacta tttcacttcg gttgcggaga cggtaacca atacttgac aatgtgaacg 2820
actttttgca ccgagtgaac caaatgactt tttctcagcg ggtcctttct ttttccatct 2880
tttatctttt tttatccgag ttcttttgca gatcgaagtg ctcagtacgc ttgagcgtgc 2940
gttggctgtc gaatacccga aaaatgcccga agaatgtgtg agttggccc gtgaactgtt 3000
cgacacgctt taccacaacg acattgccca aatgctgcac aatttccctt ccagcatggt 3060
cgttttctt tccatccatc catttttttc tttttatat aaatttgctt ttagcttact 3120
gcccaggcg acaaattttg gagtggaaac aaacgctgtc cgcacacttt gaacttcgac 3180
gttaacaacg tgactgccca atttaagcca atgaaccctg tgtccatth tagcctgaac 3240
acttcgagtt cgtcttctcc gcttccatth tgggtgccca atcttacagt ttggctccga 3300
tcactgagcg caaaaaagtg gcacaattgg ccatggcgta ctgctccaaa ccgttcagac 3360
cacaagaggg agtgccatc gctgtgaccg acgcccgggc gactgccaat gatggcaaca 3420
cagcaaatgg cgatggaggt gggcattttt gattcattta tcatcatatt ttcgattaca 3480
atthtccaga cgaaactgta cttcggctga acgatctgaa cgtgaaattg gccaggtga 3540
acttgagaa cattcggcg atgacgccca ttgactttga gaaggacgac gactccaacc 3600
accacgtcga cttcgtgacg agtgcctcca atthgcgagc cgataattac gacatcgaaa 3660
aggctgatcg gatgaaagtg ggttgatttc tcgacggatt tatcccgaat gatttcgat 3720
tcagacaaaa caaattgcmc gcaaatcat cccggcgttg gccaccacaa ctgcccctgt 3780
ctcagggtc gtctgcatc aactctaca aaccattgag gcgatggaa ggcgctcagc 3840
ggctcagatc gaacacatca aaaatgcatt tatcaacttg gctacgcctt tcattgcgtt 3900
cagcgagccg ggcaaagcmc agaagaagaa ggtgagtttt gattctgttt gggctatth 3960
cgtcattcgt tathttctcc gcttttcagt acctcgacat tgacttcaact ctttgggacc 4020
gtttcgaagt tgacggaccg atgacattgg ggcaactgat tgattgggtt gaggtggtca 4080

ES 2 479 090 T3

ttgcttccac cgtttaactt tttgcatttt tttctgttcg tttagagtaa gagtggcctc 4140
 accgtttcaa tgatttcttc cggcgtctcc cttttgatg cgttctttca gcccgcagaa 4200
 aaagttgccg agcgcaagaa catggagtga gttttaattg gctttttgtt tctgtttaat 4260
 tgtcaaactt cagtcttatt gcggttttcg aggaagtgtc tctgggcaaa gtgccggacc 4320
 atcgccgagc gatcgttctt gaggcgttga cccagaatga ggaaaacgaa gacgttgata 4380
 tcccattcat taaatataat ttccgttaaa tcattgttct ttgagtacgc tgtatattgg 4440
 atattgttgt gtctagagat cggaaattat acaatgctgt ttaggctatc aggacttgaa 4500
 aaaattgggc gcaattgtct gagccgcaaa cacactgac attatttctt caat 4554

5 <210> 506
 <211> 2252
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

10 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_545;
 coordenadas = 1699..1622 ,1310..1023,967..884,837..651,604..518,466..350,298..206,150..71

15 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_787; coordenadas = 1699..1622,1310..1023,967..884,
 837..651,604..518,466..350,298..206,150..71

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1032

20 <400> 506

cggtaatgag ggggtggggg ggagagtgat cggcgatcaa ttctttggcc gccaaagatc 60
 tgccggctcg tcaagtcac agcttcacgt acgaattgta attggacacg tgcgccttga 120
 gaatctcacg caccggacc atcacgcgct ctgaaggcaa ttaattggcc aatgtgaaat 180
 ggtggaaaat gccaaacaaa ctgaccaaat cgtgcccggc ocaatttcag acatttcagc 240
 agagttttgg ccacgacggt ggcggcacga gggcgatcga gaaggagggc gatttcccct 300
 ttaatgagcc ggtaattaat gcagcggagg agtgagtgcc aaaaccgacc gaaatagtca 360
 gaggggccca attttccgac cacttcgaag ggcgcgtcgt cgttcggtct ctgcagcacc 420
 tcagcttcgc cctccacaat gatgaagaat tctccccag gatgtcctta aatggctcgt 480
 aattgccctc cgtctgtctt ccccttcgct cttttaccct gctccaccac gtgggtgccc 540
 gaggggaatt ggcaactgtc caacgcatcc gccacattgg ccctttccca tttgtctaag 600
 tcggctgtaa aagagagaag aatgaatggg gcagaatggc attatattac caagaatctg 660
 aactttgctc aggaattcgt cgtacatttt ccgctttcgc atcgtcgacc ccataagaat 720
 ggcgcggtaa gtgatgagg cgtatggcca cagtttgacc gtgttcgtct tgcgcactac 780
 ggtggctgcg cgcggagtgc cataaatcag tgccaactcg ccaaatgaac ctccctcctt 840
 caaaaaacag tttaaagcat ttgcggtgct ctttcogtca caccttaatg ctcaacacga 900
 actcgccatt gacgaacaca tgcacctcgc cactgtcaat cacataaaaa ttgtcgcctt 960

ES 2 479 090 T3

cttcaccctg aattgtcaat tgtccgtcct ttgtcgtoca atttgcttcg cttttcctcc 1020
 acctgctcaa tgattgtctc cccgaggtgt ttctccaccg gaaacatggc gtcgaaaatg 1080
 gccttttcct cgtccaagtc caaatgcgca aacagcacat ttttgacacat cgccgctcgc 1140
 aaagcctttt gcacgtcgtc gtctttcggg atgaccactc gctggttaatt ggccgcctca 1200
 ttttcgtccg gcacctccgc cgacacgccc aaccgacggc gattgccctg gggcagtcgg 1260
 ggcggctcct ccaaagtgtc gtcgtcatcc ggcacggaat ggacagtttc ctatgaattt 1320
 atgggagggg gaatttgca taaaaggag tccaagaaaa aaatgctatt ccatataaac 1380
 caactaatga aacgattgag tgcccgcaaa aagagagtta accttttgag aagcgaaccg 1440
 ttgcattttg aaataattag ggacaaatga gggattgggc aaaggcaaag ttgggatggg 1500
 agaaagcgag gtttgacag ccgaagagaa gcggtcgcgc aaatcgacc cgaaatgta 1560
 gccttagcgc cccctcagca gatccgcgga atttttcatt caattcgagg aaaatgcaaa 1620
 catcggacgg acggaggaaa cggacgcggt tctcaaactc accacggaga cggacaatca 1680
 acattctcat gcactccatc aagtcacgcg aataaacat caaaattcaa atgctctctt 1740
 ctcttcctcc cccctccatt ggccatctct ccgatgtttc ccccattttc ctctctcgtc 1800
 catttgctcc cttctcccct ccttttgctc cattatcctc gtctcattat tttcttcctc 1860
 ctctttatct atctgcttct gatcaccttg tttgtcttct cggccaaaac ctttcttggt 1920
 gaccctctc cgccgccttc cctttgctgc gcctgogaat tctcttccc tttccctcc 1980
 gcctctccgg cgctaagatt tgccgctcgc cggcgcaaat tggcfaatg ttgaccatc 2040
 tgaccgaaag cacttcagag agagccaaaa tcaacacgca atttgcatg accagccgaa 2100
 attgccaaga ataagcggag atacgacgaa ggattagcca atttggtgaa ggaaataagg 2160
 catgaaagaa ggggagagat gaaggcgaag aacgaatgaa aaacggcgga tgacgacgaa 2220
 tgaacgcttc tcgggggacg agggggaaga tg 2252

<210> 507

5 <400> 507
000

<210> 508

<211> 7265

10 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

15 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual= SecID_547;
 coordenadas = 6173..6048,5864..5722,5653..5485,5422..5376,5037..4901,4511..4426,4078..3892
 ,3420..3089,27 42..2623,2119..2008,1908..1860,1404..1174,452..296 ,117..1

<220>

20 <223> Secuencia codificante = SecID_811;
 coordenadas = 6173..6048,5864..5722,5653..5485,5422..5376,5037..4901,4511..4926,4078..3892,3420..3089
 ,27 42..2623,2119..2008,1908..1860,1404..1174,452..296,117..1

<220>

ES 2 479 090 T3

<223> Secuencia peptídica = SecID_1053

<400> 508

```

cgtttgctgc tcatgttggt gctggtgtgc caacagttgt tggccaccaa tgttgcgccg      60
ctttcgtcgt ccatgggaca tgaacagttc gttggtgccc gaggccaagc agttgctcta      120
cagtagagtg agatgaatat ttgccaat tttgtgcaa agtccaggct tttttttaa      180
tgtcagctc taatctcatc aaattccaga atattctcta aatggcttgg aattcagtac      240
ggtgtcatgg tactgtaatg aatgaacaca tttttgtg cgaaaaatca cggaccggcg      300
gacatccggt gggccggca cagaacatga cggtcacac aatttgtatg tcgtaggagc      360
cgtccaaacg gaacgccttc atctcggcct tgagtcgatt cttgtcaaag tcttgctcca      420
ccgggccaac cagggcaggg tagcggggac agctttaaag agtgccgtaa ataattccgg      480
ccgttaaag tggcacttcc cactcccat ttgaaataa gtggcacgga ctctaaaaag      540
gcgacacctt tcataaatgc caaggcaaac gacgatagag atgaaaaaag atgaaaaaca      600
atTTTTTTTT tttgaatgga gcataccaat tgaactgtt caaaaacacg ccatggacc      660
cccaagcccg tagccaggaa aaattttcgg ggggggggtt tttttttttt tttttttttt      720
gcaaatttat ccaataattt tttttcctg ctgggtaaca actggctttt ttgactaaa      780
aatgaccaa ttttgccgt ttaaggcaa aaaacttga aaaatagtgg aaaatgtagg      840
tccggcggtg ccgataggcg ccgccgaaa caaatttttg gaaattgag tgctattgt      900
tacgaaaatt gtctataaaa tttttaaatt ttcgtttggg gggggcaatt cgaaaaaatt      960
ttccattatt tgctgaaaa ttttaaaaa ttttcattc ggggggggga attcccccc      1020
cttccccccc cctggctacg ggcctgggac cccccccgt aaaaagatgg caaatgcttt      1080
acaaaaattg cccctccca aaaaagcaa taccatacaa aaattgcaa aaaaacggca      1140
aatgccatac aaagagcatt ggctcctcct caccgttgt cgatgatggt gaatggcact      1200
ggctcgcctt cgcgccccac ccgagtggcc acacattcgg tgaccatcat attgtggggc      1260
ccggcctgct cgctgttcac caccaagtgc agctgatcac cgatggatgc cttctccagc      1320
ggttggttgt ccttgtcgag gaacgacagt tgcgcagtga tcggcggcgg tgtgccggcg      1380
ctcagcactt ggggctcggc ctcccttga tgggtggaca aacaattaat aggattgta      1440
attaattagt agtcggatac aaaaaataa aaataaacac aagaattaat taatgagttt      1500
gggttggaat tggacattga atgaaattt gccaatgtag cgctcaatta attaattaa      1560
ctaattaata agttggtggg tgtgaaaatt gtcgatgag ttaattagtt caggccattt      1620
ttcagcaagc tggattatac aaattaatta aattaattat taacgaatga ttttgggatg      1680
aaatttgcca atgaagccag tgcttattaa ttagtcaact aattaatgag tggggttaa      1740

```

ES 2 479 090 T3

aattgttatg ttaattaatt aagtattaaa ttagttaatt cataataact gggctgggtc 1800
cccgtagccc aattcaaaat attctaaacg cactatcggt tcccgactga cagacaaact 1860
ttgtctogaa tatggtggtt acgatcactg tgccctcaaa gcggggttct tggccggcgg 1920
catcgcacc tccggcacca ccgcccgcgc ctccggcact gactacggca ccgccagcgc 1980
tggtgctggt ccgcaccaag cgggtcaatgt ccatgttcac gtcgcatgac acgcggtaga 2040
agcgttccca ctccgtggtg acctggtgcg gcaaacctcc gtccaacgag acgaccacca 2100
acgcctocaa ttgcccgtcc tgtggacaga aagatTTTTg ataaagcaat tcgTTTTgat 2160
aaaaaacag aggaggtctg atcagctttt accggcaatg attggacaaa tttatatctg 2220
atTTTgatca agcaccatt tcctattggt atatttattt gatcaaaaaa agacaatggg 2280
tctgattggc ttttgtccgc aattatagga caaatgtata atTTTatgat ctggttatga 2340
tttatttggg caataatacc ctcccccaat cagtgaccaa atgatttatt ggtattttaa 2400
ttcaaatTTa tcaacaagcc acaagtctcc agagcgcatt gccagaaaaa ggaaaaagct 2460
cattgttgct actaaatagg ctcttcttgc aaaaagctga ggctatttaa atcagaaact 2520
gattgattgt atggcttatt cagtctgatc aaattcaaag taatgctttg aagagaaact 2580
gatcaggaga agagcaataa actaatTcc ttgcttttgg accttaattg tagtgccaca 2640
tgcccggcgc acatttggcg gcgggaatgt gatggaatt tgctttgcat tctcgaccac 2700
ttgggagcac gtgctgaact tctccgccgc ataaatggca cccttaaattg gagcgggggg 2760
ggggggggct taattcagaa aaaacgcata aaaagaaaaa aacgaagTTa agTTaaatta 2820
aatggttGta aattctggac aatttctctc ccccccccc cccgtccgat aaattaaaaa 2880
aaatTTtata agaaattTca ttgaatatgc ttttaaattc ctgaaaattt tcaacaattt 2940
ttatTTtgaa ttttttTaat tttccatgag ggcggaacg gactgctacc aaatgact 3000
attattggtt aacgagccgg accatttTct tgagaaattt caagaaacat ttttttGtaa 3060
cgccggccca accgtcgaac agacggaccg tgtacggctc tttggtgttc acaatgaagc 3120
ggatgccgTc attggtgcac agtgccatgc ccccaaactg ggactcgag ttgaactcgt 3180
agaagtcgta ggacggattc tttttgatgt tcgccgtcgc ttggcccacc gcataaatgt 3240
ggcacgtgct ctgtgtgCgg tcgtaattga tcgatttgca gttcaaattt tgggaagcaca 3300
gcgaaatgca gtcagacacg gtgacccct ggcgctggc caccggttg ccctcaatgg 3360
acacgccgat gaagcggTtg aatgccgcct gttgacggca cgtggacgag ctcagatcgg 3420
ctgtgaattt tttttttttt tggttagtga tggattgatg aaaaaatgtg gcacaatgat 3480
tgattgggcc gaccgatcgg tggaaatttg gccgggataa agctatgcc aaaaaaatgt 3540
gaaactTTaa gcccataatt tttggcttct ctctaattga tcagcgcaa cgggtgattag 3600
aatctTaa ga atgaaccgg gacttattct gaactttatt aagcgttgat caatctgaat 3660

ES 2 479 090 T3

cagactcgat aaagtgatca aaatccaatt gaattcggct aaggatcagc ttaaccgttt 3720
 tttgggcttc atcactcaaa gaagagtgat cagagaaatct cacaggatgc gcaccgatac 3780
 ccattctgat cactttttga cttgttggtc agacttcgga gtgaccaacc atgaacaaaa 3840
 attagtgatc agagaatttc gggtaaaaat attgtttttt ttgcctctca cccgccacac 3900
 aaatgggctc gtaatagtct ttgctgtgca ccgccacttg ttgatcagcg cgcgagaatg 3960
 tgtcctcgtc gctgacaatg cagtttttct cgttgggcga gaattccacc gagcgacaga 4020
 agtggttcag cgagtcacag cacttctgca gacagttgga ctcttgtggc tcaacagact 4080
 gtaaacaaaa tgacattggt tggatactgt aaactgtaaa atgggtgtgg aatactgtaa 4140
 aaacggagag tgaggggtact gtagctgtac ataaaaatgg gtgagaatag caaaactaaa 4200
 aacggagggg gaatttggtt tagcaaaacta taaacatgaa ggccggccggg taagaaaagg 4260
 aaaaaggcct aaaaacgggc atggaataca gaaaactgag gatatgggtg acctgggtaca 4320
 gaataatgta aaaatgtgct gttacagtaa aacaaaataa aaattcttcc aatcattttt 4380
 catactgttt ttttcgtgat aaatttgctc aatttcccgg ttcacctgag tgtggtcata 4440
 gaacttgatc tcgaactggg tggctctgac gaacacaagg ttgccgccct gctgaccgca 4500
 gcgattttgt cctggaaaga aaatcaatca attcaaagcc atggattttc taaaaaaaaa 4560
 aatcgttatt tattttgttt tcaatcccca tcaaaggag ggctttatct cagggagggg 4620
 ctcaatttta agaaatacgg tagtatttta acaacattta acccccgaac cgtcgggact 4680
 gatgactcga gataatgtaa tttcattttt tcaaggtcag gattcgaatg agtcaggatt 4740
 tcgggactag cccggccttg ttgataagct ccgaatgatc cgggattttc attttagaa 4800
 actcgaaagc ctaatctaaa aaccgatttt tgtggactcg tctcccacc ggaaaatgac 4860
 cccgagaacc cgttgccacc actcggacaa caacacgcac tgttcaagca gttgttgtca 4920
 tagtaatcca cggctggtt ggtcatccgc aaatgggtgg gcttcgagcg gcggtcctcc 4980
 gtgctcatct cacacgcgta tgagtcataa ttgtagttga cggaacggca cacgaatctg 5040
 gcacaacaca aaagaaaaat tgctgcaatg aatggatgtg tgggtgagag tctcggtttt 5100
 tatgagatca gaaaatttct cgggattttt tgccattttc gggcaaaatt tgcgactcaa 5160
 aaatttttcc cggatttttt gggacttca tatatataca tatatatcca aaaaactttt 5220
 tatttctgtg ttttttttac taaaaatata tgacttactc atctaaattc attccctgcc 5280
 atttttgagg caaaaatttc tactcaaaat aaaatttttc caggttttct gggctctctc 5340
 attcacggga taaattttcg gttgaaaaa ctcaactctt ttccagaagg catgcgctca 5400
 agcactgctc ccgggaaggc accttataaa cggggcggta aattttataa tttcacaata 5460
 tttttcgaat tccgaaccat ttacctgaat acttttccgc acaaagccgt ccagcgacgt 5520
 tttgcgcatg cgttcaaatg aaaaggagcg gtaggtgcac gcctcgtgcg cgttcacgcc 5580
 cggcaagcag gtcttctcgt agtagaaatt gtttgcggat gggtttgggt tcaggtcggc 5640

ES 2 479 090 T3

```

agtgcgggcc gggctgaaca tggaatgcc aaggaaaaat caaaaattcc tccgcgccat 5700
gccgcaccaa acattcccca ccttgccgca tcgtcaaaaa agtagcacgt ctccgcgccg 5760
tcaaagttaa aagatgcgca cagcctctga gcaccggctg tgggttcgat gttgttccgg 5820
cagtattgcg agcaggtcag gtcattggca gccgtggaaa caacctggaa attagtaaaa 5880
acaattatgt aaaatcattt taattgacca attctgtccc agcctaatat gttctgctga 5940
tgtagtttat ggattathtt atgcgacccg ttcactcgga gcagatttga ttgaaaataa 6000
ctgctaaatt ctggatccga caataaaaaa gtgcccttcc ggctcaccaa tggcgtgccg 6060
tccagacggg cacgtgaaat gcgaacaaat gttgctgttt catgattggc acattcaaac 6120
gcgccaaatg tgccgggtgt ggcgagtgcc aaaagcactg caacaaatgg caccagcgca 6180
atcgggtgccg gaggggacaa atgccgagga cgacggactg gtgccgatga tgtgggtggt 6240
agtgggtgccg aacacgacaa tgttctgttg ttggcacgac gcattttccc ggattgagag 6300
aaattattcg gcgcgacctt tcgagggcat aaaattgtcg atgaatttaa ttagacaaga 6360
atctcgggga taaaatgggt acaagaatac catgggattt gaaaacggaa aattcgtggt 6420
ccgcggcagc tcaaatgaga gaaatagtag gcaaaaaaaaa aggagggatt gatctgactt 6480
gcactagggg ttgtcccaaa cgaagcatca ttatcactaa taatggatgc gcgaatttat 6540
gtgtcaaggg aaaaccctcc tcccggaaaa tggggtcgag taaaactcta tactgtaaca 6600
tctgtacagt attattgacc agttctggtt ggtctacact tcaatgaagg gtaaaccctt 6660
gcctgaatcg ggaacatccc gatttattga gtcccaatcc cgattctoga cataaatccc 6720
gaatccatgt catagtgccg gaggcttaaa actcgcctcg cacattcaca aacgaatggt 6780
gtgcaaacgg ttttccgtaa tgggataaga cgggtggaag ggaaggaaga ggaggaggag 6840
gcgaaggaat gggaacacag cacaaccaga gcaaaggaag acggaggatg atgatggtat 6900
ggctgtgacc gcaacggaat ggaagggggg gggaagaat ttgggtcata aacccccgag 6960
gggttctcat gcccaacggg gcgggagggg gtgggggagg aggtgttctg cagcagtaag 7020
tggaataac cgcttcgga agacactttg tgtgttatag agagatgctc atccgactat 7080
ctogaattta caccgctatt ttggcgggat ttacgcgaaa cttcgtaaaa aactggcaca 7140
tttgcctaa ggccacatga ttttcgagtg tcgagaatgg gtgggtcaag aggcgggaga 7200
caatgaatta gctagcatta tattatgac attattgcct ccttcatgat ttacgctctt 7260
gaagg 7265

```

<210> 509
 <211> 4406
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

5

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_548;
 coordenadas = 1563..1778 ,2003..2279,2504..2699,3122..3454,3556..3696,3885..3998,4064..4269

10

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_813;

ES 2 479 090 T3

coordenadas = 1563..1778,2003..2279 ,2504..2699,3122..3454,3556..3696,3885..3998,4064..4269

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1055

5

<400> 509

```

aaaatthtttc cctacgttca aatthttcttg aaatthttgca taggcccata thttgacccc      60
ctctatcggga tccctgttta thttatgaaa gttatgttht taactcgaga tccgctcttc      120
cattthttaca agggaaaatc ccaagaaaat ttaaagttht gcaaagttht ggcgttctga      180
ttaatagata aataataaac ttatthtgac tgggagccca aaattgaaac gccatgttta      240
aaatthtaaac atcactccag cgcactgatt taccgggca atgcccgtac atgaaatcatg      300
ccgaagagca accgatgttg cgcatttga agagcacgtg aaaaggagga gagtattgga      360
atggaggaca thttgggaaa ctthtaatta agaatgaaaa aggtagcagc agcagcacac      420
agtcacacac agcagaacct attcccctcc tacacataca taccctthca thttctthtt      480
cttatcagca aaacaacaaa aggtgataat ttgaaatcggc gtctgtcggc ggtactgct      540
cgagaatcct gtgctaggcc tagagagtcc caccgactcg gaaatattga tccggaggac      600
tgactataca tatgcaactt tgcagattcc aatccaatcg aaactaagac thttgcccga      660
ttatthcctt thcataaggc atthataact taggcactca gagtthttgca thgtgaaatt      720
tcaaattthca caacatatga taattggcat tatgtthttt tgaaaaagtg thttthtaaat      780
tctatcaaat thaaaattgt thcctthgcc thttctacca ctctthtaatt gcctgagatt      840
gattthttgat tgtcgttht ggaagagttc acatthtttt ccatccattc ctthacaaaa      900
attggaggga attctcttcc tathttatgtc atgtcgcaca agaattatgca tggaaatggta      960
ctgctgttgt atgggcccac atthttttgag attgatggga tggaaattgga gaataaaaaat     1020
gagcacaaga aaaggaagga aaggtgaagg ccttccatcg tgtgatctth ggtctthttcc     1080
atcagctcac aaatattcga gtggaagga gggggggggg aaggggtaac aacgattcat     1140
thttggtgtg caatcgcat gaaaggagag aaagtggaaa aatgaaatg gcaccgcccc     1200
gtcccctthc acatatttga tgggtgtgta tathcttaat thgttatttg catggtthta     1260
thttatggaat thcattthttc tggthcttht thattthcatt thcattthaaa gaacttggta     1320
aattacctth tgtthgttcg aatthcttga atthgatgtt tccctthatt ctgactgaca     1380
gtgtccgact agtcagctca atthgcgcta aaaatcggat thttctgtga gaatthtaagc     1440
ctcatttga cthtcacatt thctctccc atacataaat aattatgccc agtctaacct     1500
ccacaattht tagtccgacc aaatthtcca ctcattthtc gtccaaaaca thccatccaa     1560
aaatgaccat thctgcgacc gctgacgttg acaagctcca ggatgcccgc aaccgaatgc     1620
gcattctgtc cattgagcag acgtgcccgc ccaactcggg ccaccgacc agcagttgca     1680

```

ES 2 479 090 T3

gcgcagcgga aattgtggcc actctgttct ttgccgaaat gcgttatgac gtgaaggacc 1740
 cgcgacgagc atccgccgac cgtttcattc tgtccaaggt ttgcaaaaag tcgcgggaac 1800
 tcgctgatcg cgcgaaatc ggttgtgtcc ggcacgggtc gtacgactat ttttattgga 1860
 attgggtatt ccagttagt gatgccatta tcggggagtg atttaatat ccaattcgtt 1920
 gcttctacta tatttcaca attcggactt tcctccaata ttcccatccc acatcaattg 1980
 gccatacaat ttcaatttcc agggtcacgc ttgcccaatt ctgtacgccg cttgggaaga 2040
 ggcgggcctg ctcagccgtg accaagtgtc ctccctgcgc aagattgact ccgacattga 2100
 aggacatccg accccggcgc tcaacttcat cgacgtggcc accggctcgc tgggccaggg 2160
 tctgtcatgc gctgccggca tggcgtacac tggcaaatat gtggaccatt cgtcctaccg 2220
 cgtgtactgt ttgatgggag acggagagag tgcggaaggc tccgtgtggg aggcagcagg 2280
 tgaactcaaa atccacggat agaggagacg tagtcaaagc ctgggaacct acgggaaaat 2340
 attttttcat gaccgttagt ttctgttgaa actacattta aaaattaatc ataatttgac 2400
 ataagccgga atcgggattg catggtttag gagaaataaa aaaaattttg ttgttttttt 2460
 ttctaatttt atgttggggc aacgaatatt tgtccctttt cagcatttgc aagtttctac 2520
 aagttggaca atctggtggc cattgtggac gtaaccgac ttggacaaag tcaggagacc 2580
 caactgcagc acgacattga agcgtatgtg caacggtttg ccgcgttcgg ttggaatgcc 2640
 atcggattgg aggacggaca cgacatctcg gcacttttga atgcttacgc caatgccaaag 2700
 taaactcagg gacagtattt ttccctttcc tgaattactg attgattgtg agccgaaatt 2760
 cctccttttc cttcctgctg ctggggagca ggacaaaacg tcgtcggggc ataatgtcga 2820
 cgcaaaaatt ttaattaga aaaaaatta aaatttttta tttacctagt ctaattcgaa 2880
 attttttct aaaataaat cttataaaga aaacaaggga aaaaatgtcc ccgttttttt 2940
 tcttaaaact tgagcagatt ttattttcat taacacttag attttcaaaa aaagacaaat 3000
 atttttttaa aatttttctt ggacttttta aacaacattt tttcatcgac tttttggggt 3060
 gtgcccttcc ccttgactg gtattttaac acaatcccat tgaatttata ttggcgtaa 3120
 ggaacgtgac tggcaaacc accgcaatca tcgccaaaac gctcaagggc aagggcattg 3180
 acggcgttgc cgacctgaac aaccagcacg ggaagccggt gtcgaaggac aagggcggagc 3240
 ccatccgggc attgctcaaa agtgacaagc cggcaaatg gaccatcccg gcaccgattc 3300
 gggacgcacc ggcggtcgac ttaggcacgc gtgccatcgc aatgagtgca ccgccgcagt 3360
 acaaaatggg cgaaaagggt gccactcgac aggcgtacgg aaacgccttg ctgaagctgg 3420
 cggaggccaa caaacgcgtc attgccttag acgggtggga cagataatag gcacctaccg 3480
 aatttaaag gatttaaata aaaaaaatc ctttttgatg tgtcaattca atttttaatt 3540
 gtttttccg ttagtgaca tctccaactc caccttctcc aacctggtgc aaaagaagct 3600

ES 2 479 090 T3

acccgagcag tttgtccagt gttacattgc tgagcagaac atggtcgggtg ttggagtgg 3660
 catggcgtgc cgtgggcgtg tgcttccgca tgtcaggtgg gcagaaagaa gccttttggg 3720
 ttgccaaatg gccaagaaga caaactgctg ttatattaag gggattttaa aaacaattaa 3780
 aaattttttt gttacactga atttacaaca gaaaaaaaaac caccgggttt ttgccaaaat 3840
 ttttattaaa tttgccccct attttatgca ttttactttt ttagcacttt tgccgccttc 3900
 ttcaccctg cgggtgacca aattcgcag ggcgcctgt ccttcacaaa tgtcaaattc 3960
 accggctctc actgcggcgt ttccatcggc gaggacgggt aaactgctgc tggcagagca 4020
 cttgaaaaaa aaggaattg cttcaatttc tgttttgttt cagtcccagt caaatggccc 4080
 tcgaggactt ggcgctgttc agcgttttgc ccgccagtgt cgtcctctac ccatccgacg 4140
 cgggtgcggc cgaactgctg actgagttgg ccgccaatta cacgggcatc acttacacgc 4200
 gcgtctctcg acccgccacc ccagtgtctc acacaagtga cgagaagttc gagctgggca 4260
 agtgcaaggc gggcagcagc gggaggctag aaaattttca aaaatgtttt tgaattttaa 4320
 atagggtttc ataaataatt ttgtagtcgt cactaatttc gttagaattt caatttaatg 4380
 ggggtggtcgg tgcggttta tgtaaa 4406

<210> 510
 <211> 2359
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_549;
 coordenadas = 2122..2072 ,1912..1809,1752..1659,1599..1492,1401..1296,1237..1116,925..735

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_814;
 coordenadas = 2122..2072,1912..1809 ,1752..1659,1599..1492,1401..1296,1237..1116,925..735

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1056

<400> 510

ttttaagaaa aatcataga atttcttata agaaaattta aaaaaaaaaat tagaaaaaat 60
 ttttaaggatt ttttttgaaa tttatgataa attagtaagt tttttcgaaa aattttccaa 120
 aaaatcacta aaaaattttt tcaaaaattt ttcattggaa tttccatata aaaaatttct 180
 aagaattttt ttcttgaaaa tttccaaatt ttttaaaaa aatttaaaaa ttttcaaaa 240
 aatcactaaa aaattttttc aaaaattttt cattggaatt tccatataaa aaaattctaa 300
 gaattttttc ttgaaaattt ccaaattttt taaaaaaat ttttggcgaa attatgtccc 360
 ggcgaaattt cggcggcgaa attatgtccc ggcgaaattt cggcggcgaa aattccgtcc 420
 ggcgaaattt cggcggcgta atttcggcgg cgaaatttcg gcggcgaaat tttgggggtgc 480
 acccacaaca aagcaatacc aataaatcaa acccacacat ttcgaaatgc acttaattta 540
 cactcacatt caccaaatat tcatgcatat catccttttc attttgtttt ttcttcatt 600

ES 2 479 090 T3

ttgttccott ttttgtttcc catttccaaa ttacggaatt ttaatattta attaatttcc 660
 cttaaatttg tttgtacgta tttttgtatt tcatagtaac aatttagtga ataaaaatgt 720
 aattattatc agttttgaaa tgggaattccc caccttttcc gtgctttccc aacctccga 780
 aagagaagga ctcgtcgatg aaaatgcgca ctttgtgtcg ccatttcagc tcgatcagtt 840
 tgggcagtgg gcaaatgtcg cccgaatttg tgtaaattcc ttcgacaacg atcaaacggc 900
 gaatggacgc tttccttttc ggattctgcg aaaatggctt tttgctgaat tctacagaac 960
 aaattcttac aagtataaaa aatttaaagtg ggtttgctaa acaatctaata cccatataat 1020
 aatccgaatt ttggtgcggc tcaattgggg agggccgtcg cgcggaatgc attcctcgg 1080
 caattctttt gtttcccctt tcccgttctc cccaccattt tgtctttctc ctccaactcg 1140
 accatthtgc gctccaagtc cgcctatgca ttgtgttcaa accataaaat gtcacttctc 1200
 gacgccatca gtccgattg tatggcgaaa ttaacaccta aaaacatggc ttttattttc 1260
 catggccaac aatgatttg ggcactcccg gggaccttg tccgcaaaa tgacatcgcc 1320
 cctccttgaa taagctggga tggcacttgc gatggtgggg aatccgtagc tgtacagaat 1380
 ggcctcttca cagcccatga actgtcaatt tgaatgacaa ttacggtatg acaatacagt 1440
 gtgaaagtgc cgcaaaaacg aactatctgc aaatttttgc tttgtcccta cctcagccaa 1500
 ttccctttcc aagtccaaat gtacgtccac cgttccgtag aaattcctgg gcccgcatga 1560
 gcccaacgacg tatttgaaaa tggcattttt ggctacttcc tatgaaatgg aaagcaaac 1620
 aaaaatattt ttaaataaagc catgtatgaa caacaaactt caattttctg gtttccgata 1680
 aagccgaaaa aatcagtcga cgccaaattg acgcatcggt tgtcatcgat gacaacaaat 1740
 ttgcccatte gcctgtattt ggtttgtatc cgtgataccg gtccaaacaa ttcaaatgaa 1800
 aatcgaacc ttcaattgaa cggggccgat aattcgggtc gttttgttcc ctttccgagt 1860
 aaagcggcac caacggactc ggctcccaat tcgcaataac cgcttccctt tccctgcacac 1920
 aaaaaccaat ctttgccagc agagaatggc cgtttttaat cgaattcaaa tggcacttgg 1980
 gtaatcgctt ttttttttgt tttgttgaat ttatgggttt tttcgacgcc aaaatttctg 2040
 tcgccgtccc atcgttcttt cctcacctc ttcgctcagt tccgcttttt tcccctttt 2100
 ctttcgcttc cctcccatca ttttaagcg ccaacacatg caaatggtca aaacagttgc 2160
 gaccagtaaa ggcagctgc gaattgtcaa ggcgaaaacg cagagcaaaa cggaggatgc 2220
 catgccaaag gaacgcaccg tttgggtgag agggggcgcc atcggagagg cgaaatcgga 2280
 cagaatgcaa accaaaaata tattaacatt atcaaacatt gcttattggt agtgtacaaa 2340
 ataacaaata caattcgca 2359

<210> 511
 <211 > 5091
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

5

<220>

ES 2 479 090 T3

<223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_550;
 coordenadas = 4426..4285 ,4185..4085,3917..3429,3274..3130,3087..2964,2907..2848,2792..2547
 ,2493..2376,23 20..2235,2181..2083,2037..1863,1681..1549,1161..1097
 ,1046..965,914..840,697..495,453..304,204..1

5

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_790;
 coordenadas = 4426..4285,4185..4085 ,3917..3429,3274..3130,3087..2964,2907..2848,2792..2547,2493..2376
 ,23 20..2235,2181..2083,2037..1863,1681..1549,1161..1097,1046..965 ,914..840,697..495,453..304,204..1

10

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1233

15

<400> 511

```

aaaagccgtc ccaacagacc ctccctggac gagttgaagc ttttccatgg ccaacttagg      60
cgccgatgcg ccctttggcg gcacaattcc cggctcgcgc taacaatcct tcaccaaaaa      120
gtccaattcg tegtccatgg ccatcaattc ccagcgaagt tccaaaatat egcccaactt      180
tgcctgtggc acatttcaat tagcctccct tcttcccggt ctctcctcgc cttttctcac      240
ctgcaaaagc ggctcgcgca gttcagttgt gctaggtttg ccggcggcgt cttccgagcg      300
aacttctctc atcggcatca tttgcattag caccgggttg ccagttcga tctttccgcg      360
cggttggatc agcgcaggct gcggccctg cagcgtcaaa ttggctgcag cggtcacttt      420
gcctcccaac atgctcgaat aattgcagga aatctgaatg aagggcaaag tcagtgactg      480
atcggtcggc gaacttcgta aagttggtcc atcgaagtga cgaggccggg gatgcccaaa      540
ttgttggtct gaacgaccac caccgttttg tacgtgccgt tgtccatgtc caccaggcca      600
caatccctct gcgattggcg acgttgtctg aacattatag caaaacttgc gaaagccttt      660
tttgaacact gtttttcgcg gtttcaaaa gaaccttctg tttttgtgct tcttccgatg      720
cttctcttcc acttccattg gaatgcttcc caattgttcc gttccctcaa gcgaagtgcc      780
attggttttg tcaacggaat gtgccgtctg cgagtgcgcc ttggggcgac gatgagaaat      840
gccttccggg gaggtcaaag tgatcggttt catgccaaag tttgcaggaa gtccgagcac      900
taaagtgacg ctgtccttgg cctccacctg cgaatgttcc gctcaaatgt ccgtccgttg      960
gcactttctg tccccacctc aactcggcac gtgtcgtatt tgttcttgac gaacatcact     1020
cccgagaagg gttcgtctgt ttttatctga caaacaaca gagcatttgg ccaaagatgg     1080
tcaagggacg gccccactga acacttatgc cctcgttaatt gcaaatcgtg tgcaacttgc     1140
tgccggggat ttgatgggc gacggcaact gattcgggtc ggggcogttg ttggccactg     1200
agaagccatt gccccactt gactcoggca ccgatttggg ctcagatgcc tgctgaaagt     1260
gtttttgata ggtgtttttt tgcatatcc gcttggattc ccccccccc cccgggattt     1320
ttctacgtoa ttgcctgggg ttggtctttg tcctttggcg aggatggcac tccgaatgcc     1380
ttcgactctc tgtccgttcc tgtcccttcg ttttctgttt gaattggccc tttcgttggc     1440
  
```

ES 2 479 090 T3

ccttttctca gtccgtccgt ttttatcgtc ggctaaattc aaagttttct tttttctttt 1500
ctctttcctt tgcctttttg ttaagtgcgc cgttcgttcg ttcgttcagt ccaacttttt 1560
tgcctctttt tgcgcctttt ccttcagaag tgccgctcac caatgccttt ttttcctttt 1620
tttacattaa tttcccaatt tttgatttga tccctttcat ttctcctcat cccatatccc 1680
tcttcccctt attctctcac ctctcccctc tttctttctc tctctctctc tctcttttct 1740
ctctctctct tccctcatta tctctctttc tctctctctc tctcctcttt ctctctctcc 1800
tctcccctcat tatctctctt tctctctctt ctatctcagt ttgtctttct tttctttctc 1860
actttgcttt ttggcacatt cgctgcgctt gattcctccg attggacttc tttcagtgca 1920
caaacattcc gataaaagtc cacttgttca ctcttctgca tcgccccga cactgtgccc 1980
aattgtccga tcaactgcgca tgtgccattt cgccgattgt aattaagtcc ttcacaactg 2040
aatgtattt cataaatttt aatgttttta atcaaaaacc gttgtccggc accggcacac 2100
aaattcaaac atttggagag aggcacagaa tgcaattctt tgctcagttc gccccgacc 2160
cattgggaat acaaatggcg actttgtggg taaaattggt atagtttgtc atttccgaaa 2220
ttggaaattg tcacctgaac gcggccccct cggggtcgac gcatcccatt gattggccct 2280
cgggcgatgt ctccaaacag tggaggtcat aaagatcgac cttcagcaga acaaagcatg 2340
atcaatctcg accagtcagc acttggccag cccacctgtc ccttcggctc ggggcgcagc 2400
gaaccgcggc cgtccaaata aagcaaattg caaatgccg acgatttgtc gaagttgaag 2460
gaacggcatt tgtcgggaga gtgagcggca catctaagaa aggcaaatca ttcgttggcc 2520
ggagaaagtg ccggtcattc actcactttt gggcacattc gcgcacattc gcctgcaccg 2580
tttccactac gtgaatggca ccgtcccctt cgggcagtg cgcatttaat gtccgcacga 2640
ttttcggact tcgcgcccc tctccggcgc tgcactgttc cgactccaag cgacagttta 2700
tgtcgaaata gtcgaccaca aagtcgtcct cctcaggaat gaacaggtcc ggcttagaat 2760
ggcgcgactc cgcgttcaaa atgcattctt gcctaggggg acaaattgga agaggaaagg 2820
aggggggggg gcgggggacg gactcactcg ttgtaataat acatcaccga tttacacaca 2880
aagttttgtc ccgtctcagg aggagggtg aacaatgaac agcttcgact cgtcaattaa 2940
ttaatgaata ttcattggct gactttgtgc attggtccaa acacattgtc actgacggca 3000
cattttccat cacaaaagag gcaaagccca ccaaaagcat ttgcggcact cgcgtaaacg 3060
acggaacgcc gcggcacgta cgcggggcta agaaaggagc gcatttgagg ctgggaatag 3120
cgaactcaca ggcaaagcat ttcttctcga aataagtcca tcccggcact tcggccaat 3180
tggcacggcc caaagggcgc gagcgttcgt ccgacaaaac gcaactgcgc gtcaagttac 3240
tgtacatgaa cgatttgagc ttgaagtcgt ttgccttttg agggaagggg tcatccaaca 3300
cttcctcatt tgtccatttt cattgattcg tttgtccgtt tttcgttgct ttttctctct 3360

ES 2 479 090 T3

ttgcgccc aa ttgtccg ttt tttgttcctt tttctctttt ttcgtccatt tttcggtttt 3420
 tttgttaccg taacacttaa ccggttgcgtg cacaactett cacattcgct cagctccaac 3480
 ccttcaaaac tgtgggtccaa ttcgtccgac aattggcgtc cttccaccgc cacgtattgc 3540
 gttacgtacg gtgcgtaaca ttgtgctgca attgcaatt gttggtcggt caaaatgccg 3600
 cttgttttga aattgtcaaa atgccaatgg cactcacatc cggcgcaatt gttgtccaag 3660
 tagatgaccg tgtcctcgtg ctcgctccag aaaaggcag gccgatccaa tcggctctcc 3720
 gtgttcaaaa tgcattccgc gtccacaggg taatacatga ccgactcgca ttcgaagccg 3780
 aacgtatcga acgcattcag acaagcggac agacagcggg ggactgagtc ggcggagacc 3840
 acctcacgcg cgaaaccac caaaatcttt tgttcatgaa cgtcgaaatg gaaaggcgag 3900
 gaacagatgc gctcactctg cagaaaattt gggggaggaa tcagtggcat aatgaaaacg 3960
 gattgagatg tgaccgaggg gactctgcca aaacaaaaac aaacgccccca gggatggaat 4020
 ggcatggccc ttcccattaa taccatttgg caatttccct tggatatttg gcactttcac 4080
 ccaccttcac acaattcttc gtcaccgtcc gtgtcgccat ttcttcacca aattctgcca 4140
 cggcaccttc agatgccgac ttoggaccga ccaattggca ttgtcctccc ccgccggcgg 4200
 ccaattgggt gtaacggacg ccaacgcaat cctaaagagg gacaaacaaa acaatgaact 4260
 tacgccagtg gattaaacat acatttgcga cggaaacaaag ttcggtacat tcgagaaacc 4320
 ctccggggac gggcgccgat cggagaggga cagtgccgga ggcgacggaa gtgttgtggg 4380
 ggagaggaa aacaggcgaa tcgcccgcag ggcattccga caaaagtgt aaacgcacaa 4440
 aatggccatt caacaagaga ccctcataat caatcaattg gattattttg gcatttcatt 4500
 tttacctttt gtttttctc cattaattaa gtttaattacc cctccccca attataatgc 4560
 tttgttttca gtgttttccg ttogaccat agaatttctt ttgtgaaaag caattcagg 4620
 gaaggtcacc cgcaagagtg tctcctcttc ttcgtcaaga taatgatgat taagatgacg 4680
 gtccgccaaa ccgccgtcac tggcgatgga aaaggcggcg gagaacacaa atcaaaaagc 4740
 aaacccccca gggctattca aagaggaaag acattggcac atcaaaaaaa acttacgaat 4800
 ggactgatcg gcggagatgg caatgacaaa tgagagaaaa aagagaggga aaagcgatcg 4860
 gacggaagga aggccaaaggc gaagacaatg cctttctctt ctgtggggga aaggccaact 4920
 ggacaaagag aggcgcacgc ttaaggaaaa atgggggaaa agccaataaa agggaaaagc 4980
 gagggaaaag aaagaaaaag ggaaaagcga atattttacg aggaatttga tcggaggctt 5040
 ttgctttgat ttgaccatat acaaacggcg aaagtggctt tctctctcc g 5091

<210> 512

5 <400> 512
000

<210> 513

<211> 3796

10 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

ES 2 479 090 T3

<223> Secuencia de ADNc genómica virtual= SecID_552;
 coordenadas = 3606..3564 ,3501..3338 ,2995..2869,2319..2122,1375..1154,455..258

5 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_804;
 coordenadas = 3602..3564,3501..3338 ,2995..2869,2319..2122,1375..1154,455..258

10 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1046

<400> 513

```

aaaaactccg aaaacccaaa ttcttaggcc cgtcactgat taaactttcc cttcctggat      60
aagtccgtgt cgaccaacac acacattttt ttttaatttt ttttttatte aacctaaata     120
ctcaatcaaa taacaaacaa cacaatagca gcagcaacac catttccatt tcattgtaca     180
caaaatgtgt gtgcatattt gtggtggtga tcaaagcadc cctcctcadc cgtcctgtgat     240
caaaatgaat ggaccgatca gacgaccggc ttctgcccgc gctcgatcac cttcagctcc     300
ggctcgtcct tgggcccgtt tgggcccgc gactcggggc tccaccgcgc gccgggcagt     360
cgccggaaga tcaccttctc cgtcttctc agtgcccaca cattgcgctt ggcgtacagt     420
agcaciaaac tgagcagtgg caacagcgtg atcaactgag tgtgtgtgta tatgtgaaaa     480
tttttgaaaa aatgaaattt tcccggctgg taaggcacca gogaagccat caaaaggatc     540
tggtgccgat gaaaaaaaaat tttttttttt tttttggatt ttaggggta taaatttgc     600
gattttcgag gcaataaaaa agaaaaatgg gggataacac tttttgaaat ctatcaattt     660
attggcaatt ttgcaaaaaa aaaaatcctc cggcagtgtc aaccggcacc gttgaacggg     720
tgactcgggt gtaccctga aacggctccg ctgaaatgtg gggggacaaa acttcgcgaa     780
aaacattttt ttttattgcc aagcctaatt cggaaagaaa atttcaaaga aataaaaaac     840
aagtttgttc catgaatttt tgttttcaaa aaatttcaaa acaaattttt gagtgccggc     900
gacgctacgg cggcaacggt ttgttcagtt tgaaacggtt ctcgagtctc ggaatttag     960
gtggatgtag agcagtcaa taaacagagc atcccatctt tgccctccc cgggggtacg    1020
aattccggac ttgttggtcc cccggaattg cagattccgt tttttttttt atttgggggg    1080
cctagaggtc tacgaaacta taactctggg gtaagtcca accaccgcaa atgacaacgg    1140
caaattggct gaccttccat gccagcgtt tgcgcgtgtc gtgccattgt tcgccggccc    1200
agcgaagaa ggtgcaaatg tccttggcct gttgcgacat tgttgccggt gtgccatcct    1260
catagtcaat gccttcgtca aacagttgtt gggcatggc caacacacag ccgttgggga    1320
agtacgggtt gaacgcctg cctcctcca cgtcaatgcc cgcgggtgca tcaaagccat    1380
agctgaacca acaaaaatgc acaatggga aattttggg aattgaaaa acgaggaatt    1440
    
```

ES 2 479 090 T3

aaatTTTTat tggaaatcaa agtccaactt ccccatTTtCG tccgtatccg acaaacaccg 1500
 caaatgctat ttaaAtgcga gaatTTtaca ggatTTtgaa aagaacaat tcaacaatg 1560
 aggggggggg gggggtagat tctctctgac aatgaaatca tcaagagtct gatcacaatc 1620
 tgagtattgt aagcatcttG atttcttgat tcactgacag gtgtacaaaa acaaaaaatt 1680
 taaaaaaatg gtcgaatTTt tggaaaaattt acctattcaa taaacagtaa ttcttcataa 1740
 aactaaaaaa ttcgTTtgaa atTTTTtcaa aaatctcGcg tattTTTcac tagagttagt 1800
 cgggaccggg aatTTtgggc aaaaccggga cgggactTTt tcgggTTgaa aaccgggaa 1860
 tTTTtgctg ggaaaaaccg gaaaaaacg ggactagtcc cggTcccGgt caaaaccggg 1920
 acttcGgtac tcagtgtcc gtgTTTtggT cccggTcccG ctctactcta tTTTtaccg 1980
 tacgactaac tTTTtcGctg ctctccagt cctgggTTg aaatTTTtt ttaatTTTt 2040
 tgatTTTtGg tgggtctaaa gaatcttggg acctccGtca ctgtacta cGctTTTtTa 2100
 aaaatgctga caacaacaaa caaaccGgt caacagatgg aacacgtagt cctcggcccc 2160
 ttcccgggcc cacataatca gtgacaaatc gggTggcaat gcgccactgt tcgcgcGc 2220
 ggcagctTTg ttgTTTtgt aggggcttgg caacgtgtcG ttgagcagcc cgggacgaag 2280
 aatTtcaca ccattatcgt ccaagtccGg gatcagtGcc tgaagggaat gagTTTtTTt 2340
 tTTtGaaatt ttcGccattt ttaggggTta aaggccccga cccagtGcgg ggggTtcGaa 2400
 ttgtaagaca tatttGttt agaaaaattt tGttTtatt gTTTtTcGac tTTTtatGaa 2460
 atttactgct tgatgaggat gttGcaaacc gaaatTTtTa aatTtatcca gcgattTccg 2520
 acaaatTTtG tcgggaaata ttcctcccG ataccGact tttcatatca agcagagtgt 2580
 caagcttGg ctctacattg aacatgattt atccaaaact tttggctccg tgttatcatt 2640
 tagtatttga taattcaggg agatTTtGtt gtatttagct tGttaaattt ttgaaaacta 2700
 aaaatcGtTa ccaaaaaggT tgaaaaccct gatTTTtTaa aattaataa acccataaag 2760
 aaccattgag acattaaaca tTTtaccGgt cgtgcaacat gTtaaaattt aaaaaagac 2820
 tcaaaaataa tgctcaaatt ttgcaaattt tacggcaaaa aaaaaaacct cggcagcctc 2880
 cgtcttcGcc tcatcccGtG tcatgaaatt gtcgacaaaa tggTtGtaac ggatgaattt 2940
 caaggaatgG catgcGgcac acacttGctt gtacacttGg taaccGcGac gaacctGaa 3000
 aaaataaaat aattcataaa aaacatggag gggTtccaat tttgggtatt atttgaggga 3060
 ccaaaaaact catccataat ggtTTtGctt gcatatatcc accaaaactaa atagaaaagT 3120
 gccctTTTtTa ttgcgaggTa aatagaaagg attgatttca acggTtTctt ggacgacgag 3180
 tTTTtTtTaa tTTcaggcgt tgattaaaaa aaaaaaaatt tTTTtTtTt aaatcgggcc 3240
 aaatccaaat tttgtttagG caattggaga cattaccGgt gaaaacttGg cacattaaaa 3300
 taaagatgtt aaatgtggaa caagaaaaaa aacggacgat cGcatgtcaa ttgcgtccat 3360

ES 2 479 090 T3

cagtccgccg tgggacccatg gcaaatggct cgggtgcaca acaaagtcgt aggcacgcgc 3420
accgctattc tccaacgagt acagcaacac actgccaccg gtggccaatg cgccgaacaa 3480
cacaaatttg gatgctttac gctgaaattt ggcgaaaatc aggcggagaa attcaaaaaa 3540
aaatTTTTgt ttgTTTggct taccaagtta agcctaagc cgcctgctga ccgaaatgac 3600
ataatTTaga aagaaaatat tggggTattt tgTtcggtct aaacatggaa aaagaggtaa 3660
taatggcatt aataaaattt ttggcgctat atggaaagt accagTTTTg aaaatTTTTt 3720
caaaaggggg gaccctTTTg tTTTgcaaaa tTTTttaaag atagtataa aaatgtattc 3780
tctggggTtt ttgggg 3796

- 5 <210> 514
- <211> 3395
- <212> ADN
- <213> *Heterodera glycines*
- 10 <220>
- <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_553;
coordenadas = 669..708,755..883,927..1076,1125..1327,1393..1576,1979..2218,2281..2518,2569..2706
- 15 <220>
- <223> Secuencia codificante = SecID_806;
coordenadas = 669..708,755..883,927..1076,1125..1327,1393..1576,1979..2218,2281..2518,2569..2706
- <220>
- <223> Secuencia peptídica = SecID_1048
- <400> 514

atggactgcg actcatcgat ggcattttgc cagtggcatt tcgatgacca cccaatggcc 60
cgggggaagt ctctcttcgc ggataggtgg cacattgtgc cgagcttttg tgtgccattt 120
cgttttgttt tatttgcttt ttttagtat ttatcctcaa tgtttcaaaa atttaagctg 180
atgcaaattc gtogttcccg agtttgTTTT tgTcatttTg tctaagTcca accgaaggag 240
aaggaaaaag tcagaaaaaa gcggccaaaa attTgtcaaa cgaagTgagT ttttcagaga 300
aattgaagcg gaggatgaat aaataatttt ttgTttaaTg aaaaagTgaa tttTgtccaa 360
ttTggcaata tTtaataataa cactactgta agagggaaTt tatataTTTT tttTtcgaaa 420
cgaaaccttt cataaaaata atTTTTtatt TgattTtcgT tctcaattTg tactTTTTat 480
ttgattctct ctccctTTTT TgTTTTataa gTTTTatct aatTTTTcat ttgaagctca 540
taaattttcg ttttagcgt caaaaagTta aactTTTTcct caaccgcga caaaaaatgc 600
caccgacgac aagagaacac attaaTgTat tttTtTccaa actagTattt ccaatctttt 660
tctgccagga atcccaatat ggctttgTtt acggcgTttc gggaccgggt TgTtttatt 720
tcgcctcatt ttttgataat ttttacttt taagTggTaa ctgctgagaa aatgtccggt 780
gctgcaatgt acgaactcgt cagagTcggc cattctgaat TgTggggcga aatcatccga 840
ttggaaggcg actacgccac gattcaagtc tacgaggaga ctTgtaagct cgtcaagTtc 900

ES 2 479 090 T3

gataagttca ctcgctcctcc gttaagcgtc cgtcacaaac ggtgaccccc tgctgaggac 960
ggggcagcct ttgtctgttg agcttgcccc gggcattatg ggctccattt ttgacggaat 1020
acaacggcca ttgcacgaca tttcagaaat gaccaaacc atttacattc cgaagggtaa 1080
aatttgtgat tttattccct tcgaatttta atttgacatt ttaggggtca atgtgaaggc 1140
attaaaccgt gcaaaacgat gggaaattat gccgaggaaa gatttgcgag ttggggacca 1200
cgtgacgggc ggagatatca tcggaatggt gcacgaaagt gcgttgggtca agcacaaaat 1260
tatggtggag ccgaaggcgt gcggaacggt caaattcacc gccccgcaag gccaatcac 1320
cgtcgaagt ggcatgtga cgaatgccca aacttattga ctctttcccc ccccccccc 1380
ccctccacaa aggacacat tttggaagtc gaattcgtg gacacacca aaagcttacg 1440
atgatgcaca tttggccagt cagaaccccc cggcgtccg ccgaaaaatt agcggccaat 1500
ttcctctcc tctgtgggca gcgctgttg gacgcgtct tcccggtgt ccaggggcgc 1560
acaacggcaa ttcctggtaa acagttattt ttgctctcat tggcacttcg gcgtttttct 1620
attttatatt ttttaaat ttcaatctat tttgttggc taataaaact ttgtgaaacg 1680
tgctaataga gaccgaaatt ttgaaatgac cagtacttg aaaaggacc gggacgggat 1740
cccccgatc ccaattttg gagcggagcc cgacgagact tttcaaaaac gatgaaaaa 1800
tgtaataact attttttaa cttttctccg acgatgatta gggagagtaa ttccatattt 1860
gcagtgtaat tggtcgcttt tcaaatttt gctccgtag ctctgttttt acccaatttc 1920
cttataattt ttcttcccc gtcttttaat ctgttgcat ttgtccgtcc tttttcaggt 1980
gccttggct gtggtaaaac tgcatttcg cagtcgttg ccaaatattc caactccgat 2040
gccattattt acgtgggctg tggcgagcgt ggcaacgaaa tgcggaagt gttgcgcgac 2100
ttcccgaac tgacgatga agtggatgga gtgaccacgt ccatcatgga gaggacggcg 2160
ctggtggcca acacttcgaa tatgcccggt gcggcgcgtg aagcgtccat ttacacgggt 2220
gggactttg ccaagactgt atttttattt ttcgtaaat ctccccctcc ccttccgag 2280
gaattactct ggccgaatac ttccgcgaca tgggtctgaa cgtggccatg atggccgact 2340
cgacctccg atgggcccag gcgctccgtg agatttcggg ccgtctcggg gaaatgccg 2400
ctgactcggg ttaccccccc tatttggccg cacggctcgc ttcttctac gaaagggcgg 2460
gaaaagtgaa atgttttggg tcgcctgaa gcgaagggtc cgtcactatt gtcggcgcgt 2520
aagtgcagt cgaccgatgg cactttccct tccttccct ttgctcagag tgcgcccgc 2580
cggcggagac ttcgccgacc ccgtcacacc ggcaaccctc ggcattgtcc aagtgtttg 2640
gggactcgac aaaaaattgg cccaacgaaa gcacttccct tcaatcaatt ggctcatttc 2700
ttacaggtgg gccaaattgg gaaaaagtga agaaaaagga aagggtggac tttgtttatt 2760
acaaaaaaaa gtcaaaaaca atggttgtgc gatatcatcg gccaacactt tacggacatt 2820
agctaattct tcgtcaataa ttgcgtcctt ttcgtccgt tctgtccctc cctttgtctt 2880

ES 2 479 090 T3

tttctgtctc aaaaattgct gaactgttcc accggttggt cctcgctgtg cgcgagttgc 2940
 gcgtgtcgcg ttgcctccgg caatgcgtaa ttttcccccg gcgcgtgctg ctgtctgcac 3000
 ctctgtcttt ctctgttttg tgctgtgtcc cttcccttta tgcagccgac cattgacgac 3060
 agacaaacgc actaaacagc accttctttc tctgctttgt ctttgtattt taggggtccat 3120
 tgctttttatt ggacctttga ccctccgctt ttattctcag ttaattctca ttacggctgt 3180
 ttgattcgac tcaactgattt gtcccctccg ctcatataat cgatgtattg gtaccaaadc 3240
 accatgaaac caatcgccag aacattgaac agaaaacaga ggacaaagcc tccctcaatt 3300
 gcgcttattg tcaccaaadc tttccagtgg aattcggtct gaaaattgca tttcatcgcc 3360
 gtcataaatt cacaaaatga tttcacctga tagaa 3395

<210> 515
 5 <400> 515
 000
 <210> 516
 10 <400> 516
 000
 <210> 517
 15 <400> 517
 000
 <210> 518
 20 <400> 518
 000
 <210> 519
 <211> 3041
 25 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual= SecID_559;
 30 coordenadas = 2870..2753,2689..2444,2348..2235,2089..1982,1939..1776,1623..1374,1318..1137
 ,1082..981,928. .843,783..536
 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_789;
 35 coordenadas = 2866..2753,2689..2444 ,2348..2235,2089..1982,1939..1776,1623..1374,1318..1137,1082..981
 ,928. .843,783..668
 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1033
 40 <400> 519

ES 2 479 090 T3

ctggttgggtgc tgctggttgt gaacctgaga caccggaatt tggcccgtca aaaaattttg 60
 aagcattttt aaagatagaa aaataaaaat atttttgccg gtctaagtca caaagtttag 120
 agagtgtaag taagtgtaag gcaattggat gaattaaaaa ggaacgggga aatggaaaa 180
 taaaaaatat atattaaaaa gagggattga ttgaaaagcg aatacgtaaa aagtggggat 240
 gaatgaggaa aagaagggcc aaagaatagt gagtacaaag aagaaaggat aaacactcgg 300
 atggtcaatg cgataatcgg gcgtggccaa atgagcagtc atcaagaaat aaaaatctat 360
 gaagcaagtg gaacatatgt tgtaaaagtg aaagagaaaa agcaactcaa gaaaaagatg 420
 gaaagggtag agatttattt tattcaataa aacgaaatga aaaaaacaat gaaattattg 480
 ttgatgtagg aagggaggtg atgagtcgct aaattaggat aaaaaatttt aagggaaaag 540
 tacagaaaat cacaacacga caaattaatt aacgaaaccg cgaatgctta aatcgtaaat 600
 gatgccaaaa tttacaatgt ctgactacag ctgtgtaaaa agtacagtga aattggttcc 660
 actattgtta ggttcgcggt ttcacttctt ttgcttcttc ccccgagcg ccttttgccc 720
 cttcgagtcc ttcaatttgc ttgccaaagt attcccaatt gtgcaccatt aacttttggg 780
 ttgctgaaaa agatgtttta ttatctggcc acacgcatag ttctcttatt atccctactc 840
 acctaacaaa gcgtggtacc gaacgtttgg gtctctgca ctcaacaact tcatcactgc 900
 ttgtttgcct tggatttgtt cgacaattct aaataaaatg aaattgtttt gttcttctga 960
 aattttgcgg taggataaac gtttttccgc gatggtaatg ccggacgtat tcgccaatgt 1020
 catgagcagc aacactgagc ggcaatgggt cgctgctggt ctcgagaatt ttgatgagta 1080
 ttctgagaat ttgtttttgt tatttataag ctttataaaa aaaagtaata atccacttta 1140
 tcaattcaaa gttcttttca ttgaagcgtt gtgcattttc gggccagaat ttctccaatt 1200
 tatgcaccgg actccactgg agtctgcccg atcggacctc ggcacagtat tcgtcaaacg 1260
 aactcaaatc ctgcaccgag gcgtgaagac gttcagacag aaattcaatg tcgtccacct 1320
 gaatttgatt taatttccca tccaaaattg caaaagtta tgcagtctct caccaagtcc 1380
 gggtcgtcaa actttttggc gtccatcaat tcaagggttt tcagcgtttt gcattggacc 1440
 atttgcagtg ccgattcgcg caccatctct ctattgtcaa ttttctcaa caaatttcgg 1500
 aaggtcgcga gaatgatacg aatcactttt tcctttgagc attoggagag aatatcgccc 1560
 aacggttgga taatgcccaa tccctggaca aattgagcga tgttactgtc gaaggtaaag 1620
 cacctgaaca gcactttgaa tattgattga cataaatatg tcgggcattt tttaggtaaa 1680
 tttttttta tcgtcttact aaaatgggga aattaaatta acaaactttt ttcagatta 1740
 tttttgggtt aaaagtgcga aaaaaccaa ccgaccaaag gcaaaaaatg agttggtatt 1800
 gaagttgaaa attggcacga ccattcaatg ccaaaagaat gcttttaacg ccgtcact 1860
 caacgaattt tcgtcgatac ttttctttc gtaacatcat ttgtagacat cgaactgatg 1920

ES 2 479 090 T3

tatttatgta ttcgttgctc tattgaaaa tatttttaaat agcatttttag gaagggcaac 1980
caaccgagtt ttttatttcc tgttgaagga aattgaaata agcttgacagt tcttgccat 2040
ccataagcac agagccatag caagccaatt ttgagaatat tgcagacatc ttcagaatgg 2100
aaaaaggta atgataacag attataagca cgacactatt aaggaaattt tcatgattaa 2160
acattgagac aaaaaatgaa atgaacgagt cccttttaaa atttctaaaa ccaatttagg 2220
aaaactaac tcacttggtt gacaatgaaa ctgtcatttc gcgttaaaat cccttgaac 2280
cacgaccaa tagttcgttt ttgccgtctt gcataatcat ggaaaatctc taccgggat 2340
ttgtcctcct gaaaacaacc aagaattaa ttaaataat ttaaaaataa attaaattca 2400
ataaaaaacg attttaatta aagtttaaat ggaaatgaaa gacctgcaaa aggtcgtcga 2460
aaagggtgag aacgtaacgg atcagctgat ccttcgcaac ttcggtgatc aaattgataa 2520
tactccgtgc cgaattcgtc ttgtccttgg ctaacgcttc gtcctctcc tgcttgtttt 2580
tggccttttc caattcaata atgaaattgt actcattttg aggcaccaat tgagagcgca 2640
aatacgatga ccaattcggg ttattcgccg gatttcgcac ttcggcagcc gaaaattaag 2700
ttttcattga ataaaattta agtaaaaatg taattggaat caatgaacac acctcaagct 2760
gaagtttgct ggtagctggt gtcatgtcca caggcgtaac gtgatgcca gccgcaattt 2820
cctcaacgtc aacagcaaaa gtagcgccat tctgttccgt aaccatttct aaaattgaag 2880
tgaaagaaaa acaatatttt tgaaatatga attgcataat aataaaaaaa atgaattttg 2940
ccgatcaaca ttaagaattt tgctaaccga aaaatggata atcagagacc aaaagttact 3000
tttaaaaagg cattcgtttc ggaaatttaa taattttaat t 3041

<210> 520

5 <400> 520
000

<210> 521

10 <400> 521
000

<210> 522

15 <400> 522
000

<210> 523

20 <211> 2986

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

25 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_564;
coordenadas = 2..38,93..310,542..703,1004..1150,1207..1242,1289..1609,1859..1945,2013..2083
,2142..2179,226 3..2366,2475..2604

<220>

30 <223> Secuencia codificante = SecID_805;
coordenadas = 2..38,93..310,542..703,1004..1150,1207..1242,1289..1609,1859..1945,2013..2083,2142..2179

ES 2 479 090 T3

,226 3..2366,2475..2528

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1047

5

<400> 523

```

ccccaatgag acggatgaca aaaccaaaga aataaaatgt gttttttgtg cttaacccaa      60
gtaaaaccca tcatatttgg tgtttctttc tgtttcagcg cttgacgagg atgaaattgc      120
cgcacttagt aattacaaca tgggaccgta cgcggatcag ttgaagcagg cggagaagga      180
cattgatgaa attcagaagc gcataaacac tctttgcgga gtgaaagaga gcgacacggg      240
gctggcgccg ccattctttt gggacattgc ggccgacaaa atggccatgt cccatgagca      300
gccgctgcag gtgaatttta ttttgatttt ggtcaataag acttgtttaa aatcttaaag      360
atgagtghaa atgaaaatag ttaaggaaa aactgaaaat gctaaatttt aatgtaggg      420
attaggaaat ggtcaaattc ttggtgggtc aaaaatatcg aaaatttaca ataataattc      480
gcgacgctcc accttaggca aatggtgcat tcaatacaaa ttaaaatata tttttaaaaa      540
ggtggctcgc tgcacaaaaa tcatcaaaga agagggcaaa gaaacgcggt acatgatcaa      600
tgtgaagcag ttcgccaagt tcgtcgtgga cctgcacgaa aatgtggcgc cactgacat      660
tgaggaggga atgcgagtgg ggggtggaccg caacaaatac caggcaatgt gcacattaat      720
ttatttcaga atttgcgttt cacagttact taaacttttc tgtgggttgg accattttta      780
agggatttga caaaatacgc catgaattga ttttaaaaat taaaaaagtg ggcatttgac      840
taattgtaag taaaggcaca acaaaatctt cctttaaata agagagcagc atcttgatct      900
ccccctcccc gaaaattttc cacaaaattt tctgatgtat tctaagtttt tcaaaaaacg      960
atctctcacc atccatcggc ttacaaaaca tttcattttt aagattcatt tgcttttggc     1020
ggcaaagatt gacgcgtccg ttacgatgat gcaagtggag gacaagccgg acgttaccta     1080
cgcggacatt ggcgggtgcg aagaacagat caaaaagttg cgtgaagtgg tcgagtttcc     1140
gttgcttcag gtcggcaatt caatctctgt ttttgttttt gttccatttt gcctctttat     1200
ttttagcctg agcgtttcac gagtttgggc attgagcctc oggtgcgttt tgccacacct     1260
tgggattgtc caacgttttc catttcagaa gggcgttttg ttttttggtc cgccgggcac     1320
cggcaaaact ttgtgtgcc gcgcggtcgc caatcggacg gacgcgtgtt tcatccgcgt     1380
catcggttcc gaattagtca aaaaatacgt tggcgaaggc gcgcgcatgg tgccgcgagct     1440
gttttcgctg gctaaaaaga aaaaggcgtg cattctcttc ttcgacgaag tcgacgccat     1500

```


ES 2 479 090 T3

cggcggagcg cgatttgacg acggaaaagg gggcgacaac gaagtgcaac ggacgatgct 1560
 cgagttggtc aaccaactgg acggattcga ctcaocgggg gccatcaagg tgggtggggg 1620
 gatgtgtctt ccattttggc ttgaagggga aggcaaaggg ggaggtcaac cgaaattttt 1680
 gcgaacgggt cgggtctttt aaatcgacga cttttagctt tttttgoggc gccctttttg 1740
 tcaaaaaaac ttagggaacg ggcaggggac ccggcgggtac caataggcgc agccgtggat 1800
 taattattga atttttgatg aattgttaag aaaatttggt caggatttct aatttcagggt 1860
 tttgatggcc accaacagac cggacacact cgacccggcg ctcatcgtc ccggtcgcac 1920
 tgaccgacgc attgaatfff ccttggtaac caatgaaaat aaatgccgat ctgacaatga 1980
 gtacacacac tgctcattat gaatcttttc agcctgacct caaggcacga ggaaacattc 2040
 tccaaattca caccaaacgg atgagcgtcg accggaacat tcggtcggtc attgtttttg 2100
 acatacattt aaaatggagt acaacatggt cgggtgtttca ggtacgaatt gattgctcga 2160
 ctctgtccaa acacgacggg tgaacgaacg cccattaaaa tgaaccctct tacaatatgc 2220
 gattgcttaa ttaaccagaa aaagtacgtt ttgctttttg aggtgccgac ttgcgcagcg 2280
 tttgcaactga ggcgggaatg ttcgctttgc gtgcacgtcg aaaggtcata acggagcaag 2340
 actttctcaa ggctgttcag aaagtgttac gttttccttt tgattgtgcc aagtggattc 2400
 ttttatttgg cttatccaaa gtccttcggt tgttcgttct ctttcgccct ttgtatttta 2460
 cgttttaatt taaggtgaaa agctacgcca agttcagttc aacgcggggc tatatgacgc 2520
 acaactgaca atacagttct taaaaaacgg acttttttat atttgtgcac tttgtttca 2580
 ttacaatata aatgaggaaa ccaattccgc agaatgtctt gtaacaagg actactttta 2640
 cggcttttgg aaattcaagc gtaaaaattg agtggcgggt tcgtaaatgc cgtgttaata 2700
 atgcagtcac cccccatgt gtatgcggaa aaaagtgggt tgtgcccagg gatggcaggg 2760
 aattccgtct tcctaaatft tattaagtag taaagctaaa gcaccacca aaacaattga 2820
 ccgataagtg tttaaaatft accaataaat aaataatatt caaaggaag taactgtcgt 2880
 ctttggtgcc gtttcttcat ctttcgctcc gtcttcgaac atttgaocca ttgcgttcag 2940
 ccgagcgtag cattccgcaa cgcgaagaa ttcaatcagt tctttg 2986

<210> 524
 <211> 3451
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

5

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_565;
 coordenadas = 3450..3418,3349..3248,3029..2900,2457..2222,1770..1558,1374..1249,1145..1021,
 957..835,583.. 492,371..165

10

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_816;
 coordenadas = 3450..3418,3349..3248,3029..2900,2457..2222,1770..1558,1374..1249,1145..1021,957..835,
 583.. 492,371..165

15

<220>

ES 2 479 090 T3

<223> Secuencia peptídica = SecID_1058

<400> 524

```

tgcgttcaca gttctgtaaa attttaaact tgottggatt tttctgtaaa atctaaaatc      60
ttttggagtt agacaattac gggaaacttt agcactttta attgggtagt agtcaatcaa     120
gactgatgaa ttgtagtgct cgttggcatt ggcatttccg tcccatgccc acccactcac     180
ttgccagcca aacaccaatt tggacagctc acggcccagc atgccggcag tcagcgagggc     240
gatttgcttc attttgaca gccagtcaaa gtcgcccagc ttcaggcgtt gggcccgctc     300
cccggaggtg gccgggtcgg caatgtactg cttgaagtac tggagcagta gacgttcacg     360
ctccagctca cctttggaaa aaaatagaaa attttaggca tcacaaaaat ttcgtgaaaa     420
tttttcattc gttgattcga agtgtgccaa tgccattcgt aaagctattt attcctggga     480
tttccactca ccgggcagtc caaatcgac aagttcgtcc agacgatcgt tgacagccca     540
gtcgaactgc tccggtgggt tgctggccac taccaacatg aacctaattg aaaagccatc     600
tttaataaag atattcaagt aaacaaatcc ttaaaaagat ttaaaaaaag catccccagt     660
tttcaaaacta agaaactttg caagaaacct taaaaagttt tacaattttt tttttcattt     720
ttcatagaaa tcgtgttggt tgaattttct ttttaatttt aggggtgatgg aaacgagctg     780
cccctaaaaa ttgtggcagc caaataattc gtaaataagc caccactgac tgacttcctc     840
gactgttccc cggttctgaa gaggaacgag ttgagcatgg cgcgcatgtc ctcgctgatc     900
tgttccgtgc ttcgcttgcg cagaaaagcg tccgcttcgt ccacaaagag caccaaaactg     960
acaaaaaatg caggaaaatt attcatttga aaaacggcta attaatttca aatggccacc    1020
cctttgcgag acgtttgggc ccagtcaaaa attttatgaa ttgcgacac tccgtcacgg    1080
cccacggtg ccacgtcacc gccggctcatt atggcgtagt cgagaccga atggcgagcc    1140
aaactctgat aaacaattta aatattaaa ataggggaat gaatttgcac gaccccatag    1200
aaaggaggta aaatttcca agaaaatgca acaaaatggt ggaccaacct tggcgaacat    1260
tgtcttcccc gtgcctggcg gtccgtagaa caacacattg cggaacagtc caaagttacg    1320
ctttgtgttc ctctgggtga tcgcaatgtc acgcagagc gactcgaggc ttggctaaaa    1380
caattctgta gcaaaatttt tatttattac acaaatgac catttttaga ggacattgat    1440
tcaattaaga tttaaaaata gaaaatgtg ggtcggaaaag catcgaaagg cactgcccgt    1500
gggggggggg gggggtaaat ctctccataa agcacggtaa atgatttgcg cactcacatt    1560
gagcacaatg cccttcagcg ggtcctcgcg ggcacggaac agtgtccgca cactcgcaat    1620
tggatgtttg aacagctcga acagtgtgag gcgggacgtt tcacgcacca gggacggctt    1680
accaagccgt gcttccacct gtttggccac aacgccagtg ccacgcttgg cactgtacca    1740
accgaccgcc agcacagtca gaccaccgac cttttttgga ggaaggaggg gtcattttaa    1800

```

ES 2 479 090 T3

aagtggaagt atttataaat tgcagttata aatatagttg ttactgtatg taaaattcag 1860
 atatgggtat tgtaaaatag taaaaataat tttataaaaag aaatggaatt aaaattgaaa 1920
 actcatagtc aaaaaagtca ttctaaatca ctttttatct ccaaaatcaa aattctaaaa 1980
 gccattacat atacaaaagc tcatttttca acaaaatcgg atacaatttc atcaagtcca 2040
 caataaaatt gaaaattagc cttttcaaaa ttgaaaaaac tgaaaatgag taattgtttc 2100
 acattctttt tgctagcatt tgtaattttt ttttctattt agataaaacc ataaaaaacg 2160
 gaaaacattt ttagataaaa tacaaatata attaacaaat tgggcataaa aaagcactca 2220
 ctgccgccat aattttgagg cgatcggaga gaaactcggc cagtcacgag cccacaacgc 2280
 cggcgggttg ccgaatctgt tccgtgaccg tcttgcgctg ctctcctca ctgcacgca 2340
 tcatctccag gttcacgtca cggttgtcgc gtgcccgcag cgccttggcg cgcacgtccg 2400
 cgtcaatgag ttccaagtcg tatttgtgcc gtagcgcag ctcatgctca atggtcgcctg 2460
 caaaaatttg tggtttttta caaattttta cgaaacttat aagcaacatt tttcagggga 2520
 aaatctaatt aaaaaatttc tttgacagca ccgtagtgaa acttttttat aggttaggtt 2580
 ttacgcaatt tgttaaaatt tttgaggag aaacattgga aatagcattt tttggtcaa 2640
 tttcttacca aatttcgta aattttgcaa aattgccacc gacaacgcct atcgttacca 2700
 cggacgacaa aattcccgcg aaattttcag acccaaaaat gcataaaatt tatttttcag 2760
 tccccaaaa atgcacaaaa tttgtctttc tgtcaaaaaa tgctacaaaa tttggttat 2820
 agcgtatata attttaaaat tcaaaaaaat ttctggttac gggcctgccc tttacacaat 2880
 gcttttagac aaaaccacc ctttctgagt gcctcctgct tcttcaccga ctctcctgc 2940
 ctgcgcaatg tttcttctg cattcgtgcc ttcatgctca tctcctctc ttgtcgttc 3000
 cgtgccatt ggtcctgta gtcggctctc tgcaattttt ttaaaaatta aattgccaaa 3060
 tttttatta ttttggata aaaccatgga attgctgaat ttttatgaaa aaaattaa 3120
 ttaaaccgaa aacgggagc taaaattaa ttttttttt tttcatcca taggataccc 3180
 ctccaaccgg ataaaatct gaaaaaac caaaaattg actgattgag tgttgtgctg 3240
 cacttactgc gcgcatgt tttgtctcct caattaacgt tttgcccctt tctcctccg 3300
 caacgcgac attctccgat tgcattgccc caattcgagc ctccaattgc tggaaaaaa 3360
 taaatgaaa ttctgaattt ttggacgggt gcatttttca gtgatattgc gactgacctt 3420
 ctgctgcaaa tctactcct tctgcttggg g 3451

<210> 525
 <211> 3201
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

5

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual= SecID_569;
 coordenadas = 725..844 ,889..1015,1574..1695,1752..1793,2207..2386,2438..2566,2616..2807

10

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_797;
 coordenadas = 749..844,889..1015,1574..1695 ,1752..1793,2207..2386,2438..2566,2616..2675

ES 2 479 090 T3

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1040

<400> 525

5

tggcatttcc	cgccaccgga	gcagtcgccc	aattgttttg	ttgctgagca	taattgatga	60
aactttgctg	ctgaccgttt	gctgaagcgt	aagcgccgta	attgaattga	gtctgctgat	120
atccgaacat	tctctgctag	tgtcaatttg	gcgagcacia	taaaaaagga	aggctaaaaa	180
taaaaaaga	ataaaataca	ttaaagctta	ttatatgtaa	tccaacaaat	ttgattaagc	240
taaaaatgag	atTTTTTTT	caaaatatgt	aaaaagcagc	aggagaactc	ctcttgogac	300
agtcctctat	tgttgtaatc	gataaaaaat	aatcgctcta	atgacaatTT	tcgTTaatTT	360
ttttcaaaat	aatcatgaaa	tttatgaaaa	atTTTggcac	ccccacaaag	tgtccaagcc	420
acgaaatgtc	caaaagagta	aaaaccacg	aaatgtccaa	aatgTTTcaa	aattttataaa	480
aacaaaatga	gtctaattta	ggatTTTTag	ggTTTTcggg	gtcgtgtaat	acgaatatac	540
cctttatatt	acccttgcc	taaccttagg	cccatctgaa	taataaaaaa	ctcaaatTCg	600
agacttgac	atTTcgtggg	ctggacatTT	tgtgggtcag	cgaaaatTTT	atTTgttaca	660
acgTTTctac	ttttacatct	gaatctataa	gtactacttc	cctatTTTaa	aataataatt	720
atTaagtGaa	ttttcgactt	atctataaat	gtttctgacc	cgcagcgaat	acgacagggg	780
agtgaacact	ttttccccgg	agggccgtct	gttccaagtg	gaatatgcca	tcgaaactgt	840
caaggtgagt	tggaagaatt	caattcagat	tcaccataat	tttcatagct	tggttccaca	900
agcatcggaa	ttcacaccaa	agaaggcgtt	cttttggtctg	cggaaaggcg	ttcaatgagc	960
aaattggtgg	tggacgactc	aatgagcaaa	atTTcggaa	ttgagaagca	cattggtaa	1020
gccatTTTc	cacaatatat	gtatTTtagtc	aaatgggtac	taatgtcgtt	tacagaccat	1080
aaaaaatagg	gtaataactgc	cgatggcccc	ccccctTTTt	ttggagaaaa	attcttctctg	1140
ttctaaaaag	tcgtgaaaac	acgttatggg	ctTTTTaaag	tcgctgatca	cgaactgaca	1200
ttcattTTTga	ccaatttcca	atccaggacc	cgaattcga	cataagtoga	gaattaatTT	1260
taccaaatt	cactTTTgtt	agaatctgaa	cggaaatcag	gtccgggggt	cgatgcaat	1320
ggtttatagt	taatTTTTtg	ctTTTTtaat	ctatTTTtaga	acataaaagt	gaatttgaaa	1380
TTTTTTgagt	tttogacttt	ttgttcgagt	tcgggtccgg	ggttcgaaat	aggtcgcTaa	1440
tggatgccgg	attcatgagc	agcgaccctg	atTTatTTTta	atggtctgta	aacgaaataa	1500
atacogtcaa	ttgttacaat	aaatTTgttg	ttaaattatt	tgatccccctc	TTTTTTaatc	1560
aatTTgtgtt	tagccgtcgc	ctcggccggt	ctcatcgcag	attcacgcac	ttgggtcgaa	1620
cacgcgccccg	tggaggctca	acactTTTtg	tttacttacg	gtggcaaaat	tcgggtggaa	1680

ES 2 479 090 T3

gacattactc aaaaggtgga taaggaaaat taaaagtggg cgttttcatt ttogttttat 1740
ttttctttca ggtctcaaga ttggcactgc attttgggga cgacgactca actgtatctt 1800
ttttcaaatt tgattttcac ttaaaaatca tgtttcaaac atgtttcatt ttaactattt 1860
tgattatgtg ggtcaggctg cccaagggg gtggggagag atacgtacc cccccctc 1920
cctcccaag accacttacc cctcctaaaa ttctgaaggg attttaaaaa attttccttg 1980
atagatacca atcgaaagcg ctgggtccaa tccctcaacc tttttcaaaa atacaaaact 2040
catctttttt tacaaaatct gataataaag ttttactgcg ctattatgga accatcggat 2100
cacttttccc atttagaaag tctttttggt ttaaattttt gcaaactt ttttgcttaa 2160
tcatttctct tccattggca tttttccaat tcattcttgc tttcagatca gtctcgccg 2220
tccgtttga gtttctatgc tttttgccg cattgatcac acgggtgccc atctctcca 2280
tttgaccgg tccgggacgt acattaatg tttggccaag gccatcggg cgggctccga 2340
tgcagcggaa caaacgctgc aagagcactg taaaaactgc gacaaagtga ggaaaatgca 2400
ctcattgctt ttcacatttt atcattatca ttgcagaaa atggaaatgg ccgaggcaaa 2460
acaagtcgca ctgaacacac tcaaacagct gatggaagag aaaatcaatt ccaaaaatgt 2520
ggaaattggt atgattaagc cgcagacgga caaggaaggc aaaacggtag caattggaag 2580
aaaatgcata tttgttatt tattcccatt ttcagttggg caaaattgtg tggttagagg 2640
aatcggagtt gcaagaaatc atttcgcgat tgtagtcgaa ggggacggat gagagaagga 2700
aaatgggctt tgcactgccc cttttatgat tggatgacct tttgttattc tctgcctttt 2760
tgtgactttt tcagtgtata aggcaaatga aagcaattaa ttgagaattt ggctaataatc 2820
caataaatgt ttcaattctc tgctgaggca cagtgtccc cactgactga cactaatgac 2880
aagagtttaa cgatgcgtag cactaataaa ccgtatctt cacacaccac acaaaatttt 2940
catatgagga ggctctgatc gctcccaaaa aaagacatta aaaaacaatg tcagatgata 3000
aggcggagtc aatcagtcca actcttatca gaatttattg aacgcttttt tgttggata 3060
aaacgaaata tcatggaact aattgacata tttttgggcc cggtaaatgc caaaattggt 3120
cgaatctttc agcagacaag aacgggacgg cacaacagac agtgccgtca atgtcttctg 3180
gcacagtgtc tccccttctg g 3201

<210> 526

5 <400> 526
000

<210> 527

10 <400> 527
000

<210> 528

15 <400> 528

ES 2 479 090 T3

000
<210> 529
5 <400> 529
000
<210> 530
10 <400> 530
000
<210> 531
15 <400> 531
000
<210> 532
20 <400> 532
000
<210> 533
25 <400> 533
000
<210> 534
30 <400> 534
000
<210> 535
35 <211> 5201
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*
<220>
40 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_580;
coordenadas = 3891..3838 ,3752..3586,3506..3342,3201..3025,2979..2832,2739..2593,2526..2445
,2394..2273,22 17..2024,1930..1837,1785..1487,1351..1234,1183..928 ,562..411
<220>
45 <223> Secuencia codificante = SecID_792;
coordenadas = 3891..3838,3752..3586 ,3506..3342,3201..3025,2979..2832,2739..2593,2526..2445,2394..2273
,22 17..2024,1930..1837,1785..1487,1351..1234,1183..928,562..411
<220>
50 <223> Secuencia peptídica = SecID_1035
<400> 535

ES 2 479 090 T3

otttgctttc gcggtggattt gcccgagaga ttataaaccc agtcctaaaag ctacggaaac 60
 aggtgcttac agtgggacaa ttacagtttt ctaagattat ttttgtgatg gcagggcaaa 120
 ttggtcgaga ctgacaaggc cgttgcatat tgtactgtaa tgccagagga ttcaccgctt 180
 ggcttggcac tcaaagaaca tcgcgagaac atccaacagg caactggcac tccgttgctt 240
 atgaacgaaa cccccaatgg ggacactttt ctggcggaaa gctgtgacaa aatcaaaaat 300
 ttcgatttcc aggtagcatt gacattacgc cattaggaat tttaaatgta tgtttatgta 360
 gctgaggttg ctaagactga acgattgaag aaatgactg aagaatttca ttatacatta 420
 aatacatagg tatatgtatg tatgtgtaag aatthttggc tttcgttggtt acaaatgcac 480
 tcaattgctt tatattctat tgtttttatt tttgttgaga ttgtttgatt agtgataacc 540
 agggttgttg tgaatcgaag aataaaatgc gaaatacgaac acgggtactt ttcaatthtt 600
 ggcctacatc tctatattta agccagatta aattatthtag gthtttcctg ggatgaaaaa 660
 tgtgctgatt actaacctga tctcgtthttg taaaaaaaac acatcgtattt ttcttaatac 720
 aagttaagat ttgtgatcag cacatthttta gaggatggtc aatgactgaa tacatacact 780
 gtactagagc caataccgat caaaagtggc aacattgaga cgaagtthctt gttcgaatcc 840
 aatcacaaaa aaacaattaa caaggggaat catttgacca tcaaacattht tgtcagcttht 900
 tatcttctcc ccccccccca thttthtcatt ggtthttccct thcgtthttc tgttgtgtct 960
 ctctcgtctt tctthttctgc tcttctcteg cctgtctctt catttctctt tcttctgca 1020
 gttgtatctt ccgttctctt thttctctct gcgctgcctc thtctgttct ctctctthaa 1080
 ttagtctctc tctgtccacc aatthaacac aagtgtcttht gctgtggtcc tccaaccgaa 1140
 cgcccaattc cgggaggatt tcgtcgcgca gtctgtcaca ctcttgaaa atggagcaaa 1200
 cttagthttga aatattaact ggtthaaatg tactthtcaa attccaatgt thttctgtgc 1260
 ccgagcctcg cttctgacga cctctcgaaa ctgtgcaagt atttccaagt acggcatgat 1320
 aatcgtthct ctgtcgtcag aagttgcgca gctaaaatga gaatthtttht gattccatgg 1380
 cttataaatc attgcgcat tctthaaattht thaaaagttaa aaacaaaaag thattaattht 1440
 ggtatggtcg ttgcagaata tcgagcttac tcaagtaata thttaccagt cthtagtaa 1500
 gaatthctgat ttgcccactg ccggtctgtac gccaaatag caaagcaatt ctctgacgaa 1560
 attggcacat thtgcagca gttggcaatt aagtacggct tctctctgtt tccggacct 1620
 aatgtaagtg ttcagaaggg aaatgatcgt cctgathttg tcaagaactg cgcgtgtgtc 1680
 gatggagtcg cacatggcca aatgcacgga cactthgatc gcgttgaatt tgttcagcac 1740
 thccatctcc tcttaccctg atthttthgaa gcacttgaaa thttthaaat thtctgtatc 1800

ES 2 479 090 T3

atttaaaatt atttttacct gggacaattc atccacttct ttaatttgct ttcttataat 1860
 atccttcaca ttgaggaaga attcgcagaa acatttttctg aaatgaatgg catgttccat 1920
 cgtcgattcg ctgaacattt tgacaataat tatttttttag gattgcaatt tcatttttgc 1980
 cataattgtc taattccgta tttcctccat ttccttggtc cacctgtagt ccaaattgtc 2040
 cgtccaattg tgcacagga aaaggaggcg cagttgtcga gcagtgtatt tgttcaacgc 2100
 ctcccttato gtcacaaaagt tcttcaaact ctctgcacatt tttagccctt cgattcgtaa 2160
 tgtgccgcaa tggaggaaaa agttaacca atgatcgttg tcattgtacg cctcacactt 2220
 aaaggaaaaa atattcaaaa cggaattttc catcaacagt tagagtactc acttgagcaa 2280
 tttcgttgtc atggtgggga aatttgagat caaatccgcc ggcgtgaatg tccaatttgt 2340
 ccccgcaaat ggccccactc attgccgaac attcgatgtg ccaaccgggc cgacctgaac 2400
 agaaaacaaa ttggaaaaca ggtgatgtgg aataaatgac acacctttgc ccaggggact 2460
 ttcccagaag ggcctcctcg tttggaggc tttccaaagc gcaaaatccg acggcgagcg 2520
 cttttcctac aaaaactgca ataaattcga caattaatta attggggaaa aaggggtgca 2580
 gttgttgctc actttcaaat tgtccactgc cacgctgagt tgccttccc cctctcgcaa 2640
 atgtttttcc gcactttctg catcagcata cgcctcgggg aggagtttg cataggaatg 2700
 gttgggtttt gatgcaatt gggcagtgtt aaaatacacc taaaaggaat aaaattgggt 2760
 aaaaagaaag gctaaagaaa catttataaa aggatcactg tagagatcaa atgcattcaa 2820
 aaaaaactta ctgatccatc agacacataa gcgtatccgt tgcggatgat ttgctgcaca 2880
 taatcaatga tttcgggaat gtactcgtc accctgggtca acacgtccgg ctcaagaaca 2940
 tttaacgcat tcatatcgca caaaaattca ttttcatacc ttaaaaaaca tgactcaaat 3000
 aaaggcatat tcggatttcc ttactttctg gccaatctcg cgaaaatgtc gtgttttagt 3060
 accgtatttc ccgggtaac gtccaaccaa tcggagagca cttctttcgc actttccacc 3120
 aatttgcgca ccaaaacagt gcgaacatca gctgattgcc cattgtctgg ctgggaaata 3180
 cgcgttttga attgaacgag atcagtctcg aatttggcaa tctgaaaatt tacggattag 3240
 aaattggaac aatcaataa aggcaaggca cagactcgaa taatccggca cttaattttt 3300
 gaagtgttca aacgaaataa tctttaaata tcggcttcca ctactgacc gtatcgacaa 3360
 aaagttttct tttgtcgtg tcgggttcaa tggatgcctt tttgagataa tgctgaagt 3420
 ctgcttgaag atgttgttcc aattcctcaa atccaaccga atcaatgcca ttcaaatatt 3480
 gctcaaaaag aaagttttg cgtgccctta aaaaggcaaa acaataaatt tttaaatata 3540
 tcattaaagt tcgtttatcc aaaattaggg gaatcggaaa agaacccttt gatgattttg 3600
 tegtcaatgt ccgttacatt catcacatag agcacgtcgt aattaaata atcggtcagc 3660
 actcgcctta caatatcaaa ggacagataa gctctcgcgt gtcccatatg ggcggaatcg 3720

ES 2 479 090 T3

taaacagtcg gaccacaaat ataacatttc acctgaacag ataaaaagaa atgattaatg 3780
 aactttgctc cccttctaaa atacccaaaa atgccttttc aaaccctcag aattcacctg 3840
 attccctgaa atgggttcaa atgtttcttt gtcgcgcgta aaactattca tcagccgtaa 3900
 acggggcttt tcctcattgt tttgcttttt gtaggcccgtc catttgcaag gcattgcact 3960
 aacggagcaa atttgagtaa aattaanaag aacagtcgct gaaaaacgga atgtgtatgg 4020
 aggaatagaa cgaataatth gcataaacta aaaaaaggag aaaaggatg tatttcggtg 4080
 gattaaatgg ttgaggaaaa ttaanaagaa ttaanaatac aacgcatttg cctatagaaa 4140
 agtaactat aaataagtha caaagaaaa gtgcagaaaa tagaaacaaa atccatcttt 4200
 ttaaatggcc aaataaatga aagtgaatc ggtaacggac aggcgaaagc atccgatcga 4260
 ctgcgaattg gcgccgctt gttttggcg caatttcaa aatgtgtgga tgatgatgca 4320
 atccgagtga gtcgctcgcc caccatcca tcaccgccc cacttatatg taagccatcc 4380
 ttatttgata tgagaagcaa tccccacct gacgaatgag ttgaggaatt ccaattacga 4440
 atgttagata aaattcgatt tgcaaatct atgtacataa atgttttgc catggacaag 4500
 gaaaggttg agatttttag atttgaaaa tttacactgc gttgtcaaag tgaatgtht 4560
 gcttacaata tgthtctac cattgttgca tthaattatt aattaggaat atcattagth 4620
 cgcctaattg gctthtgcgc cccaccaact tccctccctc cctcgcttcg cthtctcatt 4680
 catctatcaa cgtgcattcc catttattgt taaatgacat atgtaggtat tatttattgt 4740
 tgattcattt gttcgthtcc tthtctgcc aatttcaaaa acgactcgcg atgtgtgcgt 4800
 tthtctgtht tctctattcg thccaattgt tggattgaat thtagggagt gagcgaaaga 4860
 gggacgataa gaaagggtag tcaatgaacg aataataaat acaacaccaa aactatcgtt 4920
 gacgttctt ccctthtctt catctcgaag aagtgttht tcgaggcgtt taaactgtgt 4980
 thtacttcaa thcttcaaaa thcaaaagt cgattaaatt caattthgaa agaagcaaaa 5040
 gaggaagag acggagagaa aagcggcggg cgaatgcacc ggcggaatga gtgaatgcat 5100
 ctgccgtccg thtgcctcc gtctgccgat cagacgatgg gcactcctc actthcctc 5160
 ccagcttht ctthtcaac thcgcgttca tcaattcact a 5201

<210> 536

5 <400> 536
000

<210> 537

10 <400> 527
000

<210> 538

<211> 2477

15 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

20 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_583;
 coordenadas = 182..230 ,285..535,578..742,784..869,918..1077,1515..1618,1661..1937

ES 2 479 090 T3

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_808;
 coordenadas = 182..230,285..535,578..742,784..869,918..1077,1515..1618,1661..1844

5

<220>
 <223> Secuencia peptidica = SecID_1050

<400> 538

```

aagggtggcta attaatggga cctagtaaaa aaagaatfff taaaaaatag agaatttttc      60
atffffctag gactaaatff atfftaaatc ffftaaaaaa cagffatfff aataaaagff  120
gggtacaagt tgccccgata atcffffgat ffcttaagaa fffgagcgca fffffctff  180
catgatcaaa agattgacga atggaaactga gctcaaaact agtaaaaaacg gtcagtcctt  240
tgatffffgt cftaatagff fffgctatgc catccatffg acaggtacgg aactcagfff  300
fcggcctggf ctaatfcagf gaggagaatt ggagffcagc fgtggggffc aacgffgfat  360
cagffactff fffgagcctc fcattctcat ggcgcctfff fgcaaaaaac cfffgaatgf  420
gaatctgacc ggtgfftaaa atcccgfcga fgaactcagc atcgacgcca ffcgggctac  480
ffggctcccg gfcffffccg gctffgffct fgccgaccaa fgcacagaaa faaaagfcac  540
aaaactffat ffatfgagff fffffffata ffffcagatc aaagccagag gfffcagcc  600
gagffggcggf gfffcagfga cffctccag fcacatcaaa aggaatffgc fgfcgfgfca  660
atgcattaag ccaggaaaag fffgcaagat cagagffctc gcttacgfat gcaaaagfcac  720
gccatcaatc gcatctcgaa fggtaattac gccgfcgfff cgtgfcctff facactffff  780
cagatfgacg gagctaaaaa gatgctfcac ggaacatff fcgacatffa cattacgatt  840
gaccagagga agggcccca gggcggactg fcgfffffa fffatfffa ffftaaaaat  900
atatatffgt fffaaagatc fcccggcfff ggaatcfff fgacggcftga aaccaccgaa  960
ggcgtatfff fcacatggaga agcgatgfcg cgcctaaag gccaaaaagc agaccaaaaca 1020
fgcccggaag aaatfgggga acagggcgca agacgfffgc fggatgaaat fcacatggfa 1080
agfgcffffc cffatcatgg gffcgaaactg ffcattfffa cacatatatc ffgfffffff 1140
cfaatcattc caaagagffc acaaaaaacc facaccgfta cfffffcag ggaatffffa 1200
aatatffffa aaatatfff fcctcagat ffcfgatfff aaatatffat ffactaatca 1260
ggacgggacc gfcctffffc fcctcaccgff fffccgccc cctggaaagf fatfffffaa 1320
atffffatga aaatffffga ftcaaaaaag fcgactagff fffffgfff fcacfcgffc 1380
agaatccgaa fffcaaaaat fatgffatat fcgfgaaagf agagggcctg acaagctact 1440
    
```

10

ES 2 479 090 T3

gacatatgga atctagatta tgcccataaa cggaaaaata ttgtattata gtgtgataag 1500
 aaagaaagct ttagggaggc tgtgcagatt cgtcctgtca atctttggcc gccactttca 1560
 tgactctctg cgacagagat gtttcgaaat ttctccttgg tccactcaca attaacaggt 1620
 gcatttttca attctttgtc tttttattac tcgtttttag cgtacacacc cttcggaatt 1680
 tgcaaatggt tttcgagcaa atgtttaaat tggaggaatg gtggaagggt atgaaagaaa 1740
 tcgtcggaaa aggcggaaat gcgatgaaaa acggaagtga ggacaaatgt ttgatgacct 1800
 gtgttgggggt tggtttcttc aacatcaaca aagaccaact ttaattgttc ttttttgta 1860
 attttatatt tgtttttatt tattgtaata agactgaccg attgaattcg gcaaaaaata 1920
 catttcttat tttaaaatga attaatgggt aatttggaaa acaaacggaa agtgatgaaa 1980
 tgactgaaga aggtgcaaat acgacattta cggctgcttt gattagcgat ggacgtgctg 2040
 aaaatcagtt ggagcaaaag aaaccagcc aattgcattc cctccattt tccatggatt 2100
 ttaatgggcc ggcattggtc tccaaattct tccagactga ggatggcgct aatgggctca 2160
 aagcagcact gttccgagga catttgcttt tgggcaaac ggtcagagcg ccggaggggt 2220
 ttgcgtttta tgcagtcaaa gagagtgaac attcacaatc agaagagggga ggtgaggagc 2280
 aacagttgaa aaggacgggg ttttttctta gaattgaaa gtggcagcaa aggaaaacat 2340
 tctcattaat atttccatag agatgagcac gtacaatgtt gtggactctg ttccgtcgat 2400
 ggatgtttgg gagtacgacg aaccaccaga aagtcgtaag aaatgcctgc agaatgcatt 2460
 ggttgctctg caagttg 2477

<210> 539
 <211> 5202
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

5

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_584;
 coordenadas = 399..494,600..667,712..910,956..1089,1136..1330,1390..1498,1560..1700
 ,1742..1891,1953..2108, 2153..2314,2359..2617,2669..3028,3086..3371 ,3418..3538,3589..3740,...

10

<220>
 <223> coordenadas de ADNc genómica virtual = 3788..4064,4114..4224,4279..4434
 ,4497..4615,4660..4834,4895..5063

15

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_809;
 coordenadas = 399..494,600..667,712..910
 ,956..1089,1136..1330,1390..1498,1560..1700,1742..1891,1953..2108 ,
 2153..2314,2359..2617,2669..3028,3086..3371,3418..3538,3589..3740 ,3788..4064,4114..4224,...

20

<220>
 <223> coordenadas codificantes = 4279..4434,4497..4615,4660..4834,4895..5005

25

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1051

<400> 539

30

atgaaaata aaacaftaaa tcaattgcc ttattttgc acaagctftt aattfaatct 60

ES 2 479 090 T3

attgtggttat ttttghaaat caaacaaaat ttggatagat tttgggctta caatcgatac 120
 ctttttttgtt cttaaaaatc ccagtcctac tcatttgcaa ctgcaatcag tgaataaaaa 180
 ttattttttgc tcaatttttg gctgaaaatt tgtcactatt cgtcactatt ttggactttt 240
 tgccactatt ttgtcactat tttaacattt ttactcacta ttttagttaa ctaaggctta 300
 tttttaggca aaagccttta cgaagtcaag aaacttaaca ttttttatgt actagaaaag 360
 acaagtttcg tttatttttt tgattcatcc atttcaaaat gttttttgac gacgatgacg 420
 accaacagcc cagggaggaa tttgaaggcg atgagcaaat ggatgtaaat gaatttaata 480
 ttgaaacaca tcaaacggga caggaagagg aggaagaaga aatctcaaca gagctttggc 540
 aggtgtggtt tttgttttgt ttggtccaaa cttttctaata tctttgaaat gcctttaagg 600
 aagcgtgttg ggtggtgatt tcggcttatt ttgacgagaa gggactggtg cgacaacaac 660
 ttgacaggtt ggactgaat ttattctgga aaagtctttt ttctttcaca gcttcgacga 720
 atttatccaa atgagtgtgc aacgaattgt tgaaaattca ccggcagtcg aattgcagac 780
 agaattgcaa catatgtccg gggaaattga gacaccgacg cgtttttcct taaaatttgg 840
 ccaaatttac ctttcgaaac cgacgcattg ggagaaggat ggggcgccga ctccgctaata 900
 gcccaacgaa gttcaaattg acatcattca cagctatcaa attattaatt ccaggtctcg 960
 cttacgaaac ttgacttatt cttccccgct ttacgttgac attacaaaaa caatttcgcg 1020
 cgagggcgaa gaggaccaag ttgaacagta cgagaagggtg ttcattggca aatccccat 1080
 aatgctcagg tggaaaaatgc caaaagtcaa tttgtacttt tcaatgtgta aataggtcga 1140
 gctattgcat gctttccaat atgaatgatc gcgacttaac cgagctgaat gagtgtccac 1200
 ttgacccggg tggttatattt attatcaacg gcagtgaaaa agtgctaatt gcacaagaaa 1260
 agatggcgac caacacagtg tacgtctttt caatgaaaga tggaaaatac atgtacagaa 1320
 cggagtgtcg gtcggagcac ctgggggttg tcgacttttt gtccggctaa atttcttcgc 1380
 ctttttttagc cgtccaccat cccaattttg tgtaaatatg acaaacaaaag gtggaaaagc 1440
 tgctctaaag acaccgatgg gccagaaaat tgttgacagtg attccttaca ttaagcaggt 1500
 attggcatga ttcattgtca gttttttttg ttctcatttt ttctttttat tcttttgagg 1560
 aatcaatat catcattctt ttccgtgcc tcggtttcgt ctccgatcgc gacattcttg 1620
 agcatatcat ttatgatttt gatgaccagc aatgatgga attggccaag ccgagtctcg 1680
 acgaagctgt tgtcattcaa gtttaagcaat tcgaggggat ggacaaaagaa ccgtttttaa 1740
 ggagcaaaat gttgcgctga atttcattgg aactcgtggc gcgaagccgg gagtcaaaa 1800
 agaacagcga ataaaaatag cgaaggaaat tctacagaag gaaatgcttc cccatattag 1860
 catagcggaa cattgcgaga ccaaaaaagc tgtttgttta tgcatggctt attataacga 1920
 aattttaatg tttattattg cattttatta agtattttat cggctatatg gtccatcgtc 1980
 ttctattggc tgcgctcggc cgtcgcgagt tggatgaccg tgatcacatt ggcaacaac 2040

ES 2 479 090 T3

gcttggattt ggctggcca ttaatggcaa cgcttttccg tgctcttttc cgcaacttgt 2100
taaagaagt gttattcaca ttgcttaac aattgcaaaa ttgttcaaa aggtcogtct 2160
gactgctcaa aaatacatca acaaaaatgg caattttaat ttggatgttt gcgttcggcc 2220
tacgcttate actcgtggat tgcctattc tttgcaacc ggaaattggg gagagcagaa 2280
aagagcgcac caaactcgag caggcgtag ccaagtaaaa acaccttcga agatccaaag 2340
ttttccaact aaattcaggt gcttaatcga ctcaettaca ctgccacact ttcgcatattg 2400
cgacgatgca attcgcctat tggacgtgaa gggaaattgg caaagcctcg ccaattgcac 2460
aacactcagt ggggaatgat ttgccagcg gagacacctg aaggccaagc tgtgggctg 2520
gtcaaaaacc tcgctttaat ggcttacata tcagtcggtt cactgcctga accgatcctc 2580
gaattccttag aagaatggtc catggaaaac ttggagggtt tgtcttttgt ctcttctact 2640
attttagcta tttctttttg aaatttagaa gtggcgccaa tgtccattgc ggacagcacg 2700
aaaatattcg tcaatggcgc ttgggtgggc attcatcgca atcccgacca actgatgaca 2760
acattgctga aattgcgtcg ccaaatggac atcatcgttt ccgaagtgtc catggtccgt 2820
gacattagag atcgtgaaat tcgcataagt actgacgcgg ggcgcgtgtg tcgaccgttg 2880
ttaattgtga acgatcgcaa gttggtgttg aagaagcacc acatagaaca gctcaaggag 2940
agggacgca tggacgaaca gcaacagttc acttggtccg atttggtggc cggcggagtg 3000
gtggagctta tcgacgccat ggaagagggt aaagagcaat ttcaaaaaat gcaattattt 3060
acgcgaatac tgaaaagtga ttaagaaact attatggttg caatgacacc cgaagacctc 3120
aaaactggtg ggtactgtga aagctacacg cattgtgaga ttcacccggc gatgattctc 3180
ggcgtctcgc cgtctatcat tccttttccg gaccacaacc aaagtccccg aaacacttac 3240
caaagtgcc a tgggaaaaca ggcgatgggt gtttacacaa ccaactttca cgttcggatg 3300
gacacattgg cacatgtgct gtactaccg caaaagcccc tggtgaccac gcgttccatg 3360
gaatatttac ggtgaaactt gttttgcttt ttgtgttaa ttatagacgt tttccagttt 3420
caatgaactc cctgccggca taaatgccat cgtcgccatt ctttcgtatg gtggctataa 3480
ccaggaggac tccgtgatta tgaatcaggc tgggattgat cgtggtctgt tccgttcggt 3540
cggttttttg tttttatatg cccaatttca tgggcgtatc atttctaggt gttttaccgg 3600
tcatatcgtg attcggaca agagattgac aatgtgaacg agcaactgat tgagaagccg 3660
acgcgcgaca aatgcaaagg gatgcgaaac gccatttatg agaaattgga cgatgacggc 3720
atcacttcgc caggcactcg gtgtgtttaa aaataaaaag cattttaatt gacgactatt 3780
ttatcagagt gtcaggtgac gatgtgatca ttggaaaaac aattgctttg ccggagggtg 3840
aggacgagtt ggaagccagc acagcgcgt actctaagaa ggatgcgtcg acaacacttc 3900
gaagcagtga gacaggcatt gttgaccagv tgatggtcag tgtcaacgcg gagggcaaca 3960

ES 2 479 090 T3

aattcgtcaa aattcgcgtc cgttcaattc gaacacctca aatcggggac aaatttgctt 4020
cacgtcatgg tcaaaagga acaatgggaa tgatgtacag acaagtcagt gctttcagct 4080
cettactaac caaaatgtac ccttttatat taggaggata tgcctttcac atgcgagggc 4140
ataacgccgg acattatcat taatccacac gctgtgccga gtcgtatgac aattggacat 4200
ttgattgaat gcctccaagg aaaggtcggg ttacatattg aaatccattt gaatgcatta 4260
ttattattgt tgttaaagct ttctgcaaac aaaggcgaaa ttggcgacgc caccctttc 4320
aacgacacag tcaatgtgca gaaaataagt gctttgcttg agggtacgg ctaccaattg 4380
cgtggcaatg aaataatgta caacggattt accgggcaaa agttgagcac acaggtccca 4440
gaaaaacaat gcgaatgttt gtgatctgtg gttaatccat ttcctcatga taacaggtgt 4500
ttctgggccc aacttactac caacggctta agcacatggt cgaggacaaa attcactcac 4560
gcgcccgagg gcctgttcag gggatgaacc gacagccaat ggaaggcagg gcacggtaag 4620
aagtgttaaa caaaaccatg aacacttcaa tgccttaagt gacggtggac tgcgatttgg 4680
tgaaatggaa agagattgtc aaatttcaca cggcgctgct caatttttac gggagagact 4740
ttttgaggtg tccgatccat acacagttta tgtgtgcaat caatgcggat tgggtggtgat 4800
tttcaatcaa cggacgaaca ctttogagtg caaagtgagc agcatttgcc ttcctaactc 4860
agtattcatg ctttttaatt acgaatttat ttaggcatgt caaaataaaa cgcaagtgtc 4920
agctgttcga attccttacg cgtgtaagct gttgttccag gaactcatgt ccatgtctat 4980
cgcaccgcga atgatgacca aatagtcttt gttttgttt gttcattttt ttttattttt 5040
gaattgaata aatttaaaaa gatttgatat cggttcaacc gagcaaatta cgacagtttg 5100
caaccggggt atctattgtg tgttgtttat gtttattttg aattcataaa aatttaattt 5160
ggcgtaatgt ttgtctgcca gtgaatgacc caaatgcta aa 5202

<210> 540

5 <400> 540
000

<210> 541

10 <400> 541
000

<210> 542

<211> 4451

15 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

20 <223> Secuencia de ADNc genómica virtual = SecID_558; coordenadas = 2428..4112

<220>

<223> Secuencia codificante = SecID_788; coordenadas = 2428..4112

<220>

25 <223> Secuencia peptídica = SecID_1028

<400> 542

ES 2 479 090 T3

atgaagtcgt gagtcatgtc gaagaatgcg aaaatcttct tgcaacttcg aatgaatact 60
 tcaaaaataa ttatgtagca acagatgatac aaaatgtgtc aatcgataga attttgattg 120
 aaattctgga aaaaaggcaa ttccagattc ggaaaaacaa agtctgttgg aattggtttc 180
 gcaattcaag agtattttcg ctgtttccga ttcacagcta acccaaacia cccttattca 240
 gcatgaaatt gagacaggaa ttgcagcacc agtgagatcg aaaatgagac cagtgcctta 300
 cgcatataga gaaaaagtgg ccgaaatggt gaaagattat ttagaaaggg atttaattcg 360
 tccttcatat tccccgtggg ccagcccagt tatcgtgcca aagcgcgatg ggtcgcctcg 420
 tttttgtgtt gactatcgtg ccgtgaattc gataacacga aaggatagtt ttccattgcc 480
 aaacatagac aataactcttg ttactgggag gtaaaaaatt ttttacaacg cttgatttca 540
 tgtcaggcta ctggcaaatt cggatgaaac ccgaatcggc cgaaaaaacg gcgttcataa 600
 ctgagtttgg gctccacgag tttgtggtaa tgccgtgggt tatcgaatgc agtggccact 660
 tttcagcgtt ttatgaaatc actttttgaa ggaatgatca ataaatcttt atttgtttat 720
 atcogatgatg tgtaattgct ttccgaatca cttgaaagcc atctcgaaca ctagaaatgc 780
 gtttttgagc gtattgaaaa atcaggctta aaattgaaact ctcgaaatgc caatttagtg 840
 ccgaagaatt gccgttttta ggtcacactt tgactagaaa tggaatcaaa atgaacgaag 900
 aaaaaataca accagtcaaa aatttaccgg ttcctaaaac aaaaaaagaa ttacagtcac 960
 tattaggctt cttcacttat tataggaagt ttatttactc ggttggaaacc attgcagcac 1020
 cactttttcg tttgttaaag aaggagacaa aatttgaaat tggcgaatg gaaaagaatg 1080
 caattgataa attgaaagag aaaatcttaa gtgatgttgt actttatttc ccaaatcttg 1140
 aggcagcgaa aaatgaccca ttgaggaatt tcattataat gacggatgcc agtaaaattg 1200
 gcatttcggc aattctcagt cagcagaatg aaaaaggcag aattcgtcca atttattttg 1260
 cctcaaggca atgtaacaaa tttgagtcgt tatgcgccga ccgagctgga agcattggca 1320
 attogatttg gagtcacag ttcataacaa tgattcctac tagagtaata acggaccata 1380
 aatcgtgat cggaatgttt aaaagtaaaa aggaaaccgg aatgcacga gttgacaaat 1440
 ggatccttga attaaactca aaattcactc tgaaagtga ataccaaccg gggaaaaaga 1500
 atatgattgc ggatgttttg tcaagaacat tcgagacaaa agagtgtgaa acgttagaaa 1560
 ttgctgcgcc ggaagatatt gcattgattg ggatgttaag aattgaattg gggcaagaaa 1620
 agaatttgac tgttcagag aaaaatggaat gtgttcgtga aacaaaagaa agcgaatga 1680
 aatttgttta tgattttttg agtcagagat ttattcctga agatcctagg caacaaaaaa 1740

ES 2 479 090 T3

gtctgatgga catttgccac aaatatattt tgctagatga attggtgtat ttttgtaa 1800
 cggacggaaa attgaaactt ttcgttcag aaaaattcag aaatgagttg ttgagacagc 1860
 ggcataaaag taaatgtgca gagcatatga gtggcaaaaa attattcatt caactttcgg 1920
 aattttatta ttggccaaat atgctgggag attgtgtccg tgagcatttg aaatgtcgaa 1980
 tctgtgcgca tacgcgaatt gcgcgttcaa accaaccacc aatgcgagtt gttaactcgt 2040
 cagagccttt ggaattagtg tgtttagaca ttctcgatgt tggaccaagc aattcgaacc 2100
 aaaaatattg taagccggga ctccgggtctc ggctaccgat tgggattgaa ggggagaggc 2160
 tcctcccat tggaacgcc accgggattc cccttttaag ccatggctct cccagccgtc 2220
 gagccagtc agtcagtcaa tccccagtc atcactccca ctactggccc tccccctaag 2280
 ccgaccgatg ggacggagcc ttcgccggg ggctacggcc cagtccaaca atccgtcgg 2340
 ggacggagga gatcgatctc agtggtcgga actaagcagg ccgaatccc aaaccggca 2400
 cggcttaact ggtagcaccg gatggtttat tgtgagctgt tgaaaatgat ggagtcggag 2460
 taccaacagt tacgcgaact gtctgccggg cgcatggctg atttggactc gctgatcgcc 2520
 ttcacccgtg ctgctcagct tgaattgctt tggatccatc agcgtgagga attggaagtg 2580
 acacgcaact ggagcgcctg gacattccga tgctgcaaaa ctacttcaag cagctgctcc 2640
 atgagattga gctgcacgag aagcagttca acgacgtgca caaccagggc gccgcgctga 2700
 tcaaccaacg ccaccggcg ggcgaagtga tcgaggtgta cctgcgcacc atgcagaacc 2760
 aatgggattg gatgctgaac ctgagcaagt gcctggaggg ccacctgccc gacgcgtaca 2820
 atgccaaggc atttgtggag ggtcggagc aggtggagca gcagatgcag caacagttgg 2880
 accatcttga tegtgaatat tctcgtactg atttttcgtt ggacgatggt gaacagatgt 2940
 tgcgacagct tgactctgtc cgtgaataca tccaacaatt gcatgcgoga ctcatctcac 3000
 tgaccgacag gtgtgccaa atttcaccgc tttggcaacg tggcgaacgc atttcaaac 3060
 cgctgccggt gatggcactt tgcgagtaca agagcaagga caaaattcac atcagacaag 3120
 gggatgagtg cactctgttg gacaaccatg accaaattca gtggcgagtg gcggtatgg 3180
 acggcgttga ggcttcgctc ccatcgggtg tgttcgcat tctccgctt gaccgcgat 3240
 tggcctcgtt cctcagccga ctgcacaacc aattcgagaa gttgcgcaa ctgtgggatc 3300
 gcacccatca tttggtccgt tacaacatgg tgctgaacac aatgcccaca gtgcgtgcat 3360
 gggacttga cactttcctg tcgattccat ccgatcaacg ggacgagatc atcaaagctt 3420
 tgaatgagga cgtgaacaag ctgctgtccg agatggacc caacgatccc ttggccaagc 3480
 ggcttaagga cgagctcgg atgacgaacg aacatttcta cgatttgtt gacgcgctc 3540
 agaaagagcc ggagcccgc tactccaacc agttcgatgc tgcattgtcc gagttgtgc 3600
 gcaagttcga ggagggctgg aagcagctga accaccgggt gcaggaacga gtggccacca 3660
 acttgagga gttggaacgc caaatcaag agcacaaggc attcgaagat gcaactgcaga 3720

ES 2 479 090 T3

cgcttgacgt ggacgtgtcg aatgtgaagg aactgtaccg ccagctgcc caccacaacgc 3780
ccaccagcg tgcagcgcac gacaacatgg tgcagcgctg gcaagacatt tgggagctgt 3840
cgcgcatgta cgtggagcgg ctgaaggggc ttgaatcggg gttgaacggg ttggacgaag 3900
tgacggacat tgtgcgacgc catgagatca cgctggcctc ctttgacgac atgccggccg 3960
cgctggagcg cctgcgcggc gtgcacgccc agctgctgga gctgaatatg gtactgcaac 4020
agcaggaaaa catcgtcaag aagctgaacc gggacactgc aacgctgcgc caacatgttg 4080
cgcgcacgcg ttccggcgt gcaaaccatc cggtgctacc agttaagccg tgccgggttt 4140
cgggattcgg cctgcttagt tccgaccct gagatcgatc tcctccgtcc accgacggat 4200
tgttgactg ggccgtagcc cccgcgaaa ggctccgtcc catcggtcgg ctttggggga 4260
gggccagtag tgggagtgat gactgggaa ttgactgact gactggcctc gacggctggg 4320
agagccatcg cttaaaagg gaatcccggg gggcgttcca atggggaggt gcctctcccc 4380
ttcaatccca atcggtagcc gagacccgag tcccgactta cacctccacc ccagggcagg 4440
aaccgtccct g 4451

<210> 543
5 <400> 543
000
<210> 544
10 <400> 544
000
<210> 545
15 <400> 545
000
<210> 546
20 <400> 546
000
<210> 547
25 <400> 547
000
<210> 548
30 <400> 548
000
<210> 549
35 <400> 549
000
<210> 550
40 <400> 550
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 551
	<400> 551 000
5	<210> 552
	<400> 552 000
10	<210> 553
	<400> 553 000
15	<210> 554
	<400> 554 000
20	<210> 555
	<400> 555 000
25	<210> 556
	<400> 556 000
30	<210> 557
	<400> 557 000
35	<210> 558
	<400> 558 000
40	<210> 559
	<400> 559 000
45	<210> 560
	<400> 560 000
50	<210> 561
	<400> 561 000
55	<210> 562
	<400> 562 000
60	<210> 563
	<400> 563 000
65	<210> 564

ES 2 479 090 T3

<400> 564
 000
 5 <210> 565
 <400> 565
 000
 10 <210> 566
 <400> 566
 000
 15 <210> 567
 <400> 567
 000
 20 <210> 568
 <400> 568
 000
 25 <210> 569
 <211> 912
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 30 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_525; Secuencia codificante = SecID_797
 <400> 569
 agtgaat ttt cgacttatct ataaatgttt ctgaccocgca gogaatacga caggggagtg 60
 aacacttttt ccccgagggg ccgtctgttc caagtggaat atgccatcga aactgtcaag 120
 cttggttcca caagcatcgg aattcacacc aaagaaggcg ttcttttggc tgcggaaagg 180
 cgttcaatga gcaaattggt ggtggacgac tcaatgagca aaatttcgga agttgagaag 240
 cacattgccg tcgcctcggc cggctctcacc gcagattcac gcacttgggt cgaacacggc 300
 cgggtggagg ctcaacactt ttggtttact tacgggtgca aaatttcgggt ggaagacatt 360
 actcaaaagg tctcaagatt ggcactgcat ttggtggacg acgactcaac tatcagtctc 420
 ggccgtccgt ttggagt ttc tatgcttttt gccggcattg atcacacggg tgcgcattctc 480
 ttccatttgg acccgtccgg gacgtacatt aaatgtttgg ccaaggccat cgggtgccggc 540
 tccgatgcag cggaacaaac gctgcaagag cactgtaaaa actgcgacaa aaaaatggaa 600
 atggccgagg caaaacaagt cgcactgaac aactcaaac agctgatgga agagaaaatc 660
 aattccaaaa atgtggaaat tgttatgatt aagccgcaga cggacaagga aggcaaaacg 720
 ttgggcaaaa ttgtgtggtt agaggaatcg gagtgtcaag aaatcatttc gcgattgtag 780
 tcgaagggga cggatgagag aaggaaaatg ggctttgcac tgcccctttt atgattggat 840
 gaccttttgt tattctctgc ctttttgtga ctttttcagt gtataaggca aatgaaagca 900
 attaattgag aa 912

ES 2 479 090 T3

	<210> 570
	<400> 570 000
5	<210> 571
	<400> 571 000
10	<210> 572
	<400> 572 000
15	<210> 573
	<400> 573 000
20	<210> 574
	<400> 574 000
25	<210> 575
	<400> 575 000
30	<210> 576
	<400> 576 000
35	<210> 577
	<400> 577 000
40	<210> 578
	<400> 578 000
45	<210> 579
	<400> 579 000
50	<210> 580
	<400> 580 000
55	<210> 581
	<400> 581 000
60	<210> 582
	<400> 582 000
65	<210> 583

ES 2 479 090 T3

	<400> 583 000
5	<210> 584 <400> 584 000
10	<210> 585 <400> 585 000
15	<210> 586 <400> 586 000
20	<210> 587 <400> 587 000
25	<210> 588 <400> 588 000
30	<210> 589 <400> 589 000
35	<210> 590 <400> 590 000
40	<210> 591 <400> 591 000
45	<210> 592 <400> 592 000
50	<210> 593 <400> 593 000
55	<210> 594 <400> 594 000
60	<210> 595 <400> 595 000
65	<210> 596 <400> 596

ES 2 479 090 T3

000
<210> 597
5 <400> 597
000
<210> 598
10 <400> 598
000
<210> 599
15 <400> 599
000
<210> 600
20 <400> 600
000
<210> 601
25 <400> 601
000
<210> 602
30 <400> 602
000
<210> 603
35 <400> 603
000
<210> 604
40 <400> 604
000
<210> 605
45 <400> 605
000
<210> 606
50 <400> 606
000
<210> 607
55 <400> 607
000
<210> 608
60 <400> 608
000
<210> 609
65 <400> 609
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 610
<400> 610
000
<210> 611
<400> 611
000
10 <210> 612
<400> 612
000
15 <210> 613
<400> 613
000
20 <210> 614
<400> 614
000
25 <210> 615
<400> 615
000
30 <210> 616
<400> 616
000
35 <210> 617
<400> 617
000
40 <210> 618
<400> 618
000
45 <210> 619
<400> 619
000
50 <210> 620
<400> 620
000
55 <210> 621
<400> 621
000
60 <210> 622
<400> 622
000
65 <210> 623

ES 2 479 090 T3

	<400> 623 000
5	<210> 624 <400> 624 000
10	<210> 625 <400> 625 000
15	<210> 626 <400> 626 000
20	<210> 627 <400> 627 000
25	<210> 628 <400> 628 000
30	<210> 629 <400> 629 000
35	<210> 630 <400> 630 000
40	<210> 631 <400> 631 000
45	<210> 632 <400> 632 000
50	<210> 633 <400> 633 000
55	<210> 634 <400> 634 000
60	<210> 635 <400> 635 000
65	<210> 636 <400> 636

ES 2 479 090 T3

000
<210> 637
5 <400> 637
000
<210> 638
10 <400> 638
000
<210> 639
15 <400> 639
000
<210> 640
20 <400> 640
000
<210> 641
25 <400> 641
000
<210> 642
30 <400> 642
000
<210> 643
35 <400> 643
000
<210> 644
40 <400> 644
000
<210> 645
45 <400> 645
000
<210> 646
50 <400> 646
000
<210> 647
55 <400> 647
000
<210> 648
60 <400> 648
000
<210> 649
65 <400> 649
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 650
	<400> 650 000
5	<210> 651
	<400> 651 000
10	<210> 652
	<400> 652 000
15	<210> 653
	<400> 653 000
20	<210> 654
	<400> 654 000
25	<210> 655
	<400> 655 000
30	<210> 656
	<400> 761 000
35	<210> 657
	<400> 657 000
40	<210> 658
	<400> 658 000
45	<210> 659
	<400> 659 000
50	<210> 660
	<400> 660 000
55	<210> 661
	<400> 661 000
60	<210> 662
	<400> 662 000
65	<210> 663

ES 2 479 090 T3

	<400> 663 000
5	<210> 664 <400> 664 000
10	<210> 665 <400> 665 000
15	<210> 666 <400> 666 000
20	<210> 667 <400> 667 000
25	<210> 668 <400> 668 000
30	<210> 669 <400> 669 000
35	<210> 670 <400> 670 000
40	<210> 671 <400> 671 000
45	<210> 672 <400> 672 000
50	<210> 673 <400> 673 000
55	<210> 674 <400> 674 000
60	<210> 675 <400> 675 000
65	<210> 676 <400> 676

ES 2 479 090 T3

000
<210> 677
5 <400> 677
000
<210> 678
10 <400> 678
000
<210> 679
15 <400> 679
000
<210> 680
20 <400> 680
000
<210> 681
25 <400> 681
000
<210> 682
30 <400> 682
000
<210> 683
35 <400> 683
000
<210> 684
40 <400> 684
000
<210> 685
45 <400> 685
000
<210> 686
50 <400> 686
000
<210> 687
55 <400> 687
000
<210> 688
60 <400> 688
000
<210> 689
65 <400> 689
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 690
	<400> 690 000
5	<210> 691
	<400> 691 000
10	<210> 692
	<400> 692 000
15	<210> 693
	<400> 693 000
20	<210> 694
	<400> 694 000
25	<210> 695
	<400> 695 000
30	<210> 696
	<400> 696 000
35	<210> 697
	<400> 697 000
40	<210> 698
	<400> 698 000
45	<210> 699
	<400> 699 000
50	<210> 700
	<400> 700 000
55	<210> 701
	<400> 701 000
60	<210> 702
	<400> 702 000
65	<210> 703

ES 2 479 090 T3

	<400> 703 000
5	<210> 704 <400> 704 000
10	<210> 705 <400> 705 000
15	<210> 706 <400> 706 000
20	<210> 707 <400> 707 000
25	<210> 708 <400> 708 000
30	<210> 709 <400> 709 000
35	<210> 710 <400> 710 000
40	<210> 711 <400> 711 000
45	<210> 712 <400> 712 000
50	<210> 713 <400> 713 000
55	<210> 714 <400> 714 000
60	<210> 715 <400> 715 000
65	<210> 716 <400> 716

ES 2 479 090 T3

000
<210> 717
5 <400> 717
000
<210> 718
10 <400> 718
000
<210> 719
15 <400> 719
000
<210> 720
20 <400> 720
000
<210> 721
25 <400> 721
000
<210> 722
30 <400> 722
000
<210> 723
35 <400> 723
000
<210> 724
40 <400> 724
000
<210> 725
45 <400> 725
000
<210> 726
50 <400> 726
000
<210> 727
55 <400> 727
000
<210> 728
60 <400> 728
000
<210> 729
65 <400> 729
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 730
<400> 730
000
<210> 731
<400> 731
000
10 <210> 732
<400> 732
000
15 <210> 733
<400> 733
000
20 <210> 734
<400> 734
000
25 <210> 735
<400> 735
000
30 <210> 736
<400> 736
000
35 <210> 737
<400> 737
000
40 <210> 738
<400> 738
000
45 <210> 739
<400> 739
000
50 <210> 740
<400> 740
000
55 <210> 741
<400> 741
000
60 <210> 742
<400> 742
000
65 <210> 743

ES 2 479 090 T3

	<400> 743 000
5	<210> 744 <400> 744 000
10	<210> 745 <400> 745 000
15	<210> 746 <400> 746 000
20	<210> 747 <400> 747 000
25	<210> 748 <400> 748 000
30	<210> 749 <400> 749 000
35	<210> 750 <400> 750 000
40	<210> 751 <400> 751 000
45	<210> 752 <400> 752 000
50	<210> 753 <400> 753 000
55	<210> 754 <400> 754 000
60	<210> 755 <400> 755 000
65	<210> 756 <400> 756

ES 2 479 090 T3

000
<210> 757
5 <400> 757
000
<210> 758
10 <400> 758
000
<210> 759
15 <400> 759
000
<210> 760
20 <400> 760
000
<210> 761
25 <400> 761
000
<210> 762
30 <400> 762
000
<210> 763
35 <400> 763
000
<210> 764
40 <400> 764
000
<210> 765
45 <400> 765
000
<210> 766
50 <400> 766
000
<210> 767
55 <400> 767
000
<210> 768
60 <400> 768
000
<210> 769
65 <400> 769
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 770
	<400> 770 000
5	<210> 771
	<400> 771 000
10	<210> 772
	<400> 772 000
15	<210> 773
	<400> 773 000
20	<210> 774
	<400> 774 000
25	<210> 775
	<400> 775 000
30	<210> 776
	<400> 776 000
35	<210> 777
	<400> 777 000
40	<210> 778
	<400> 778 000
45	<210> 779
	<400> 779 000
50	<210> 780
	<400> 780 000
55	<210> 781
	<400> 781 000
60	<210> 782
	<400> 782 000
65	<210> 783

ES 2 479 090 T3

<400> 783
000

5 <210> 784

<400> 784
000

10 <210> 785

<400> 561
000

15 <210> 786
<211> 3021
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

20 <220>
<223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_505; Secuencia de ADNc = SecID_544

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1031

25 <400> 786

ES 2 479 090 T3

tatgcgcttg gacattccgc catggaacac ttgcgcaagg cgtcggttct cgtcagtggc	60
ctcggtccg tgggctgga ggtggcgaag aatctgatcc ttggcgtgt tcgctcggtg	120
actcttcacg acacaaaagc gttggcgctc agagatttgt cggcgcattt ctacgccaag	180
gaaagcgacg tgggaacgaa ccgtgccaaa gtttgcttcg acaaattggc ggagctcaac	240
gacactgtga actgtgcatt gtctgtggaa aatctgtcgg aggatttcgt caaacaattc	300
gacttggtcg ttctcaccga cgcgtccttt tccactcaga cggaaagtga cggttggatg	360
cgcaaccatc gaaaatggt catctcggca gacgcgcgcg gacttttctc ttatgcattt	420
gtggacttgg gcgacgaatt cgttgtgaac gattccgacg gggagacgtg caaagagggtg	480
ctcgttgagt acatcgactg cgaaagcggc gacatgacga cactcgaagg cgcatttcac	540
cagttggagg acggggacca cgttgtgttc accgactttg agcacgccga actgaacgaa	600
cttccaccag tgccagtcac tttgaaggga agcaaagtct tcaacattgg aaatgctctc	660
gcggcctttt ctggcgcagt tcaaggcccc gtttcgcgtg gacgtgttca gcaagtcaaa	720
gtgcccaaga aaatgtcctt caagccattg tctcgcgcac tcgccgagcc cgactttatg	780
atttgggact ttgccaaagt cgacgaacct gcacaacttc acgccctttg gcaggctttg	840
tacagttttg aggagatgaa aaactacagc cctttgcccc gttccgatgc cgacgcaaaa	900
ttgttaaagg aaatgctgcc aaaagatgcg cccgaaatgc cggactcact gctcttcaac	960
ttctcttacc aggcgtgcgg aaatctcca occatcgctt cgctcatcgg cggtttggtg	1020
gcccagagg cgatgaaggc agtgacgcac cacacgacgc ccctcaagca gtttctgtac	1080
accgattctc ttgaggcgtt gccgggcgcc gattcgacct ttgacgccgc caagttggag	1140
aagaacgatt gtgcaccgcg caacaatcgc tacgacggac aggcggccgt tttcgggtgg	1200
gcctttcagg aggcgctgca gcaacagaaa tggttcattg ttggcgcgg agcgattggc	1260
tgtgagctgc tgaagaacat ggcgatgatg ggcttgggct gtggcaacag tggctcgtg	1320

ES 2 479 090 T3

accatcaccg accccgacac catcgaagtg tccaatttga accgccagtt tctgtttcgt 1380
 cgtcctgatg ttgggaaaaa gaagtccgaa gtcgccgcc gccctcgtcaa agcgtttaac 1440
 tcgaccattc acatcaatcc gatgtctgag atcgtcgccg agtcgaccga gcacatcttc 1500
 ggcgacgact tcttcgcccg tctgaacggc gtctgtaatg cgctggacaa tctcgaagca 1560
 cgccgttacg ttgaccgccg ctgctgttac tctcagcttc cgctgctcga gtccggcaca 1620
 atgggcgcaa agggcaacac gcaagtgtc tcccgccact tgacggagtc ttacggctcc 1680
 acgtccgacc cgcccgagaa ggagacgcc atctgcacgc tgcgcaattt ccctaccaa 1740
 atccatcaca ccattcaatg ggogcgagct aagttcaccg actatttcac ttcggttgcg 1800
 gagacggtca accaatactt ggacaatgtg aacgactttt tgcaaccgagt gaaccaaatg 1860
 actttttctc agcggatcga agtgctcagt acgcttgagc gtgcggttggc cgtcgaatac 1920
 ccgaaaaatg cggaagaatg tgtgagttgg gcccgatgaac tcttcgacac gctttaccac 1980
 aacgacattg cccaatgct gcacaatttc ccttcagca tcttactgc ccaaggcgac 2040
 aaattttgga gtggaaccaa acgctgtccg cacactttga acttcgacgt taacaaccct 2100
 gaacacttcg agttcgtctt ctccgcttcc attttgctg cccaatctta cagtttgct 2160
 ccgatcactg agcgcaaaaa agtggcaciaa ttggccatgg cgtactgctc caaacgctt 2220
 agaccacaag agggagtgcg catcgtctgt accgacgcgg aggcgactgc caatgatggc 2280
 aacacagcaa atggcgatgg agacgaaact gtacttcggc tgaacgatct gaacgtgaaa 2340
 ttggccaggc tgaacttggg gaacattcgc cgcgatgacgc ccattgactt tgagaaggac 2400
 gacgactcca accaccacgt cgacttcgtg acgagtgcc ccaatttgcg agccgataat 2460
 tacgacatcg aaaaggctga tcggatgaaa acaaaacaaa ttgcgggcaa aatcatcccg 2520
 gcggttgcca ccacaactgc gctcgtctca gggctcgtct gcacgaact ctacaaaacc 2580
 attgaggcgg atggaaggcg ctcgacggct cagatcgaac acatcaaaaa tgcatttata 2640
 aacttggtta cgcctttcat tgcgttcagc gagccgggca aagcgcagaa gaagaagtac 2700
 ctcgacattg acttcactct ttgggaccgt ttcgaagttg acggaccgat gacattgggg 2760
 caactgattg attgggttga ggtgagtaag agtggcctca ccgtttcaat gattcttcc 2820
 ggcgtctccc ttttgatgc gttctttcag ccgcagaaa aagttgccga gcgcaagaac 2880
 atggatctta ttgcggtttt cgaggaagtg tctcgtggca aagtgcgga ccatcgccga 2940
 gcgatcgttc ttgaggcgtt gaccagaat gaggaaaacg aagacgttga tatccattc 3000
 attaaatata atttccgtta a 3021

<210> 787
 <211> 1014
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_506; Secuencia de ADNc = SecID_545

<220>

ES 2 479 090 T3

<223> Secuencia peptídica = SecID_1032

<400> 787

```

atggagtgca tgagaatggt gattgtccgt ctccgtggtg agtttgagaa acgcgtccgt      60
ttcctccgtc cgtccgatga aactgtccat tccgtgccgg atgacgacga cactttggag      120
gagccgcccc gactgcccc a gggcaatcgc cgtcggttgg gcgtgtcggc ggaggtgccg      180
gacgaaaatg aggcggccaa ttaccagcga gtggtcatcc cgaaagacga cgacgtgcaa      240
aaggctttgc gagcggcgat gtgcaaaaat gtgctgtttg cgcatttggg cttggacgag      300
gaaaaggcca ttttcgacgc catgtttccg gtggagaaac acctcgggga gacaatcatt      360
gagcagggtg aagagggcga caatTTTTat gtgattgaca gtggcgaggt cgatgtgttc      420
gtcaatggcg agttcgtggt gaggattaag gagggaggtt catttggcga gttggcactg      480
atztatggca ctccgcgcgc agccaccgta gtgcggaaga cgaacacggt caaactgtgg      540
gccatcgacc gcatcactta ccgcgccatt cttatggggt cgacgatgcg aaagcggaaa      600
atgtacgacg aattcctgag caaagtccag attccttccg acttagacaa atgggaaagg      660
gccaatgtgg cggatgcggt ggaacagtgc caattcccct cgggcaccca cgtggtggag      720
cagggacatc ctggggacga attcttcacg attgtggagg gcgaagctga ggtgctgcag      780
agaccgaacg acgacgcgcc cttcgaagtg gtcggaaaat tgggaccctc tgactatttc      840
ggggaaatcg ccctccttct cgatcgccct cgtgccgcca ccgtcgtggc caaaactctg      900
ctgaaatgtc tgaaattgga ccgggcacga tttgagcgcg tgatgggtcc ggtgcgtgag      960
attctcaagc ggcacgtgtc caattacaat tcgtacgtga agctgatgac ttga          1014

```

5

<210> 788

<211> 1685

<212> ADN

10

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_542; Secuencia de ADNc = SecID_558

15

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1028

<400> 788

ES 2 479 090 T3

tattgtgagc tgttgaaaat gatggagtcg gagtaccaac agttacgca actgtctgcc 60
 gggcgcatgg tcgatttga ctcgctgatc gccttcatcc gtgctgctca gcttgaattg 120
 ctttgatcc atcagcgtga ggaattgaa gtgacacgca actggagcgc ctggacattc 180
 cgatgctgca aaactacttc aagcagctgc tccatgagat tgagctgcac gagaagcagt 240
 tcaacgacgt gcacaaccag ggcgccgccc tgatcaacca acgccacccg gcgggcaag 300
 tgatcgaggt gtacctgccc accatgcaga accaatggga ttggatgctg aacctgagca 360

 agtgccctgga gggccacctg cgcgacgctg acaatgccaa ggcatttctg gaggagtccg 420
 agcaggtgga gcagcagatg cagcaacagt tggaccatct tgatcgtgaa tattctcgtg 480
 ctgatttttc gctggacgat ggtgaacaga tgttgcgaca gcttgactct gtcogtgaat 540
 acatccaaca attgcatgcg cgaactcatt cactgaccga caggtgtgcc caaatccac 600
 cgctttggca acgtggcgaa cgcatttcaa aaccgctgcc ggtgatggca ctttgcgagt 660
 acaagagcaa ggacaaaatt cacatcagac aaggggatga gtgactctg ttggacaacc 720
 atgaccaa atcagtgccga gtgcgcccga tggacggcgt tgaggcttcc gtcccacgg 780
 tgggtgtccg cttcctccg cctgacccgc gattggcctc gttcctcagc cgactgcaca 840
 accaattcga gaagtgcgc aaactgtggg atcgcacca tcatttggtc cgttacaaca 900
 tgggtgctgaa cacaatgccc acagtgcctg catgggactt ggacactttc ctgtcgattc 960
 catccgatca acgggacgag atcatcaaag ctttgaatga ggacgtgaac aagctgctgt 1020
 ccgagatgga ccccaacgat cccttggcca agcggctta ggacgagctg cggatgacga 1080
 acgaacattt ctacgattt ttggcacgccc ctcagaaaga gccggagccc gactactcca 1140
 accagttcga tgctgcatgt gccgagttgg tgcgcaagtt cgaggagggc tggagcagc 1200
 tgaaccaccg ggtgcaggaa cgagtggcca ccaacttga ggagttgaa cgccaaatca 1260
 aagagcacia ggcatcgaa gatgcactgc agacgcttga cgtggacgtg tcgaatgtga 1320
 aggaactgta ccgccagctg ccccaaccaa cgcacccca gcgtgcagcg cacgacaaca 1380
 tgggtgcagc ctggcaagac atttgggagc tgtcgcgcat gtacgtggag cggtgaagg 1440
 ggcttgaatc ggtgttgaac ggttggacg aagtgcgga cattgtgca cgccatgaga 1500
 tcacgctggc ctctttgac gacatgccg ccgcgctgga gcgctgccc ggcgtgcagc 1560
 ccagctgct ggagctgaat atggtactgc aacagcagga aaacatcgtc aagaagctga 1620
 accgggacac tgcaacgctg cgccaacatg ttgcgcccac gcgtttcggc gctgcaaacc 1680
 atccg 1685

5

<210> 789
 <211> 1482
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

10

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_519; Secuencia de ADNc = SecID_559

 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1033

ES 2 479 090 T3

<400> 789

```

atggttacgg aacagaatgg cgctactttt gctggtgacg ttgaggaaat tgcggctggg      60
catcacgtta cgctgtgga catgacaaca gctaccagca aacttcagct tgaggctgcc      120
gaagtgcgaa atccggcgaa taaaccgaat tggtcacgtt atttgcgctc tcaattggtg      180

cctcaaaatg agtacaattt cattattgaa ttggaaaagg ccaaaaacaa gcaggagagg      240
gacgaagcgt tagccaagga caagacgaat tcggcacgga gtattatcaa tttgatcacc      300
gaagttgcga aggatcagct gatccgttac gttctcaccc ttttogacga ccttttgtag      360
gaggacaaat cccgggtaga gattttccat gattatgcaa gacggcaaaa acgaactatt      420
tggtcgtggt tccaagggat tttaacgcga aatgacagtt tcattgtcaa ccaaatgtct      480
gcaatattct caaaattggc ttgctatggc tctgtgctta tggatggaca agaactgcaa      540
gcttatttca atttccttca acaggaata aaaaactcgg ttagcaacga atacataaat      600
acatcagttc gatgtctaca aatgatgta cgaaggaaa agtatcgacg aaaattcgtt      660
gagtatgacg gcgttaaaag cattcttttg gcattgaatg gtcgtgcaa ttttcaactt      720
caataccaac tcattttttg cctttggtgc cttaccttcg acagtaacat cgctcaattt      780
gtccagggat tgggcattat ccaaccgttg ggcgatattc tctccgaatg ctcaaaggaa      840
aaagtgattc gtatcattct cgcgaccttc cgaaatttgt tggagaaaat tgacaataga      900
gagatggtgc gcgaatcggc actgcaaatg gtccaatgca aaacgctgaa aacccttgaa      960
ttgatggacg ccaaaaagtt tgacgacctg gacttgggtg acgacattga atttctgtct     1020
gaacgtcttc acgcctcggg gcaggatttg agttcgtttg acgaatactg tgccgaggtc     1080
cgatcgggca gactccagtg gagtccggtg cataaattgg agaaattctg gcgcgaaaat     1140
gcacaacgct tcaatgaaaa gaactttgaa ttgataaaaa tactcatcaa aattctcgag     1200
accagcagcg acccattgcc gctcagtggt gctgctcatg acattggcga atacgtccgg     1260
cattaccatc gcggaaaaac aattgtcgaa caataccaag gcaacaagc agtgatgaag     1320
ttgttgagtg cagaggacct aaacgttcgg taccacgctt tgttagcaat ccaaaaagtta     1380
atggtgcaca attgggaata tcttggcaag caaattgaag gactcgaagg ggcaaaaggc     1440
gctgcggggg aagaagcaaa ggaagtgaaa acgcgaacct aa                               1482

```

5 <210> 790
 <211> 2697
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

10 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_511; Secuencia de ADNc = SecID_550

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1233

15 <400> 790

ES 2 479 090 T3

cttttgtcgg aatgccctgc gggcgattcg cctgttttcc tctccacca caaaccttcc 60
 gtgcctccg gcaactgtccc tctccgatcg ggcgccgtcc cgggagggtt tctcgaatgt 120
 accgaacttt gttccgtcgc aagacaatgc caattggtcg gtccgaagtc ggcactctgaa 180
 ggtgccgtgg cagaatttgg tgaagaaatg gcgacacgga cggtgacgaa gaattgtgtg 240

 aagagtgagc gcatctgttc ctgcctttc catttcgacg ttcataaaca aaagattttg 300
 gtgggtttcg cgcgtgaggt ggtctccgcc gactcagtc accgctgtct gtccgcttgt 360
 ctgaatgctg tcgatacgtt cggcttcgaa tgcgagtcgg tcatgtatta ccctgtggac 420
 gcggaatgca ttttgaacac ggaggaccga ttggatcggc ctgacctttt cgtggacgag 480
 cacgaggaca cggtcaccta cttggacaac aattgcgccg gatgtgagtg ccattggcat 540
 tttgacaatt tcaaaaacag cggcattttg aacgaccaac aattcgcaat tgcagacaaa 600
 tgttacgcac cgtacgtaac gcaatacgtg gcggtggaag gacgcccaatt gtcggacgaa 660
 ttggaccaca gttttgaagg gttggagctg agcgaatgtg aagagttgtg cacgcaacgg 720
 ttaagtgtta cggcaaacga cttcaactgc aaatcgttca tgtacagtaa cttgacgcgc 780
 agttgcgttt tgcggacga acgctcgcgc cctttgggcc gtgcccaattt ggccgaagtg 840
 ccgggatgga cttatttcga gaagaaatgc tttgcctccc cgcgtacgtg ccgcggcgtt 900
 ccgtcgttta cgcgagtgcc gcaaatgctt ttggtgggct ttgcctcttt tgtgatggaa 960
 aatgtgcogt cagtgacaat gtgtttgac caatgcacaa accctcctcc tgagacggga 1020
 caaaactttg tgtgtaaatc ggtgatgtat tattacaacg agcaagaatg cttttgaaac 1080
 gcggagtcgc gccattctaa gccggacctg ttcattcctg aggaggacga ctttgtggtc 1140
 gactatttcg acataaactg tcgcttgag toggaacagt gcagcgcgg agagggggcg 1200
 cgaagtccga aaatcgtgcg gacattaat gcagcactgc ccgaagggga cggtgccatt 1260
 cacgtagtgg aaacggtgca ggogaatgtg cgogaatgtg cccaaaaatg tgccgcctac 1320
 tctcccgaca aatgcogttc cttcaacttc gacaaatcgt ccggcatttg caatttgctt 1380
 tatttgacg gccgcggttc gctgcgccc gagccgaag gacaggtcga tctttatgac 1440
 ctccactggt tggagacatc gcccgaggc caatcaatgg gatgcgtcga ccccagggg 1500
 gccgcgttca gtcgccattt gtattcccaa tgggtcggg gcgaactgag caaagaattg 1560
 cattctgtgc ctctctcaa atgtttgaat ttgtgtccg gtgccgaca ttgtgaagga 1620
 ctttaattaca atcggcgaaa tggcacatgc gcagtgatcg gacaattggg cacagtgtcg 1680
 gggcgatgc agaagagtga acaagtggac ttttatcgga atgtttgtgc actgaaagaa 1740
 gtccaatcgg aggaatcaag cgcagcgaat gtgccaaaa gcaaaaggga tatgggatga 1800
 ggagaaatga aaggatcaa atcaaaaatt gggaaattaa tgtaaaaaa ggaaaaaaag 1860
 gcattggtga gcgcacttc tgaaggaaaa ggcgcaaaag aggacaaaa agttggaccg 1920
 cccatccaaa tcccggcag cgaagtgcac acgatttga attacgaggg cataagtgtt 1980
 cagataaac acagcgaacc cttctcggga gtgatgttcg tcaagaaca atacgacag 2040
 tgccgagttg aggtggggac agaaaacagc gtcacttag tgctcgact tcctgcaaac 2100
 tttggcatga aaccgatcac tttgacctc ccggaaggca aaggttcttt tgaaaccgc 2160
 gaaaaacagt gttcaaaaa ggctttcgca agttttgcta taatgttcag acaacgtcgc 2220

ES 2 479 090 T3

caatcgcaga gggattgtgg cctcgtggac atggacaacg gcacgtacaa aacggtggtg 2280
 gtcgttcaga ccaacaattt gggcatcccc ggcctcgtca cttcgatgga ccaactttac 2340
 gaaatttctt gcaattattc gagcatgttg ggaggcaaaag tgaccgctgc agccaatttg 2400
 acgctgcagg ggccgcagcc gtcgctgac caaccgcgag gaaagatcga actgggcaac 2460
 ccggtgctaa tgcaaatgat gccgatgaga gaagctaatt gaaatgtgcc acaggcaaaag 2520
 ttgggcgata ttttgaact tcgctgggaa ttgatggcca tggacgacga attggacttt 2580
 ttggtgaagg attgttacgc ggagccggga attgtgccgc caaagggcgc atcggcgcct 2640
 aagttggcca tggaaaagct tcaactcgtc cagggagggt ctgttgggac ggctttt 2697

<210> 791

5 <400> 791
000

<210> 792

10 <211> 2175

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

15 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_535; Secuencia de ADNc = SecID_580

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1035

20 <400> 792

atgaatagtt ttacgcgca caaagaaaca tttgaacca tttcagggaa tcaggtgaaa 60
 tgttatattt gtggtccgac tgtttacgat tccgccata tgggacacgc gagagcttat 120
 ctgtcctttg atattgtaag gcgagtgtg accgattatt ttaattacga cgtgctctat 180
 gtgatgaatg taacggacat tgacgacaaa atcatcaaaa gggcacgcca aaactttctt 240
 tttgagcaat atttgaatgg cattgattcg gttggatttg aggaattgga acaacatctt 300
 caagcagcac ttcagcatta tctcaaaaag gcatccattg aacccgacac cgacaaaaga 360
 aaactttttg tcgatacggc cagtgatctc gttcaattca aaacgcgtat ttcccagcca 420
 gacaatgggc aatcagctga tgttcgact gttttggtgc gcaaattggt ggaaagtgcg 480
 aaagaagtgc tctccgattg gttggacggt acccggggaa atacggtcac taaacacgac 540
 attttcgcga aattggccag aaagtatgaa aatgaatttt tgtgcgatat gaatgcgtta 600
 aatgttcttg agccggacgt gttgaccagg gtcagcgagt acattcccga aatcattgat 660
 tatgtgcagc aatcatccg caacggatac gcttatgtgt ctgatggatc agtgtatttt 720
 aacactgccc aattcgcac aaaaccaac cattcctatg caaaactcct ccccagggcg 780
 tatgctgatg cagaaagtgc ggaaaaacat ttgagagagg gggaaggcga actcagcgtg 840

ES 2 479 090 T3

gcagtggaca atttgaaga aaagcgctcg ccgtcggatt ttgcgctttg gaaagcctcc 900
aaagacggag agcccttctg ggaaagtccc tggggcaaag gtcggcccggt ttggcacatc 960
gaatgttcgg caatgagtgg ggccatttgc ggggacaaat tggacattca cgccggcgga 1020
tttgatctca aatttcccca ccatgacaac gaaattgctc aatgtgaggc gtacaatgac 1080
aacgatcatt gggttaactt tttcctccat tgcggcacat tacgaatcga agggctaaaa 1140
atgtcgaaga gtttgaaga ctttgtgacg ataagggagg cgttgaacaa atacactgct 1200
cgacaactgc gcctcctttt cctgatgcac aattggacgg acaatttggga ctacagcgaa 1260
tcgacgatgg aacatgccat tcatttcgaa aaatgtttct gcgaattctt cctcaatgtg 1320
aaggatatta taagaaagca aattaaagaa aaaaatttca agtgcttcaa aaaatacggg 1380
gaagaggaga tggaagtgct gaacaaattc aacgcgatca aagtgtccgt gcatttggcc 1440
atgtgcgact ccatcgacac acgcgagtt cttgacaaaa tcaggacgat catttccctt 1500
ctgaacactt acattatggt ccggaacag gaggaagccg tacttaattg ccaactgctg 1560
acaaaatgtg ccaatttctg cagagaattg ctttgcataat ttggcgtaga gccggacgtg 1620
ggcaaatacg aattctttac taagactgc tgcgcaactt ctgacgacag agaagcgatt 1680
atcatgccgt acttggaat acttgcacag tttcgagagg tcgtcagaag cgaggctcgg 1740
gcacagaaaa acattggaat tttgaaagag tgtgacagac tgcgcgacga aatcctcccg 1800
gaattgggag ttcggttggg ggaccacagc aaagacactt gtgttaaatt ggtggacaga 1860
gagacactaa ttaaagagag agaacagaaa gaggcagcgc agagagaaaa agagcaacgg 1920
aagatacaac tgagaagga aaaggaaatg aagagacagc cgaaggaaga gcagaaaaga 1980
aagacgagag agacacaaca gaaaaacgaa agggaaaacc aatttcttctg attcacaaca 2040
accctggtat aactaatca aacaatctca acaaaaataa aaacaataga atataaagca 2100
attgagtgca tttgtaacaa cgaaagccaa aaattcttac acatacatac atatacctat 2160
gtatttaatg tataa 2175

5 <210> 793
<211> 1506
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

10 <220>
<223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_532; Secuencia de ADNc = SecID_576

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1036

<400> 793

ES 2 479 090 T3

atggcgaaat ctgcaattga tgtaaatcgc ggcatacacag aagaccaaac agctaccata 60
 agaaattatt tcacacaacc gcaacttaatt tacaaaactg tcaactggagt gcgcgggcct 120
 ttggcatat tggcgatgt taaattccca caatacgctg aaattgtgaa acttacactg 180
 cctaattggag aaaaacgcat gggacaagta ctggaagtaa cgaaggacaa agctgtcgtt 240
 caggtgtttg aaggtacgtc aggtatcgtt gcaaaaaaca caatttgca gttcactggc 300
 gatattatga gaacacccgt ttccgaggat atgcttgga gaatattcaa tggatccggc 360
 acaccatcg acaaagggcc caatgttttg gcggaggatt acttgacat cgatggacag 420
 cctatcaacc catggtccag aatttatccc gaagaaatga ttcagaccgg catttccgca 480
 attgatgta tgaatagtat cgccagggga cagaaaatcc caattttttc tgctgcagg 540
 ctccgcata atgagatcgc tgctcaaatt gtacgccaaag gggcctcgt caaacagccg 600
 aacagaaaga aggaaaatga ggtggagggt gacgacgact ttgccattgt gtttgcgtgca 660
 atgggtgtca acatggagac agcgcgcttt ttcaaacaag actttgaaga aaacggttcc 720
 atgaaaaatg tgtgcctttt cottaacttg gctaatagacc caaccatcga acggatcacc 780
 acaccacgac tcgcgctgac ttgtgcagaa tttctggctt accaatgcca aaaacacgtc 840
 ttggttgtgc tcaactgacat gtcttattac gctgaagcac ttcgcgaagt gtccgccgcc 900
 cgagaggaag tgcccgtcg tcgtggtttt cccggttaca tgtacactga cttggccaga 960
 atatacgaac gtgccgggcg tgttgaaggc cgaaaggggt caatacacaca aattccaatt 1020
 ttgtctatgc ctaatgacga catcacccac ccaattcccg atttgaccgg ttacataacg 1080
 gaaggccaaa tttatgtgga tcgccaaactt cacaatcgtc agatttacc tccaataaat 1140
 gtacttccat cgctgtcgcg tctgatgaaa tcggccattg gcgagggaaat gaccctgccc 1200
 gatcattcgg atgtgtccaa ccaactttac gcatgttatg ccattggtaa agacgtgcaa 1260
 gcaatgaaag cgggtggttg agaggaggca ctgtcgtcgg atgatttgcct ctacttgag 1320
 tttctcaoga aatttgaaaa gaatttcatt tcacaaggga attatgaaaa ccggacgggtg 1380
 ttcgactcac tcgacattgg ttggcagctg ttgcgcattt ttccaagaga aatgttgaag 1440
 cgaattccag cgaaaacatt ggataaatat tacccaaggg gaggcactgg ggcgaggaac 1500
 gaatga 1506

<210> 794

5 <400> 794
000

<210> 795

10 <400> 795
000

<210> 796

15 <400> 796

ES 2 479 090 T3

000

<210> 797
 <211> 756
 5 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_525; Secuencia de ADNc = SecID_569

10 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1040

15 <400> 797

atgtttctga	ccgcgacgga	atcgcacagg	ggagtgaaca	ctttttcccc	ggagggccgt	60
ctgttccaag	tggaatatgc	catcgaaact	gtcaagcttg	gttccacaag	catcgggaatt	120
cacaccaaag	aaggcggtct	tttggtgctg	gaaaggcggt	caatgagcaa	attggtgggtg	180
gagactcaa	tgagcaaaat	ttcggaagtt	gagaagcaca	ttgccgtogc	ctcggccggt	240
ctcatcgcag	attcacgcac	ttgggtcgaa	cacgcgcggg	tggaggctca	acacttttgg	300
tttacttacg	gtggcaaaat	tcgggtggaa	gacattactc	aaaaggtctc	aagattggca	360
ctgcattttg	gggacgacga	ctcaactatc	agtctcggcc	gtccgtttgg	agtttctatg	420
ctttttgccg	gcattgatca	cacgggtgctg	catctcttcc	atttggacc	gtccgggacg	480
tacattaaat	gtttggccaa	ggccatcggg	gccggctccg	atgcagcgga	acaaacgctg	540
caagagcact	gtaaaaactg	cgacaaaaaa	atggaaatgg	ccgaggcaaa	acaagtgcga	600
ctgaacacac	tcaaacagct	gatggaagag	aaaatcaatt	ccaaaaatgt	ggaaattggt	660
atgattaagc	cgcagacgga	caaggaaggc	aaaacgttgg	gcaaaattgt	gtggttagag	720
gaatcggagt	tgcaagaaat	catttcgcga	ttgtag			756

<210> 798

20 <400> 798
 000

<210> 799

25 <400> 799
 000

<210> 800

30 <400> 800
 000

<210> 801

35 <400> 801
 000

<210> 802

40 <400> 802
 000

<210> 803

ES 2 479 090 T3

<400> 803
000

5 <210> 804
<211> 948
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

10 <220>
<223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_513; Secuencia de ADNc = SecID_552

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1046

15 <400> 804

```

    atgtcatttc ggtcagcagc ggcattaggg cttacttgc gtaaagcatc caaatttgtg      60
    ttgttcggcg cattggccac cggtggcagt gtgttgctgt actcgttggg gaatagcggg      120
    gcgctgcct acgactttgt tgtgcacccg agccatttgc catgggccca cggcggactg      180
    atggacgcaa ttgacatgcg atcggttcgt cgcggttacc aagtgtacaa gcaagtgtgt      240
    gccgcatgcc attccttgaa attcatccgt tacaaccatt ttgtcgacaa tttcatgaca      300
    cgggatgagg cgaagacgga ggctgccgag gcaactgatcc cggacttggg cgataatggt      360
    gtggaaattc ttcgtcccgg gctgctcaac gacacgttgc caagccccta caaaaacaac      420
    aaagctgccg cggcggcgaa cagtggcgca ttgccacccg atttgtcact gattatgtgg      480
    gcccggaag gggccgagga ctacgtgttc catctgttga ccgggttttt tgatgcaccg      540
    gcgggcattg acgtggagga gggcaaggcg ttcaaccctg acttcccaa cggctgtgtg      600
    ttggccatgc cgcaacaact gttgacgaa ggcattgact atgaggatgg cacaccggca      660
    acaatgtcgc aacaggccaa ggacatttgc accttcttgc gctgggcccg cgaacaatgg      720
    cacgacacgc gcaaacgctg ggcattggaag ttgatcacgc tgttgccact gctcacgttt      780
    gtgctactgt acgccaagcg caatgtgtgg gcaactgatg agacggagaa ggtgatcttc      840
    cggcgactgc ccggccgagg gtggacgccc gagtcgtcgg cgccaaagcc gcccaaggac      900
    gagccggagc tgaaggtgat cgagccgccc cagaagccgg tcgtctga                    948

```

20 <210> 805
<211> 1275
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

25 <220>
<223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_523; Secuencia de ADNc = SecID_564

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1047

30 <400> 805

ES 2 479 090 T3

cccaatgaga cggatgacaa aaccaaagaa ataaaatfff cagcgttga cgaggatgaa 60
 attgccgcac ttagtaatta caacatggga ccgtacgcgg atcagttgaa gcaggcggag 120
 aaggacattg atgaaattca gaagcgcata aacactcttt gcggagtgaa agagagcgac 180
 acggggctgg cgcgcccat tctttgggac attgcccgg acaaatggc catgtcccat 240
 gagcagccgc tgcaggtggc tcgctgcaca aaaatcatca aagaagaggg caaagaaacg 300
 cgttacatga tcaatgtgaa gcagttcgcc aagttcgtcg tggacctgca cgaaaatgtg 360
 gcgcccactg acattgagga gggaatgcga gtgggggtgg accgcaacaa ataccagatt 420
 catttgctt tgccggcaaa gattgacgcg tccgttacga tgatgcaagt ggaggacaag 480
 ccggacgtta cctacgcgga cattggcggg tgcgaagaac agatcaaaaa gttgcgtgaa 540
 gtggtcagat tccggttct tcagcctgag cgtttcacga gtttgggcat tgagcctccg 600
 aaggcgctt tgtttttgg tccgcggggc accggcaaaa ctttgtgtgc ccgcgcggtc 660
 gccaatcgga cggacgcgtg tttcatccgc gtcacggtt ccgaattagt caaaaaatac 720
 gttggcgaag gcgcgcgcat ggtgcgcgag ctgttttcgc tggctaaaaac gaaaaaggcg 780
 tgcattctct tcttcgacga agtcgacgcc atcggcggag cgcgatttga cgacggaaaa 840
 gggggcgaca acgaagtgca acggacgatg ctcgagttgg tcaaccaact ggacggattc 900
 gactcacgcg gggccatcaa ggttttgatg gccaccaaca gaccggacac actcgacccg 960
 gcgctcattc gtcccggtcg cattgaccga cgcattgaat tttccttgcc tgacctcaag 1020
 gcacgaggaa acattctcca aattcacacc aaacggatga gcgctcgaccg gaacattcgg 1080
 tacgaattga ttgctcgact ctgtccaaac acgacgggtg ccgacttgcg cagcgtttgc 1140
 actgagggcg gaatgttcgc tttgcgtgca cgtcgaaagg tcataacgga gcaagacttt 1200
 ctcaaggctg ttcagaaagt ggtgaaaagc tacgccaagt tcagttcaac gccggcgtat 1260
 atgacgcaca actga 1275

5 <210> 806
 <211> 1322
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

10 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_514; Secuencia de ADNc = SecID_553

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1048

15 <400> 806

ES 2 479 090 T3

gaatccaat atggctttgt ttacggcgtt tgggaccgg tggtaactgc tgagaaaatg 60
 tccggtgctg caatgtacga actcgtcaga gtcggccatt ctgaattggt gggcgaaatc 120
 atccgattgg aaggcgacta cgccacgatt caagtctacg aggagacttc gtcctgcaca 180
 atcggtgacc ccggtctgcg gacggggcag cctttgtctg ttgagcttgg cccgggcatt 240
 atgggctcca tttttgacgg aatacaacgg ccattgcacg acatttcaga aatgacaaa 300
 tccatttaca ttccgaaggg ggtcaatgtg aaggcattaa accgtgcaaa acgatgggaa 360
 tttatgccga ggaaagattt gcgagttggg gaccacgtga cgggcggaga tatcatcgga 420
 atggtgcacg aaagtgcgtt ggtcaagcac aaaattatgg tggagccgaa ggcgtgcgga 480
 acggtcaaat tcatcgcccc gcaaggccaa tacaccgtcg aagacaccat tttggaagtc 540
 gaattcgctg gacacacca aaagcttacg atgatgcaca tttggccagt cagaaacccc 600
 cgcccgctcg ccgaaaaatt agcggccaat ttccctctcc tctgtgggca ggcgctgttg 660
 gacgogctct tccggtgtgt ccagggcggc acaacggcaa ttccctgtgc ctttggctgt 720
 ggtaaaactg tcatttcgca gtcgttgtcc aatatcca actccgatgc cattatttac 780
 gtgggctgtg gcgagcgtgg caacgaaatg tcggaagtgt tgcgagactt tcccgaactg 840
 acgatggaag tggatggagt gaccacgtcc atcatggaga ggacggcgct ggtggccaac 900
 acttcgaata tgcccgtggc ggcgctgaa gcgtccattt acacgggaat tactctggcc 960
 gaatacttcc gcgacatggg tctgaacgtg gccatgatgg ccgactcgac ctcccgatgg 1020
 gccgagggcg tccgtgagat ttcgggccgt ctcggggaaa tgccggctga ctcgggttac 1080
 cccgcctatt tggccgcacg gctcgttcc ttctacgaaa gggcgggaaa agtgaatgt 1140
 tttgggtcgc ctgaacgca agggccgtc actattgtcg gcgcagtgtc gccgcccggc 1200
 ggagacttcg ccgaccccggt cacatcgca accctcgca ttgtccaagt gttttgggga 1260
 ctcgacaaaa aattggccca acgaaagcac ttccctcaa tcaattggct catttttac 1320
 ag 1322

<210> 807

5 <400> 807
000

<210> 808

10 <211> 999
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>

15 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_538; Secuencia de ADNc = SecID_583

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1050

<400> 808

20

ES 2 479 090 T3

atgatcaaaa gattgacgaa tggaactgag ctcaaactta gtaaaaacgg tacggaactc 60
 agttttcggc ctggtctaata tcatggagga gaattggagt tcgactgtgg ggttcaacgt 120
 tqtatcagtt actttttgga gcctctcatt ctcatggcgc ctttttgcaa aaaacctttg 180
 aatgtgaatc tgaccgggtg taaaaattcc gtcgatgaac tcagcatcga cgccattcgg 240
 gctacttggc tcccgggtctt ttcccgtttt gttcttgccg accaatgcac agaaataaaa 300
 atcaaagcca gaggtttcaa gccgagtggc ggtgggttcag tgactttctc cagtcccatc 360
 aaaaggaatt tgcgtgctgt gcaatgcatt aagccaggaa aagtttgcaa gatcagaggt 420
 ctcgcttacg tatgcaaagt gacgccatca atcgcatctc gaatgattga cggagctaaa 480
 aagatgcttc acggaacat ttctgacatt tacattacga ttgaccagag gaagggcccc 540
 cagggcggac tatctcccgg ctttggaatc ttcttgacgg ctgaaaccac cgaaggcgta 600
 tttttccatg gagaagcgat gtcgcgccct aagggccaaa acgaagacca aacagtgccg 660
 gaagaaattg ggaacaggc ggcaagacgt ttgctggatg aaattcatat gggaggctgt 720
 gcagattegt cctgtcaatc ttggcgcgcc actttcatga ctctctgcga cagagatggt 780
 tcgaaatttc tccttgggcc actcacaatt aacagcgtac acacccttcg gaatttgcaa 840
 atgtttttcg agcaaattgt taaattggag gaatgggtgga aggttatgaa agaaatcgtc 900
 ggaaaaggcg gaaatgcgat gaaaaacgga agtgaggaca aatgtttgat gacctgtgtt 960
 ggggttggtt tcttcaacat caacaagac caactttaa 999

5 <210> 809
 <400> 809
 000
 <210> 810
 10 <400> 810
 000
 15 <210> 811
 <211> 2013
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 20 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_508; Secuencia de ADNc = SecID_547
 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1053
 25 <400> 811

ES 2 479 090 T3

gtgccatttg ttgcagtgct tttggcactc gccacaccog gcacatttgg cgogtttgaa 60
 tgtgccaatc atgaaacagc aacatttgtt cgcatttcac gtgccogtct ggacggcacg 120
 ccattggttg tttccacggc tggccatgac ctgacctgct cgcaatactg ccggaacaac 180
 atogaacca cgaccoggtgc tcagaggctg tgcgcatctt ttaactttga cggacgcgag 240
 acgtgctact tttttgacga tgccgcaagc cgggccggca ctgccgacct gaacccaaac 300
 ccatccgcaa acaatttcta ctacgagaag acctgcttgc cgggcgtgaa cgcgccagag 360
 gcgtgcacct accgctcctt ttcatttgaa cgcctgcgca aaacgtcgct ggacggcttt 420
 gtgcggaaaa gtattcaggt gccttcccgg gagcagtgct tgagcgcagc ccttctggaa 480
 aaagaattcg tgtgccgttc cgtcaactac aattatgact catacgcgtg tgagatgagc 540
 acggaggacc gccgctogaa gccaccat ttgccgatga ccaaccagcc ggtggattac 600
 tatgacaaca actgcttgaa cagacaaaat cgctgcggtc agcagggcgg caaccttgtg 660
 ttcgtcaaga ccaccagtt cgagatcaag ttctatgacc aactcagtc tgttgagcca 720
 caagagtcca actgtctgca gaagtgcctg gactcgtgga acaccttctg tcgctcggtg 780
 gaattctcgc ccaacgagaa aaactgcatt gtcagcgacg aggacacatt ctgcgcgct 840
 gatcaacaag tggcggtgca cagcaaagac tattacgagc ccatttgtgt ggcggccgat 900
 ctgagctcgt ccacgtgccg tcaacaggcg gcattcaacc gcttcacggc cgtgtccatt 960
 gagggccaac cggtgggcag cgcccagggc gtcaccgtgt ctgactgcat ttcgtctgct 1020
 ttccaaaatt tgaactgcaa atcgatcaat tacgaccgca cacagagcac gtgccacatt 1080
 tatgccgttg gccaaagcag ggcgaacatc aaaaagaatc cgtcctacga cttctacgag 1140
 ttcaactcgc agtcccagtt tgggggcatg gcactgtgca ccaatgacgg catccgcttc 1200
 attgtgaaca ccaagagcc gtacacgggt gccatttatg cggcggagaa gttcagcacg 1260
 tgctcccaag tggtcgagaa tgcaaagcaa atttccatca cattcccgcg gccaaatgtg 1320
 tcgcccggcat gtggcactac aattaaggac ggcaaattgg aggcgttggg ggtcgtctcg 1380
 ttggacggag tgttgccgca ccaggtcacc acggagtggg accgcttcta ccgctgtca 1440
 tgcgacgtga acatggacaa accgggcttt gagggcacag tgatcgtaac caccatattc 1500
 gagacaaaag aggcggagcc ccaagtgtct agcggccgca caccgcccgc gatcactgcg 1560
 caactgtcgt tcctcgacaa ggacaaccaa ccgctggaga aggcacccat cggtgatcag 1620
 ctgcacttgg tggatgaacag cgagcaggcc gggccccaca atatgatggt caccgaatgt 1680
 gtggccactc gggtgggcgg cgaaggcag ccagtgccat tcaccatcat cgacaacggc 1740
 tgtcccgcct acctgccct ggttggcccg gtggagcaag actttgacaa gaatcgactc 1800
 aaggccgaga tgaaggcgtt ccgtttgac ggctcctacg acatacaaat tgtgtgcacc 1860
 gtcattgtct gtgccggacc caacggatgt ccgcccagca actgcttggc ctggggcacc 1920
 aacgaactgt tcatgtccca tggacgacga aagcggcgca acattggtgg ccaacaactg 1980

ttggcacaac agcaacaaca tgagcagcaa acg 2013

ES 2 479 090 T3

<210> 812

<400> 812
000

5

<210> 813
<211> 1483
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

10

<220>
<223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_509; Secuencia de ADNc = SecID_548

15

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1055

<400> 813

```

atgaccattt ctgcgaccgc tgacgttgac aagctccagg atgctggcaa ccgaatgcgc      60
atttctgcca ttgagcagac gtgctgccc aactcgggcc acccgaccag cagttgcagc      120
gcagcggaaa ttgtggccac tctgttcttt gccgaaatgc gttatgacgt gaaggaccgc      180
cgcagcgcac ccgcccaccg ttctattctg tccaagggtc acgcttgccc aattctgtac      240
gccgcttggg aagaggcggg cctgctcagc cgtgaccaag tgctctccct gcgcaagatt      300
gactccgaca ttgaaggaca tccgacccc cggctcaact tcatcgacgt ggccaccggc      360
tcgctgggcc agggctctgtc atgctgctgc ggcattggct acactggcaa atatgtggac      420
cattcgtcct accgctgtga ctgtttgatg ggcgacggag agagtgcgga aggtccgtg      480
tgggaggcag cagcatttgc aagtttctac aagttggaca atctggtggc cattgtggac      540
gttaaccgac ttggacaaag tcaggagacc caactgcagc acgacattga agcgtatgtg      600
caacggtttg ccgcttccgg ttggaatgcc atcggattgg aggacggaca cgacatctcg      660
gcacttttga atgcttacgc caatgccaa aacgtgactg gcaaaccac ggcaatcatc      720
gccaaaacgc tcaagggcaa gggcattgac ggcgttgccg acctgaacaa ccagcacggg      780
aagccggtgt cgaaggacaa ggcggagccc atccgggcat tgctcaaaag tgacaagccg      840
gcaaattgga ccatcccgc accgattcgg gacgcaccgg cggctgactt aggcacgggt      900
gccatcgcaa tgagtgcacc gccgcagtac aaaatgggcg aaaaggtggc cactcgacag      960
gcgtacggaa acgccttgct gaagctggcg gaggccaaca aacgcgtcat tgccttagac     1020
ggtgacatct ccaactccac cttctccaac ctggtgcaaa agaagctacc cgagcagttt     1080
gtccagtgtt acattgctga gcagaacatg gtcggtgttg gagttggcat ggcgtgccgt     1140
ggcgctgtgc ttccgcatgt cagcactttt gccgccttct tcaccctgac cggtgaccaa     1200
attcgcattg gcgcccgtgc cttcacaat gtcaaattca ccggctctca ctgctggcgtt     1260

tccatcggcg aggacggtcc cagtcaaatg gccctcgagg acttggcgtc gttcagcgtc     1320
ttgcccgcca gtgtcgtcct ctaccatcc gacgcggtgt cggccgaacg tgcgactgag     1380
ttggccgcca attacacggg catcacttac acgcgcgtct ctcgaccogc caccocagtg     1440
ctctacacaa gtgacgagaa gttcgagctg ggcaagtgca agg                                     1483

```

ES 2 479 090 T3

<210> 814
 <211> 776
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 5
 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_510; Secuencia de ADNc = SecID_549
 10
 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1056
 <400> 814

aatgatggga ggggaagcgaa agaaaaaggg gaaaaaagcg gaactgagcg agaaaaggaa 60
gcggttattg cgaattggga gccgagtcgg ttggtgccgc tttactcgga aaggaacaa 120
aacgacccga attatcggcc ccggttcaatt gaagggcgaa tgggcaaatt tgttgtcatc 180
gatgacaaac gatgcgtcaa tttggcgtcg actgattttt tcggctttat cggaaccag 240
aaaattgaag aagtagccaa aaatgccatt ttcaaatacg gcgtgggctc atgcgggccc 300
aggaatttct acggaacggg ggacgtacat ttggacttgg aaaggaatt ggctgagttc 360
atgggctgtg aagaggccat tctgtacagc tacggattcc ccaccatcgc aagtgccatc 420
ccagcttatt caaggagggg cgatgtcatt tttgcggaca aagggtgtaa tttegccata 480
caatccggac tgatggcgtc gagaagtgac attttatggt ttgaacacaa tgacatggcg 540
gacttgagc gcaaaatggt cgagttggag gagaaagaca aatgaatcc gaaaaggaaa 600
gcgtccattc gccgtttgat cgttgtcgaa ggaatttaca caattcggg cgacatttgc 660
ccactgccca aactgatcga gctgaaatgg cgacacaaag tgcgcathtt catcgacgag 720
tccttctctt tcggagtgtt gggaaagcac ggaaaagggt gggaattcca tttcaa 776
 15
 <210> 815
 <400> 815
 000
 20
 <210> 816
 <211> 1387
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 25
 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_524; Secuencia de ADNc = SecID_565
 30
 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1058
 <400> 816

ES 2 479 090 T3

accaagcaga aggagtacga tttgcagcag aagcaattgg aggctogaat tgcggccatg 60
 caatcggaga atgtgcgcgt tgcggaggaa gaaaggcgca aaacgttaat tgaggagaca 120
 aaacatgcmc gcgcaagagc cgactaccag gaccaattgg cacggaagcg acaagaggag 180
 gagatgagca tgaaggcacg aatgcaggaa gaaacattgc gcaggcagga ggagtccgtg 240
 aagaagcagg aggcaactcag aaaggcgacc attgagcatg agctgtcgcct acggcacaaa 300
 tacgacttgg aacgcattga cgcggacgtg cgcgccaaagg cgcgtgccgc acgcgacaac 360
 cgtgacgtga acctggagat gatgcgtgcg agtgaggagg agcgacgcaa gacggtcacg 420
 gaacagattc ggacaaccgc cggcgttggt ggcgctggac tgtccgagtt tctctccgat 480
 cgctccaaaa ttatggcggc agtcgggtgt ctgactgtgc tggcggtcgg ttggtacagt 540
 gccaaagcgtg gcaactggcgt tgtggccaaa cagggtggaag cacggcttgg taagccgtcc 600
 ctggtgctg aacgcctccg cctcacactg ttcgagctgt tcaaaccatcc aattgcgagt 660
 gtgcggacac tgttccgtgc ccgagaggac ccgctgaagg gcattgtgct caatccaagc 720
 ctcgagtgc gtctgcgtga cattgcgac accacgagga acacaaagcg taactttgga 780
 ctggtccgca atgtgttgtt ctacggaccg ccaggcacgg ggaagacaat gttccccaag 840
 agtttggtc gccattcggg tctcgactac gccataatga ccggcgggtga cgtggcaccg 900
 atgggcccgtg acggagtgtc cgcaattcat aaaatttttg actgggcca aacgtcgcgc 960
 aaaggtttgg tgccttttgt ggacgaagcg gacgcttttc tgcgcaagcg aagcacgaa 1020
 cagatcagcg aggacatgcg cggcatgctc aacgcgttcc tcttcagaac cggggaacag 1080
 tcgaggaagt tcatgttgggt agtggccagc aaccagccgg agcagttcga ctgggctgtc 1140
 aacgatcgtc tggacgaact tgtcgaatth ggactgcccg gtgagctgga gcgtgaacgt 1200
 ctactgctcc agtacttcaa gcagtacatt gccgaccgg ccacctccgg ggcacggacc 1260
 caacgcctga agctgggcca ctttgactgg ctgtccaaaa tgaagcaaat cgcctcgtg 1320
 actgcoggca tgtcgggccc tgagctgtcc aaattggtgt ttggctggca agtgagtggg 1380
 tgggcat 1387

<210> 817

5 <400> 817
000

<210> 818

10 <400> 818
000

<210> 819

15 <400> 819
000

<210> 820

20 <400> 820
000

	<210> 821
	<400> 821 000
5	<210> 822
	<400> 822 000
10	<210> 823
	<400> 823 000
15	<210> 824
	<400> 824 000
20	<210> 825
	<400> 825 000
25	<210> 826
	<400> 826 000
30	<210> 827
	<400> 827 000
35	<210> 828
	<400> 828 000
40	<210> 829
	<400> 829 000
45	<210> 830
	<400> 830 000
50	<210> 831
	<400> 831 000
55	<210> 832
	<400> 832 000
60	<210> 833
	<400> 833 000
65	<210> 834

ES 2 479 090 T3

	<400> 834 000
5	<210> 835 <400> 835 000
10	<210> 836 <400> 836 000
15	<210> 837 <400> 837 000
20	<210> 838 <400> 838 000
25	<210> 839 <400> 839 000
30	<210> 840 <400> 840 000
35	<210> 841 <400> 841 000
40	<210> 842 <400> 842 000
45	<210> 843 <400> 843 000
50	<210> 844 <400> 844 000
55	<210> 845 <400> 845 000
60	<210> 846 <400> 846 000
65	<210> 847 <400> 847

ES 2 479 090 T3

000
<210> 848
5 <400> 848
000
<210> 849
10 <400> 849
000
<210> 850
15 <400> 850
000
<210> 851
20 <400> 851
000
<210> 852
25 <400> 852
000
<210> 853
30 <400> 853
000
<210> 854
35 <400> 854
000
<210> 855
40 <400> 855
000
<210> 856
45 <400> 856
000
<210> 857
50 <400> 857
000
<210> 858
55 <400> 858
000
<210> 859
60 <400> 859
000
<210> 860
65 <400> 860
000

5 <210> 861
<400> 861
000
10 <210> 862
<400> 862
000
15 <210> 863
<400> 863
000
20 <210> 864
<400> 864
000
25 <210> 865
<400> 865
000
30 <210> 866
<400> 866
000
35 <210> 867
<400> 867
000
40 <210> 868
<400> 868
000
45 <210> 869
<400> 869
000
50 <210> 870
<400> 870
000
55 <210> 871
<400> 871
000
60 <210> 872
<400> 872
000
65 <210> 873
<400> 873
000
<210> 874

ES 2 479 090 T3

	<400> 874 000
5	<210> 875 <400> 875 000
10	<210> 876 <400> 876 000
15	<210> 877 <400> 877 000
20	<210> 878 <400> 878 000
25	<210> 879 <400> 879 000
30	<210> 880 <400> 880 000
35	<210> 881 <400> 881 000
40	<210> 882 <400> 882 000
45	<210> 883 <400> 883 000
50	<210> 884 <400> 884 000
55	<210> 885 <400> 885 000
60	<210> 886 <400> 886 000
65	<210> 887 <400> 887

ES 2 479 090 T3

000
<210> 888
5 <400> 888
000
<210> 889
10 <400> 889
000
<210> 890
15 <400> 890
000
<210> 891
20 <400> 891
000
<210> 892
25 <400> 892
000
<210> 893
30 <400> 893
000
<210> 894
35 <400> 894
000
<210> 895
40 <400> 895
000
<210> 896
45 <400> 896
000
<210> 897
50 <400> 897
000
<210> 898
55 <400> 898
000
<210> 899
60 <400> 899
000
<210> 900
65 <400> 900
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 901
	<400> 901 000
5	<210> 902
	<400> 902 000
10	<210> 903
	<400> 903 000
15	<210> 904
	<400> 904 000
20	<210> 905
	<400> 905 000
25	<210> 906
	<400> 906 000
30	<210> 907
	<400> 907 000
35	<210> 908
	<400> 908 000
40	<210> 909
	<400> 909 000
45	<210> 910
	<400> 910 000
50	<210> 911
	<400> 911 000
55	<210> 912
	<400> 912 000
60	<210> 913
	<400> 913 000
65	<210> 914

ES 2 479 090 T3

	<400> 914 000
5	<210> 915 <400> 915 000
10	<210> 916 <400> 916 000
15	<210> 917 <400> 917 000
20	<210> 918 <400> 918 000
25	<210> 919 <400> 919 000
30	<210> 920 <400> 920 000
35	<210> 921 <400> 921 000
40	<210> 922 <400> 922 000
45	<210> 923 <400> 923 000
50	<210> 924 <400> 924 000
55	<210> 925 <400> 925 000
60	<210> 926 <400> 926 000
65	<210> 927 <400> 927

ES 2 479 090 T3

000
<210> 928
5 <400> 928
000
<210> 929
10 <400> 929
000
<210> 930
15 <400> 930
000
<210> 931
20 <400> 931
000
<210> 932
25 <400> 932
000
<210> 933
30 <400> 933
000
<210> 934
35 <400> 934
000
<210> 935
40 <400> 935
000
<210> 936
45 <400> 936
000
<210> 937
50 <400> 937
000
<210> 938
55 <400> 938
000
<210> 939
60 <400> 939
000
<210> 940
65 <400> 940
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 941
<400> 941
000
<210> 942
<400> 942
000
10 <210> 943
<400> 943
000
15 <210> 944
<400> 944
000
20 <210> 945
<400> 945
000
25 <210> 946
<400> 946
000
30 <210> 947
<400> 947
000
35 <210> 948
<400> 948
000
40 <210> 949
<400> 949
000
45 <210> 950
<400> 950
000
50 <210> 951
<400> 951
000
55 <210> 952
<400> 952
000
60 <210> 953
<400> 953
000
65 <210> 954

ES 2 479 090 T3

<400> 954
 000
 5 <210> 955
 <400> 955
 000
 10 <210> 956
 <211> 743
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 15 <220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_434; Secuencia de ADNc = SecID_716
 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1175
 20 <400> 956

 gggagccaaa aggcaacaaa ttttgcgttt tgggtggctgt agggcaaaaag gttacgcctc 60
 taatctatcg actcgaccac ggaaaaccaa cgccacaact cattggcaag atcgaaccgg 120

 ccaacggact gaacacggcg atgtgggccc cgcagggcgg ttgggtggtg gtgatggggg 180
 tgaacacgtc cagcgggaatt gtgagcttca tcgacgcgac gggggcagag gcgaacaaaag 240
 ctaaaaacgat tgagcatact tcaactcagtc agggttottg ggacccgacc gggcgatact 300
 ttgccacgtg cactttcgcg ggaaagagtc gctatgagac gggctatcgc attcactcgt 360
 tccaaggacg tgagctgcga cgtaaggcgg tagacgccct gctgcgattc aaatggcgtc 420
 cgcggccacc cgtttcattg tccgagcaaa aagtgcggga gactcgcaaa tcggtgaagc 480
 aattgtcagc gaagtttgag gaggaggaca aaagggaat gctcaaagtg togaaggaaa 540
 taattgaaca gcgcaaaaag gcattggaac tcttctogaa cattcgcgtc gctgctgcta 600
 aaacatacga agaagaacgg gaaaaacgga ctgagctcag aggtggcatt gaccaggaaa 660
 ttggcgagaa ggacctcgtt gaagaaacaa taacagtggc actaacacg gagaaggaga 720
 aaatcagaga cgagagcaaa tag 743

 25 <210> 957
 <400> 957
 000
 30 <210> 958
 <400> 958
 000
 35 <210> 959
 <400> 959
 000
 40 <210> 960

ES 2 479 090 T3

	<400> 960 000
5	<210> 961 <400> 961 000
10	<210> 962 <400> 962 000
15	<210> 963 <400> 963 000
20	<210> 964 <400> 964 000
25	<210> 965 <400> 965 000
30	<210> 966 <400> 966 000
35	<210> 967 <400> 967 000
40	<210> 968 <400> 968 000
45	<210> 969 <400> 969 000
50	<210> 970 <400> 970 000
55	<210> 971 <400> 971 000
60	<210> 972 <400> 972 000
65	<210> 973 <400> 973

ES 2 479 090 T3

000
<210> 974
5 <400> 974
000
<210> 975
10 <400> 975
000
<210> 976
15 <400> 976
000
<210> 977
20 <400> 977
000
<210> 978
25 <400> 978
000
<210> 979
30 <400> 979
000
<210> 980
35 <400> 980
000
<210> 981
40 <400> 981
000
<210> 982
45 <400> 982
000
<210> 983
50 <400> 983
000
<210> 984
55 <400> 984
000
<210> 985
60 <400> 985
000
<210> 986
65 <400> 986
000

ES 2 479 090 T3

<210> 987
<400> 987
000
5
<210> 988
<400> 988
000
10
<210> 989
<400> 989
000
15
<210> 990
<400> 990
000
20
<210> 991
<400> 991
000
25
<210> 992
<400> 992
000
30
<210> 993
<400> 993
000
35
<210> 994
<400> 994
000
40
<210> 995
<400> 995
000
45
<210> 996
<400> 996
000
50
<210> 997
<400> 997
000
55
<210> 998
<400> 998
000
60
<210> 999
<400> 999
000
65
<210> 1000

ES 2 479 090 T3

	<400> 1000 000
5	<210> 1001 <400> 1001 000
10	<210> 1002 <400> 1002 000
15	<210> 1003 <400> 1003 000
20	<210> 1004 <400> 1004 000
25	<210> 1005 <400> 1005 000
30	<210> 1006 <400> 1006 000
35	<210> 1007 <400> 1007 000
40	<210> 1008 <400> 1008 000
45	<210> 1009 <400> 1009 000
50	<210> 1010 <400> 1010 000
55	<210> 1011 <400> 1011 000
60	<210> 1012 <400> 1012 000
65	<210> 1013 <400> 1013

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1014
5 <400> 1014
000
<210> 1015
10 <400> 1015
000
<210> 1016
15 <400> 1016
000
<210> 1017
20 <400> 1017
000
<210> 1018
25 <400> 1018
000
<210> 1019
30 <400> 1019
000
<210> 1020
35 <400> 1020
000
<210> 1021
40 <400> 1021
000
<210> 1022
45 <400> 1022
000
<210> 1023
50 <400> 1023
000
<210> 1024
55 <400> 1024
000
<210> 1025
60 <400> 1025
000
<210> 1026
65 <400> 1026
000

5 <210> 1027
<400> 1027
000
<210> 1028
<400> 1028
000
10 <210> 1029
<400> 1029
000
15 <210> 1030
<400> 1030
000
20 <210> 1031
<400> 1031
000
25 <210> 1032
<400> 1032
000
30 <210> 1033
<400> 1033
000
35 <210> 1034
<400> 1034
000
40 <210> 1035
<400> 1035
000
45 <210> 1036
<400> 1036
000
50 <210> 1037
<400> 1037
000
55 <210> 1038
<400> 1038
000
60 <210> 1039
<400> 1039
000
65 <210> 1040

ES 2 479 090 T3

	<400> 1040 000
5	<210> 1041 <400> 1041 000
10	<210> 1042 <400> 1042 000
15	<210> 1043 <400> 1043 000
20	<210> 1044 <400> 1044 000
25	<210> 1045 <400> 1045 000
30	<210> 1046 <400> 1046 000
35	<210> 1047 <400> 1047 000
40	<210> 1048 <400> 1048 000
45	<210> 1049 <400> 1049 000
50	<210> 1050 <400> 1050 000
55	<210> 1051 <400> 1051 000
60	<210> 1052 <400> 1052 000
65	<210> 1053 <400> 1053

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1054
5 <400> 1054
000
<210> 1055
10 <400> 1055
000
<210> 1056
15 <400> 1056
000
<210> 1057
20 <400> 1057
000
<210> 1058
25 <400> 1058
000
<210> 1059
30 <400> 1059
000
<210> 1060
35 <400> 1060
000
<210> 1061
40 <400> 1061
000
<210> 1062
45 <400> 1062
000
<210> 1063
50 <400> 1063
000
<210> 1064
55 <400> 1064
000
<210> 1065
60 <400> 1065
000
<210> 1066
65 <400> 1066
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 1067
	<400> 1067 000
5	<210> 1068
	<400> 1068 000
10	<210> 1069
	<400> 1069 000
15	<210> 1070
	<400> 1070 000
20	<210> 1071
	<400> 1071 000
25	<210> 1072
	<400> 1072 000
30	<210> 1073
	<400> 1073 000
35	<210> 1074
	<400> 1074 000
40	<210> 1075
	<400> 1075 000
45	<210> 1076
	<400> 1076 000
50	<210> 1077
	<400> 1077 000
55	<210> 1078
	<400> 1078 000
60	<210> 1079
	<400> 1079 000
65	<210> 1080

ES 2 479 090 T3

	<400> 1080 000
5	<210> 1081 <400> 1081 000
10	<210> 1082 <400> 1082 000
15	<210> 1083 <400> 1083 000
20	<210> 1084 <400> 1084 000
25	<210> 1085 <400> 1085 000
30	<210> 1086 <400> 1086 000
35	<210> 1087 <400> 1087 000
40	<210> 1088 <400> 1088 000
45	<210> 1089 <400> 1089 000
50	<210> 1090 <400> 1090 000
55	<210> 1091 <400> 1091 000
60	<210> 1092 <400> 1092 000
65	<210> 1093 <400> 1093

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1094
5 <400> 1094
000
<210> 1095
10 <400> 1095
000
<210> 1096
15 <400> 1096
000
<210> 1097
20 <400> 1097
000
<210> 1098
25 <400> 1098
000
<210> 1099
30 <400> 1099
000
<210> 1100
35 <400> 1100
000
<210> 1101
40 <400> 1101
000
<210> 1102
45 <400> 1102
000
<210> 1103
50 <400> 1103
000
<210> 1104
55 <400> 1104
000
<210> 1105
60 <400> 1105
000
<210> 1106
65 <400> 1106
000

ES 2 479 090 T3

<210> 1107
<400> 1107
000
5
<210> 1108
<400> 1108
000
10
<210> 1109
<400> 1109
000
15
<210> 1110
<400> 1110
000
20
<210> 1111
<400> 1111
000
25
<210> 1112
<400> 1112
000
30
<210> 1113
<400> 1113
000
35
<210> 1114
<400> 1114
000
40
<210> 1115
<400> 1115
000
45
<210> 1116
<400> 1116
000
50
<210> 1117
<400> 1117
000
55
<210> 1118
<400> 1118
000
60
<210> 1119
<400> 1119
000
65
<210> 1120

ES 2 479 090 T3

	<400> 1120 000
5	<210> 1121 <400> 1121 000
10	<210> 1122 <400> 1122 000
15	<210> 1123 <400> 1123 000
20	<210> 1124 <400> 1124 000
25	<210> 1125 <400> 1125 000
30	<210> 1126 <400> 1126 000
35	<210> 1127 <400> 1127 000
40	<210> 1128 <400> 1128 000
45	<210> 1129 <400> 1129 000
50	<210> 1130 <400> 1130 000
55	<210> 1131 <400> 1131 000
60	<210> 1132 <400> 1132 000
65	<210> 1133 <400> 1133

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1134
5 <400> 1134
000
<210> 1135
10 <400> 1135
000
<210> 1136
15 <400> 1136
000
<210> 1137
20 <400> 1137
000
<210> 1138
25 <400> 1138
000
<210> 1139
30 <400> 1139
000
<210> 1140
35 <400> 1140
000
<210> 1141
40 <400> 1141
000
<210> 1142
45 <400> 1142
000
<210> 1143
50 <400> 1143
000
<210> 1144
55 <400> 1144
000
<210> 1145
60 <400> 1145
000
<210> 1146
65 <400> 1146
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 1147
	<400> 1147 000
5	<210> 1148
	<400> 1148 000
10	<210> 1149
	<400> 1149 000
15	<210> 1150
	<400> 1150 000
20	<210> 1151
	<400> 1151 000
25	<210> 1152
	<400> 1152 000
30	<210> 1153
	<400> 1153 000
35	<210> 1154
	<400> 1154 000
40	<210> 1155
	<400> 1155 000
45	<210> 1156
	<400> 1156 000
50	<210> 1157
	<400> 1157 000
55	<210> 1158
	<400> 1158 000
60	<210> 1159
	<400> 1159 000
65	<210> 1160

ES 2 479 090 T3

	<400> 1160 000
5	<210> 1161 <400> 1161 000
10	<210> 1162 <400> 1162 000
15	<210> 1163 <400> 1163 000
20	<210> 1164 <400> 1164 000
25	<210> 1165 <400> 1165 000
30	<210> 1166 <400> 1166 000
35	<210> 1167 <400> 1167 000
40	<210> 1168 <400> 1168 000
45	<210> 1169 <400> 1169 000
50	<210> 1170 <400> 1170 000
55	<210> 1171 <400> 1171 000
60	<210> 1172 <400> 1172 000
65	<210> 1173 <400> 1173

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1174
5 <400> 1174
000
<210> 1175
10 <400> 1175
000
<210> 1176
15 <400> 1176
000
<210> 1177
20 <400> 1177
000
<210> 1178
25 <400> 1178
000
<210> 1179
30 <400> 1179
000
<210> 1180
35 <400> 1180
000
<210> 1181
40 <400> 1181
000
<210> 1182
45 <400> 1182
000
<210> 1183
50 <400> 1183
000
<210> 1184
55 <400> 1184
000
<210> 1185
60 <400> 1185
000
<210> 1186
65 <400> 1186
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 1187
<400> 1187
000
<210> 1188
<400> 1188
000
10 <210> 1189
<400> 1189
000
15 <210> 1190
<400> 1190
000
20 <210> 1191
<400> 1191
000
25 <210> 1192
<400> 1192
000
30 <210> 1193
<400> 1193
000
35 <210> 1194
<400> 1194
000
40 <210> 1195
<400> 1195
000
45 <210> 1196
<400> 1196
000
50 <210> 1197
<400> 1197
000
55 <210> 1198
<400> 1198
000
60 <210> 1199
<400> 1199
000
65 <210> 1200

ES 2 479 090 T3

	<400> 1200 000
5	<210> 1201 <400> 1201 000
10	<210> 1202 <400> 1202 000
15	<210> 1203 <400> 1203 000
20	<210> 1204 <400> 1204 000
25	<210> 1205 <400> 1205 000
30	<210> 1206 <400> 1206 000
35	<210> 1207 <400> 1207 000
40	<210> 1208 <400> 1208 000
45	<210> 1209 <400> 1209 000
50	<210> 1210 <400> 1210 000
55	<210> 1211 <400> 1211 000
60	<210> 1212 <400> 1212 000
65	<210> 1213 <400> 1213

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1214
5 <400> 1214
000
<210> 1215
10 <400> 1215
000
<210> 1216
15 <400> 1216
000
<210> 1217
20 <400> 1217
000
<210> 1218
25 <400> 1218
000
<210> 1219
30 <400> 1219
000
<210> 1220
35 <400> 1220
000
<210> 1221
40 <400> 1221
000
<210> 1222
45 <400> 1222
000
<210> 1223
50 <400> 1223
000
<210> 1224
55 <400> 1224
000
<210> 1225
60 <400> 1225
000
<210> 1226
65 <400> 1226
000

5 <210> 1227
 <400> 1227
 000

10 <210> 1228
 <400> 1228
 000

15 <210> 1229
 <400> 1229
 000

20 <210> 1230
 <400> 1230
 000

25 <210> 1231
 <400> 1231
 000

30 <210> 1232
 <400> 1232
 000

35 <210> 1233
 <211> 899
 <212> PRT
 <213> *Heterodera glycines*

40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (600)..(600)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

45 <220>
 <221> misc_feature <222> (618)..(618)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (834)..(834)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>
 <223> Secuencia de ADNc genómica = SecID_511; Secuencia codificante = SecID_790

<400> 1233

ES 2 479 090 T3

Leu Leu Ser Glu Cys Pro Ala Gly Asp Ser Pro Val Phe Leu Leu His
 1 5 10 15
 His Asn Thr Ser Val Ala Ser Gly Thr Val Pro Leu Arg Ser Ala Pro
 20 25 30
 Val Pro Gly Gly Phe Leu Glu Cys Thr Glu Leu Cys Ser Val Ala Arg
 35 40 45
 Gln Cys Gln Leu Val Gly Pro Lys Ser Ala Ser Glu Gly Ala Val Ala
 50 55 60
 Glu Phe Gly Glu Glu Met Ala Thr Arg Thr Val Thr Lys Asn Cys Val
 65 70 75 80
 Lys Ser Glu Arg Ile Cys Ser Ser Pro Phe His Phe Asp Val His Glu
 85 90 95
 Gln Lys Ile Leu Val Gly Phe Ala Arg Glu Val Val Ser Ala Asp Ser
 100 105 110
 Val His Arg Cys Leu Ser Ala Cys Leu Asn Ala Phe Asp Thr Phe Gly
 115 120 125
 Phe Glu Cys Glu Ser Val Met Tyr Tyr Pro Val Asp Ala Glu Cys Ile
 130 135 140
 Leu Asn Thr Glu Asp Arg Leu Asp Arg Pro Asp Leu Phe Val Asp Glu
 145 150 155 160
 His Glu Asp Thr Val Ile Tyr Leu Asp Asn Asn Cys Ala Gly Cys Glu
 165 170 175

ES 2 479 090 T3

Cys His Trp His Phe Asp Asn Phe Lys Thr Ser Gly Ile Leu Asn Asp
 180 185 190
 Gln Gln Phe Ala Ile Ala Ala Gln Cys Tyr Ala Pro Tyr Val Thr Gln
 195 200 205
 Tyr Val Ala Val Glu Gly Arg Gln Leu Ser Asp Glu Leu Asp His Ser
 210 215 220
 Phe Glu Gly Leu Glu Leu Ser Glu Cys Glu Glu Leu Cys Thr Gln Arg
 225 230 235 240
 Leu Ser Val Thr Ala Asn Asp Phe Asn Cys Lys Ser Phe Met Tyr Ser
 245 250 255
 Asn Leu Thr Arg Ser Cys Val Leu Ser Asp Glu Arg Ser Arg Pro Leu
 260 265 270
 Gly Arg Ala Asn Leu Ala Glu Val Pro Gly Trp Thr Tyr Phe Glu Lys
 275 280 285
 Lys Cys Phe Ala Ser Pro Arg Thr Cys Arg Gly Val Pro Ser Phe Thr
 290 295 300
 Arg Val Pro Gln Met Leu Leu Val Gly Phe Ala Ser Phe Val Met Glu
 305 310 315 320
 Asn Val Pro Ser Val Thr Met Cys Leu Asp Gln Cys Thr Asn Pro Pro
 325 330 335
 Pro Glu Thr Gly Gln Asn Phe Val Cys Lys Ser Val Met Tyr Tyr Tyr
 340 345 350
 Asn Glu Gln Glu Cys Ile Leu Asn Ala Glu Ser Arg His Ser Lys Pro
 355 360 365
 Asp Leu Phe Ile Pro Glu Glu Asp Asp Phe Val Val Asp Tyr Phe Asp
 370 375 380
 Ile Asn Cys Arg Leu Glu Ser Glu Gln Cys Ser Ala Gly Glu Gly Ala
 385 390 395 400
 Arg Ser Pro Lys Ile Val Arg Thr Leu Asn Ala Ala Leu Pro Glu Gly
 405 410 415
 Asp Gly Ala Ile His Val Val Glu Thr Val Gln Ala Asn Val Arg Glu
 420 425 430
 Cys Ala Gln Lys Cys Ala Ala His Ser Pro Asp Lys Cys Arg Ser Phe
 435 440 445
 Asn Phe Asp Lys Ser Ser Gly Ile Cys Asn Leu Leu Tyr Leu Asp Gly
 450 455 460
 Arg Gly Ser Leu Arg Pro Glu Pro Lys Gly Gln Val Asp Leu Tyr Asp
 465 470 475 480
 Leu His Cys Leu Glu Thr Ser Pro Glu Gly Gln Ser Met Gly Cys Val
 485 490 495
 Asp Pro Glu Gly Ala Ala Phe Ser Arg His Leu Tyr Ser Gln Trp Val
 500 505 510
 Gly Gly Glu Leu Ser Lys Glu Leu His Ser Val Pro Leu Ser Lys Cys
 515 520 525

Leu Asn Leu Cys Ala Gly Ala Gly His Cys Glu Gly Leu Asn Tyr Asn
 530 535 540
 Arg Arg Asn Gly Thr Cys Ala Val Ile Gly Gln Leu Gly Thr Val Ser
 545 550 555 560
 Gly Ala Met Gln Lys Ser Glu Gln Val Asp Phe Tyr Arg Asn Val Cys
 565 570 575
 Ala Leu Lys Glu Val Gln Ser Glu Glu Ser Ser Ala Ala Asn Val Pro
 580 585 590
 Lys Ser Lys Arg Asp Met Gly Xaa Arg Arg Asn Glu Arg Asp Gln Ile
 595 600 605
 Lys Asn Trp Glu Ile Asn Val Lys Lys Xaa Lys Lys Ala Leu Val Ser
 610 615 620
 Gly Thr Ser Glu Gly Lys Gly Ala Lys Glu Asp Lys Lys Val Gly Pro
 625 630 635 640
 Pro Ile Gln Ile Pro Gly Ser Glu Val His Thr Ile Cys Asn Tyr Glu
 645 650 655
 Gly Ile Ser Val Gln Ile Lys His Ser Glu Pro Phe Ser Gly Val Met
 660 665 670
 Phe Val Lys Asn Lys Tyr Asp Thr Cys Arg Val Glu Val Gly Thr Glu
 675 680 685
 Asn Ser Val Thr Leu Val Leu Gly Leu Pro Ala Asn Phe Gly Met Lys
 690 695 700
 Pro Ile Thr Leu Thr Ser Pro Glu Gly Lys Gly Ser Phe Gly Asn Arg
 705 710 715 720
 Glu Lys Gln Cys Ser Lys Lys Ala Phe Ala Ser Phe Ala Ile Met Phe
 725 730 735
 Arg Gln Arg Arg Gln Ser Gln Arg Asp Cys Gly Leu Val Asp Met Asp
 740 745 750
 Asn Gly Thr Tyr Lys Thr Val Val Val Val Gln Thr Asn Asn Leu Gly
 755 760 765
 Ile Pro Gly Leu Val Thr Ser Met Asp Gln Leu Tyr Glu Ile Ser Cys
 770 775 780
 Asn Tyr Ser Ser Met Leu Gly Gly Lys Val Thr Ala Ala Ala Asn Leu
 785 790 795 800
 Thr Leu Gln Gly Pro Gln Pro Ser Leu Ile Gln Pro Arg Gly Lys Ile
 805 810 815
 Glu Leu Gly Asn Pro Val Leu Met Gln Met Met Pro Met Arg Glu Ala
 820 825 830
 Asn Xaa Asn Val Pro Gln Ala Lys Leu Gly Asp Ile Leu Glu Leu Arg
 835 840 845
 Trp Glu Leu Met Ala Met Asp Asp Glu Leu Asp Phe Leu Val Lys Asp
 850 855 860
 Cys Tyr Ala Glu Pro Gly Ile Val Pro Pro Lys Gly Ala Ser Ala Pro

ES 2 479 090 T3

	<400> 1245 000
5	<210> 1246 <400> 1246 000
10	<210> 1247 <400> 1247 000
15	<210> 1248 <400> 1248 000
20	<210> 1249 <400> 1249 000
25	<210> 1250 <400> 1250 000
30	<210> 1251 <400> 1251 000
35	<210> 1252 <400> 1252 000
40	<210> 1253 <400> 1253 000
45	<210> 1254 <400> 1254 000
50	<210> 1255 <400> 1255 000
55	<210> 1256 <400> 1256 000
60	<210> 1257 <400> 1257 000
65	<210> 1259 <400> 1259

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1260
5 <400> 1260
000
<210> 1261
10 <400> 1261
000
<210> 1262
15 <400> 1262
000
<210> 1263
20 <400> 1263
000
<210> 1264
25 <400> 1264
000
<210> 1265
30 <400> 1265
000
<210> 1266
35 <400> 1266
000
<210> 1267
40 <400> 1267
000
<210> 1268
45 <400> 1268
000
<210> 1269
50 <400> 1269
000
<210> 1270
55 <400> 1270
000
<210> 1271
60 <400> 1271
000
<210> 1272
65 <400> 1272
000

	<210> 1273
	<400> 1273 000
5	<210> 1274
	<400> 1274 000
10	<210> 1275
	<400> 1275 000
15	<210> 1276
	<400> 1276 000
20	<210> 1277
	<400> 1277 000
25	<210> 1278
	<400> 1278 000
30	<210> 1279
	<400> 1279 000
35	<210> 1280
	<400> 1280 000
40	<210> 1281
	<400> 1281 000
45	<210> 1282
	<400> 1282 000
50	<210> 1283
	<400> 1283 000
55	<210> 1284
	<400> 1284 000
60	<210> 1285
	<400> 1285 000
65	<210> 1286

ES 2 479 090 T3

<400> 1286
000

5 <210> 1287

<400> 1287
000

10 <210> 1288

<400> 1288
000

15 <210> 1289
<211> 1808
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

20 <220>
<223> Secuencia codificante = SecID_1513; coordenadas = 40-1380

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1722

25 <400> 1289

ES 2 479 090 T3

gcacgaggtc tatttgtttt ttattcaatt tcgacctgaa tgtcagctgc ggttttcttct 60
tcgcgtccga tggaagattg gaaatctgag ttagctatgc cagacaagga ccttcgatac 120
aaaacatctg atgtgactgc gactaagggc gttgaatttg aggaatttgg gctcactcgc 180
gaccttctta aaggcatttt tgagaagggg tgggagcatc caagtccggg tcaggaagcg 240
tcgattggaa ttgcacttac aggccaagac attctcgcctc gcgccaaaaa tggaactggc 300
aaaactggcg catattgcat tccttcgatt gagaaaattg acccatcaaa agaatacatc 360
caagcaatga taatcgttcc aactcgggag cttgccttac aaacatctca gatttgcgta 420
gaactcagca aacacttgaa gattaagatt atggtgacga ctggcggaac agatcttcgt 480
gacgatattt tgcgtctcaa tggattgta catcttggtg tggcaactcc tggccgaatt 540
ttggatctta tggagaaggg agttgcgaat gttgcgtatt gcaagacgat cgttctcgat 600
gaagcggaca aactcctttc ccaggacttc caaggtgtgc ttgacctct tgttcagttt 660
ctacccaaag accgtcaaat tatgctgtac tccgcaacat ttccgcgcac tgtcgcgact 720
tttatggaaa agcacatgag caagccgat gaaatcaatc tgatggagga actgacgctg 780
cttggcatta cacagtttta tgcttatgtc caagaaaaac agaaagtgca ctgtctgaac 840
acgcttttcc gcaagctcca aataaaccaa tccatcatct tttgtaattc gacacaacgg 900
gtggagttac ttgccaagaa aatcacagaa ttgggctact cctgttacta cattcattcc 960
aaaatggctc aacaccacag gaacagagtg ttccatgaat ttcgtcaggg tcattgtagg 1020
aacttggctc gttccgatct gcttactcgt ggtattgaca tccaagccgt caacgtggtc 1080
attaactttg acttcccgcg caattccgag acatatttgc acagaattgg acgttctggc 1140
cgttttggcc accttgggat tgctatcaat ctgatcacct ttgaagaccg ttacaacctg 1200
cgacgcacatg aaaaggagct caagacacac attgacccaa ttccaaagga agtcgatccg 1260
aaactctatg ttgctgaatt tcaaatggat cacaccaaat tcgactgtgg gaatgtcgtc 1320
gatggtgcgg tgctgaacaa cggagtogac caacaacagc agcctcgggc ttcgtcgtag 1380
ttgcggtggg agcacggagc gaaaactccc acagaattta tcagctcgtc catccacagt 1440
aaattgacct taataaaaat gctgcgctgc tctccgatct ctcatctgtt gttaatcttc 1500
ggattttggt atttaaatc tctcatccgc acacgtccgt cacaccattc aaatttatcg 1560
tccattcatt gtgcgaattt ggtatttctc tgcgaaacaca ttgtgtggat ttctatcttt 1620
gtgacctttt aataaatgtg agagggtttt gtctttgttc gttctcatca ttcacctctt 1680
tctctccctc acctaaccaa taatcctcca atttactgct tgtctattaa ctttgttacg 1740
ggtaaattcc aactatgcct caaaaaaaaa aaaacaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1800
aaaaaaaa 1808

<210> 1290
<211> 953
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

ES 2 479 090 T3

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1514; coordenadas = 52-795

5 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1723

<400> 1290

```

cccttgggtt taattaccca agtttgagtt gttgaatgca ataatcctaa aatgttccgc      60
aaccaatacg atagcgacgt tactgtgttc agcccgcagg gccgtcttca ccaaattgat      120
tatgcagtcg aagcgatgag acagggcagt gcagcagtag caattcgtag caaagattat      180
gctgttgtgg tcgcacttat gcgtgcacaa aacgagcttt cttcatatca gcagaaagt      240
ttcaaattgg acgatcatct cggcttgtct atgtctgggc ttatttcaga tggacgcatt      300
ttggcacgct ttatgcaaag tgaatgcgcc gagtttcgct ggaactatca taatccaatt      360
tcggttgaac tgctcaaccg taaattagtc ttgaaacttc agtccaatac ccaatattac      420
ggacgccgcc catttgggtg gggactgtct atcattggat atgatgacaa agggcctcac      480
gttgtgaaag ccgaaccctc gggggacgtg tccgaaatgt ttgctgcttc gattggcgct      540
cggtcacaaa gtgcgcgaac ttatctcgaa aagaacctac cagaatttga gacggctgac      600
agagacgcat tgattcgcca tgcgattcgc tccctcaaag agacgctgca gggggacgct      660
ggcagtttgg atgagaataa cacgtttatt gcgatcatcg gattgggaca accttttacc      720
tttttgggga aagacgccac gcgggcgcat attcgttcag ttgaagaaga agcacacagg      780
gaaatggacg aatagagggg cacttttgtc gttttgtccc cgtgttattc ttttaattat      840
tcttgatta caaacgatg ctatttcatt gttgtaattt cataaaaggt gacccaaaaa      900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaact cgagactagt tctctctcaa ggg              953
    
```

10 <210> 1291

<400> 1291
 000

15 <210> 1292
 <211> 947
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

20 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1515; coordenadas = 26-790

25 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1724

<400> 1292

ES 2 479 090 T3

```

gcacgagggg ttgagcaaat aaactatgga gcattatgat cgtgcaatta cgatTTTTTC      60
tccggatggc agactTTTTc aagttgacta tgcgcaagaa gcagtgaaga agggctcaac      120
agcggttgcc gtgaaaggaa aaaattgtgt tgtaattgga gtcgaaaaaa aatctatccc      180
gactctgcaa gacgaacgta ccattcgtaa aatacatgca ttggattcgc atgtgatggg      240
cgcatctgcc ggactcagcg cogatgcacg cgtccttata gaccgtgctc gagttgaatg      300
cgaaaattac aaattgacgc ttgaggaccg cgtatctgtc atgcatatct ctgcacatcat      360
agctgatata aacagagat acaactcaaac cactggccgt cggccttttg gaatttcaat      420
gcttgtogga ggcttcgatt ctgatgggac ccctcatctt ttcaagacgg aaccgtccgg      480
agtttactac gaattgttg cgggttcaat agggcgaaat gaaaagattg tgaaggagta      540
tctggagaaa gaatacggca acgacaacac agctgatgag gagtctacgc ttaaactgat      600
gctcaagtct ttagccccag tggtccaatc gggggcgcag aatatogaaa ttgcggtgct      660
caaatgggtg gatggcacca atggggagcc tgggtattgt gagcagcaaa ttttaaatgt      720
cgaagcgatt ggagcgctgt tgagtcaaat tgggcctatc gaacaacaga aaccgatgga      780
aacttcttga tgaattcaat tatttatcag ctgttgttta gaaaatgatt gaatttggat      840
ctaaatgttt gatataaatt tgttttctta tttggattac agcaacatat tttgaaaaaa      900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aactcgaggg ggggccc                          947

```

- 5 <210> 1293
- <211> 946
- <212> ADN
- <213> *Heterodera glycines*

- 10 <220>
- <223> Secuencia codificante = SecID_1516; coordenadas = 30-785

- <220>
- <223> Secuencia peptídica = SecID_1725

- 15 <400> 1293

ES 2 479 090 T3

gcacgagggg attttcgact tacctataaa tgtttctgac ccgcagcga taccgacaggg 60
gagtgaacac tttttccccg gagggccgtc tgttccaagt ggaatatgcc atcgaaactg 120
tcaagcttgg ttccacaagc atcggaattc acaccaaaaga aggcgttctt ttggctgcgg 180
aaaggcgttc aatgagcaaa ttggtggtgg acgactcaat gagcaaaatt tcggaagttg 240
agaagcacat tgccgtcgcc tcggccggtc tcatcgcaga ttcacgcact tgggtcgaac 300
acgcgcgggt ggaggctcaa cacttttggg ttacttacgg tggcaaaatt cgggtggaag 360
acattactca aaaggtctca agattggcac tgcattttgg agacgacgac tcaactatca 420

gtctcggccg tccgtttggg gtttctatgc tttttgccgg cattgatcac acgggtgccc 480
atctcttcca tttggacccg tccgggacgt acattaaatg tttggccaag gccatcgggtg 540
ccggctccga tgcagcggaa caaacgctgc aagagcactg taaaaactgc gacaaaaaaa 600
tggaaatggc cgaggcaaaa caagtcgcac tgaacacact caaacagctg atggaagaga 660
aatcaattc caaaaatgtg gaaattgta tgattaagcc gcagacggac aaggaaggca 720
aaacgttggg caaaattgtg tggtagagg aatcggagtt gcaagaaatc atttcgcgat 780
tgtagtcgaa ggggacggat tagagaagga aaatgggctt tgcactgccc cttttatgat 840
tggatgacct tttgttattc tctgcctttt tgtgactttt cagtgtataa ggcaaatgaa 900
agcaattaat tgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 946

<210> 1294

5 <400> 1294
000

<210> 1295

10 <400> 1295
000

<210> 1296

15 <400> 1296
000

<210> 1297

20 <400> 1297
000

<210> 1298

25 <211> 1028
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>

30 <223> Secuencia codificante = SecID_1521; coordenadas = 1-767

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1729

<400> 1298

35

ES 2 479 090 T3

ccgacacggt cggttggtgc tcggtgcggt gtgagcacat caaattgcac gatgatatgg 60
 acgacctgaa gtatggttg gaattcgact tcctcggcaa agactccatc cgctattaca 120
 accgtgtgcc ggtggaaaag caagtgttca aaaatctgaa gctttttatg gaggagaaaag 180
 acccggggga cgatttggtc gaccgattgg atacgagttc gttgaaccaa tacctgaagg 240
 aactgatgga cggactgacc gcgaaagtgt ttcgtacgta taacgcgtcg atcactctcc 300
 aagaacagct ggacaaactg acaaatcctt ccgattccgt ccacgagaaa atgctttcct 360
 acaatcgtgc aaatcgtcag gtggccatcc tttgtaacca tcaaagggca gtgccaaaaa 420
 cgcacgaaaa gtcgatggaa aatttggaga ataaaaataa agagaagaag caggagtaca 480
 aggagttgaa ggatcagctg aagaagagca aatcgggtgga cgagaaaatg gcaaaaaaat 540
 acgaaagatt gaaggaacag atcgccaaac tgaacacaca gcgcacggac aaggatgaaa 600
 acaaacaaat tgcactggga acctcaaac tgaactactt ggatccgagg atttcggttg 660
 catggtgcaa aaagaatgac gtgcccgttg agaaaatatt cagcaaaacg caacgcgaca 720
 aattccgctg ggctctcgac atggcgaagg aggacttcat tttctgacac ttcctcgcaa 780
 ccctttcoga tttcccttca cccctttta ctcgctgttc cttacttttg gagagtgcc 840
 ctttctctc aatcactctc ttctgctgga cctaaactag tagttgttta tatcttgta 900
 tgcttagttt gtgtgagcgt ttgttttcat atgtctgatg attggttcgt atttattaa 960
 taaaggaagt gttattgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaact cgaggggggg 1020
 cccggtac 1028

<210> 1299

5 <400> 1299
000

<210> 1300

10 <400> 1300
000

<210> 1301

15 <400> 1301
000

<210> 1302

20 <211> 3516

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia codificante = SecID_1525; coordenadas = 59-3334

25 <220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1732

<400> 1302

gcacgagggt ttgagtgata gtatccttat tttataaact caaatttgct gaagtatcat 60

30

ES 2 479 090 T3

gggagttcca gcctttttcc gttggctttc acgaaagtat gtgtcgatca ttgttgacgc 120
 ggtggaacag cgcagaagag aaattgacgg agtaaaaaatc ccaatagatg caactcaacc 180
 aatgagaat taccaagagt ttgacaatct ttacttggac atgaacggca ttatccatcc 240
 gtgcacacat ccggaagacc gacccgcacc gaagaccgag gaagaaatgt tcattttgat 300
 cttcgagtat attgaccgcc tcttttccat cgttcggcca agaaaacttc tctacatggc 360
 agttgatggg gtcgccccca gagcaaagat gaaccaacag cgaagtcgtc gatttcgagc 420
 agcacaagaa gcgcgggaga agcgcgagct catcgaaaat gtgcgtaagc ggttgagtc 480
 ggaaggaatt ccgttgccgc caccgcgaaa ggaagaggaa cactttgact ccaattgcat 540
 aacaccoggc acgccgttta tggcccgtct ttctgttgcc cttcgctatt acgtgcacaa 600
 acggatcacc tacgaccggc catggcaaaa gatccaggtt attccttccg atgcgaatgt 660
 gccgggtgag ggcgaacata aaatcatgga ctacgtccga cgtcagcggc cttcgccggc 720
 gcatgaccgg aacaccgttc actgtctttg tggcggcggat gccgacctta tcatgcttgg 780
 attggccacc cacgagtcca atttcaacat aattcgagaa gagtttttgc cgaatcaacc 840
 gaggccgtgc gaactttgcg gtcaatacgg gcacgaggtc gaacattgtg aagggttggc 900
 acgtgccgag accggggccgg accaagcggga cccgctgaag aaggagaaga acttcatctt 960
 catacgtctg ccagtgcctc gggaaatatt ggagcgtgaa ctttccatgc caaatttggc 1020
 atttccgttc gatttgagaga gggccatcga tgattgggtc atgatgtggt tttttgtggg 1080
 caacgatttt ctccccatt tgccatcgtt agaaatccgt gaaaatgcc tgcaccgtct 1140
 cgtgaagttg tacaaggaca tggtttatca ggctggcggc tggctcactg aaaacggcat 1200
 agtgaatata gaaagagtga agaagatcat gggcggactt ggggaaggtt aggcagaaat 1260
 attcaaacia agacagctca aagaattgcy cttcaaagaa tcaaagaac agcgaagca 1320
 gcaacaacgg caggaatgg caaaaattat gccgtacaat gccaattdga tagcaccaat 1380
 gccacttggc cagcaaaagc gaatgtcggg cgaggaaatg cgcagattgg cggcgggaga 1440
 ccgacaggag ttcgtcagac ttgctggatgt cggcagttcg cacaattgc agtcgctggt 1500
 gacgcctgtc gaccgacgaa aggccacgga tggcggatgat cgggaagcga agttggcccc 1560
 aagttcagtc gacagtccga acggagcacc accagctaaa tcgtttaagg agggagtggc 1620
 tgctgcttcc gtttccctcg aaacggcctt gaaaccggag ataaaactcg taactccctc 1680
 tgggaagacg gcgcctttgg ccaagggggc ggttggggca ctggcatacg actctgacga 1740
 ggaggaggaa gtgctcgacg aaatccgtct atgggaaagt ggatggaagg accgctacta 1800
 cagagccaag ttccaagtgt ccgagactga ccttgaattt cgcaagaaag tggcatgtgc 1860
 ttatgttgag ggactctgct ggggtgttgcg ttattattat cagggatgtg ccagctggaa 1920
 atggtactac ccttaccact acgcgccgtt tgcctccgat tttgaactga tgcgccattd 1980

ES 2 479 090 T3

ccaacccgac ttcaacatgc ccacgaaacc gttcaagcca ttggagcagt taatgggtgt 2040
 gtttctgct gctagcagag ctcattatcc tgacgggtgg cgttggctga tgaccgactc 2100
 aagttcgccg ataattgatt tttaccogga aacttttgaa attgatctga acgggaagaa 2160
 atatgcttgg caaggcgtcg ctctgcttcc atttgcgag gaaaaacgtc ttttggatgc 2220
 acttgactcg gtgtacgcca ctctcacaac cgatgaaatt gcgcggaatg ccaccggacc 2280
 agaccgtctt tttgtcggca ataaacacaa cttgttttcg ctcgtttatg aggtgcactc 2340
 ccaaaagacg acaattccga taaaagatga actaacaat gatgacacaa aagaaacaag 2400
 cgaagggacg cgagaaactg aaggagaagc cgaggaaact caacaggcgg aaaatggtga 2460
 aagcgaacaa atagcgaaag ccgaagaaac gacggcacia gaggaacaag cgaacgaaga 2520
 agctatctca aaacctgaac aggcaccgaa acaggaattc gagactgaaa ttgaatttgt 2580
 cgatgacgaa gaaaagaaat ggggtcacat cgacgcagtc aaagcgtatg ggatgtctgg 2640
 cgaagtgtct tatgacgtcg aagcactcgc ttttggtag gcgcatcggc cgctgttcag 2700
 aaattcgttg gagtttggcg acatcaaaga gaatacctgc attatggttg agttccgaga 2760
 tccccaatc ccaatgcact tcattctcaa agccaacagg ctggacggca tcaaggaatt 2820
 gcctcgtgtg ctcaaaccga acgattggga ccaacgacgg cacggctcct tccaaccca 2880
 aatcggattc agtcgtgaca tcccacgtgc aaatctctcc atggcgggcc atcgtacgct 2940
 caaccaccac ataaacgaca accgtcgcag ttgtccggcc tctcttttct cagtgcaaac 3000
 atcggcacca gcgcacacac ttccatggca catgagcaca aactcaccac aacaacaaca 3060
 tcaaatgcag taccaacatc agcaacaatg gcagcagggc caattttaca acgggcaaca 3120
 gcagcagcag cccgtgcccgt tgttcagttt tgggcagatg gcaatgcccc cgcctccgcc 3180
 gctcccaccg caaaattgga ttactagtca cccgccacca caaatccagt ctcacgtgcc 3240
 gtacggggcag cccccacctc taatatcaca gccacggaat actcagcatc accatcgcag 3300
 aaacgacaac aacagaactt acaataggaa ataattttca tcaaccgctg aatagcggtc 3360
 acgatgtgat taattttcta cgaaaatggg gttgccagac cttttctgaa taaaagcatt 3420
 taatccattt ttgtttcaaa tttttgtgg tgtggttaa cacaactaag ttcaaaaaaa 3480
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3516

<210> 1303
 <211> 1751
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1526; coordenadas = 44-1549

<220>
 <223> Secuencia peptidica = SecID_1733

<400> 1303

5

10

15

ES 2 479 090 T3

```

gcacgagga ctgttcttt tcaccttct tcaattcaac aaaatggcga aatctgcaat 60
tgatgttaat cgcggcatca cagaagacca aacagctacc ataagaaatt atttcacaca 120
accgcactta atttcaaaa ctgtcactgg agtgcgcggg cctttgggtca tattgggcga 180
tgttaaattc ccacaatacg ctgaaattgt gaaacttaca ctgcctaag gagaaaaacg 240
catgggacaa gtactcgaag taacgaagga caaagctgtc gttcaggtgt ttgaaggtac 300
gtcaggtatc gatgcaaaaa acacaatttg cgagttcact ggcgatatta tgagaacacc 360
cgtttccgag gatatgcttg gaagaatatt caatggatcc ggacacacca tcgacaaagg 420
gcccaatggt ttggcggagg attacttggga catcgatgga cagcctatca acccatggtc 480
cagaatttat cccgaagaaa tgattcagac cggcatttcc gcaattgatg ttatgaatag 540
tatcgccagg ggacagaaaa ttccaatttt ttctgctgca ggtcttccgc ataatgagat 600
cgctgctcaa attgtacgcc aagggggcct cgtcaaacag ccgaacagaa agaaggaaaa 660
tgaggtggag ggtgacgacg actttgcat tgtgtttgct gcaatgggtg tcaacatgga 720
gacggcgcgc tttttcaaac aagactttga agaaaacggt tccatggaaa atgtgtgcct 780
tttcttaac ttggctaag acccaaccat cgaacggatc atcacaccac gactcgcgct 840
gacttgtgca gaatttctgg cttaccaatg ccaaaaacac gtcttgggtg tgctcactga 900
catgtcttat tacgctgaag cacttcgcca agtgtccgcc gcccgagagg aagtgcccg 960
tcgtcgtggt tttcccggtt acatgtacac tgacttggcc agaataatcg aacgtgcccg 1020
gcgtgttgaa ggccgaaagg ggtcaatcac acaaattcca attttgtcta tgccaatga 1080
cgacatcacc cacccaatc ccgatttgac cggttacata acggaaggcc aaatttatgt 1140
ggatcgccaa cttcacaatc gtcagattta cctccaata aatgtacttc catcgctgtc 1200
gcgtctgatg aatcggccca ttggcgaggg aatgaccggt gccgatcatt cggatgtgtc 1260
caaccaactt tacgcatggt atgccattgg taaagacgtg caagcaatga aagcggtggt 1320
tgagaggag gcactgtcgt cggatgattt gctctacttg gagtttctca cgaaatttga 1380
aaagaatttc atttcacaag ggaattatga aaaccggacg gtgttcgact cactcgacat 1440
tggttggcag ctgttgcgca tttttccaag agaaatgttg aagcgaattc cagcgaaac 1500
attggataaa tattacccaa ggggaggcac tggggcgagg aacgaatgag cgaagagttg 1560
ttaattagtc tgacagatat ccacttaaag attccataat tattcacttg tgtgatttac 1620
gttatgtcat tgactggatt tttgcatatt tgcggatagt cattattgct tgtattgtat 1680
tagtatcagt gatgataaca atatacttta cctactttaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1740
aaaaaaaaa a 1751

```

<210> 1304
 <211> 1040 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

5

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1487; coordenadas = 1-824

ES 2 479 090 T3

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1889

<400> 1304

5

```

gcacgagggcg cgaatatctt cctaaagtgt tgggctcgtc cttcgccgcc acaattggcc      60
cttaccgcbg ctatgaccgg aacatcgatc cgacgggtggc caatgaattc acttcgcagg      120
cgtatcgttt tggacatgga atgattcagg agttttaccg gcgcttggac agtgccgggc      180
gcaccattcc ctcgggcgga tttgccttcg tcgacggcac tctccactcg gaccacttca      240
ttttccaggg cggtcgggac ccgatcattc gtggaatgat gtctcaacag ttgaaaaggc      300
cacaacgatt gacgcggagc atcaccgaac aaatgtttgg caccaccgac ttgggcacaa      360
ttaacatcca acgagggcgc gaccacgggg tgccgtcgta catgcbgctt cggcaattgt      420
gcgggctttc caccgcgagc acatttgacc aactgagtcg tgagataatg agtgtcgagg      480
caogacagaa tttgcagagg atatacggca cgcagaccg aattgatctg ttcgtcggcg      540
gaatgctcga agaccgggtg gtgcgcgggt tggtcgggtc gacagttgcc tgcattattg      600
gtcctcaatt tgcacggact cgcgacgggg acaggtttta ttttgaaaat ccgggcattt      660
tcaccgcgc ccaattggcc gaaattcgcc gttcgtcgtc cgcccgagtg atttgcgaca      720
acggcgacga ctttcggaca gtgccgcgag aagccttccg cacggggcca attgtccagt      780
gcacagagat accgcaaatg gacctgagca aatggaagga gtgaacgagg agaaaggaat      840
gttcagctga ttgatcagaa agggacaccg tacgaatcat tggacatacc gtactctctt      900
accgtattgt attttgaaa tctccgcctt ttctatggtc cctttgccct cctcattttt      960
ctgtatttgc ttgcatcaaa tttttgcatt tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa     1020
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa                                     1040
  
```

<210> 1305

10

<400> 1305
 000

<210> 1306
 <211> 1094
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

15

<220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1528; coordenadas = 34-987

20

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1735

25

<400> 1306

ES 2 479 090 T3

```

gcacgaggca ttgttcact ttaatatttt gccatgtctt ttcttgtcac attagccggc      60

tatttgacaa ttgccatttt tctccagaaa ctctttcgcct ctctgtacaa tgtggttttc    120
ccctatttgt tcgctgttcc tcagaatata aaggtgctcg cgggtgccga gtgggcagtg    180
gtcaccggca gcactgacgg cattggcaag gcgtacgcgc tcgagttggc caagaaaaac    240
ttcaacgtgg tgctcatctc acgctccatg gacaaaactga acgcagtggc ggaggaaatc    300
aacagaaaat atcccaatgt ggaagtgaag tgcatctcat ttgacttcac caacgcaaat    360
ctgaaggact acgagcagac aattttctcc caactttcca ccatcgaagt tggaatgctc    420
gtgaacaatg tcgggatgag ctacgagtac cccgagcgat tggaccgat tgagggcgga    480
ctgcaacgcg tttccgacat taccgtgatc aacaccctgc cgactacggt actctccgct    540
tttgtgctca aacagatgag ggaacgggga cgcggcgtcg tcgtcaattt ggctcctcgc    600
gcagcgtatt tcaattggtt ttacctggcc gcttattctg cgtcgaagaa atacgtgtgt    660
tggttgtcct ccattctgcg catggaatac gccgacaccg acattgtcat ccaaacggtg    720
tgcccgatga tgggtggccac caaaatggcc aagattcgca aggcttcctt cttcacgccc    780
agccccgagg aatttgccgc ccaagcgcctc cgcagcattg gcttggtcga cgagaccacc    840
ggctgtttgt cccaccaaat tcaggccgag ctgatgttcg gctacgtccc cgccccgttg    900
ctgaacaaat tcgtgcgcga caactcactg cagacgcgca agcgcgcctt gaagaagaaa    960
gaagcgacgg tggcgaagag tgaatgatga gaaaaaagaa agaaaagtga tgtgaaatat   1020
tgacattcat tgaacaacc aaagtaaatt aaagttattt aataaaaaaa aaaaaaaaaa   1080
aaaaaaaaaa aaaa                                                    1094

```

5 <210> 130
 <211> 872
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*

10 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1529; coordenadas = 63-713

<220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1736

15 <400> 1307

ES 2 479 090 T3

```

gcacgagggg ttgagcactt ttgaaaattt tataattgaa ttttgctcat atttttgcat      60
aaatgaacca agaacaagac aatatcccaa ctttcaagct tgtggtgggt ggtgacggtg      120
gtaccggaaa gaccactttt gtgaaacgcc atttgactgg agaattcgag aagaaatata      180
tcgctacgct tgggtgtgag gtccatcccc tcaactttca cacttcgcga ggtcaaatcc      240
gattcaacgt ttgggacaca gccggccagg agaagtttgg tggacttcgt gatgggtatt      300
acatccaagg ccaatgtgct attgtcatgt tcgacgtgac cgccagagtc acatacaaaa      360
atgtgccgaa ttggcaccgc gatttggtcc gagtttgtga gaacatccca attgtgctgg      420
tggggaacaa agtggatgtc aaagatagga aagtcaaggc gaaaagcatc acttttcacc      480

gcaagaaaaa tctccagtat tacgacattt cogcaaagag caactacaat ttcgagaagc      540
ccttccttta tctggcacga aagctgatcg gcgaccccaa cctcgaattc gtggcgatgc      600
cggcactcgc tccacccgaa gtacaaatgg atcccgcttt ggctgccaaa tacgagcaag      660
aagtggccga ggcagcaagc gctgaactcc cggacgatga tgaggacatt tgaagagatg      720
gaaggacggc tgggacagat tcctgggaca gcaatttccg agcagacaaa gttatgtcca      780
ttgttttaat tgattgtttg atgagtaaag gaaagcgaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa      840
aaaaaaaaaa aaactcgagg gggggcccg ta                                     872

```

```

5 <210> 1308
  <400> 1308
  000

10 <210> 1309
   <400> 1309
   000

15 <210> 1310
   <211> 1045
   <212> ADN
   <213> Heterodera glycines

20 <220>
   <223> Secuencia codificante = SecID_1531; coordenadas = 1-935

   <220>
   <223> Secuencia peptídica = SecID_1737

25 <400> 1310

```

ES 2 479 090 T3

```

gcacgaggca cgaaaatgtg ggcgccactg acattgagga gggaatgcga gtgggtgtgg      60
accgcaacaa ataccagatt catttgcctt tgccggcaaa gattgacgcg tccgttacga      120
tgatgcaagt ggaggacaag ccggacgtta cctacgcgga cattggcggg tgcgaagaac      180
agatcaaaaa gttgcgtgaa gtggtcgagt ttccggtgct tcagcctgag cgtttcacga      240
gtttgggcat tgagcctccg aagggcgttt tgttttttgg tccgcccggc accggcaaaa      300
ctttgtgtgc ccgcgcggtc gccaatcggg cggacgcgtg tttcatccgc gtcacggtt      360
ccgaattagt caaaaaatac gttggcgaag gcgcgcgcat ggtgcgcgag ctgttttcgc      420
tggctaaaaa gaaaaaggcg tgcattctct tcttcgacga agtcgacgcc atcggcggag      480
cgcgatttga cgacggaaaa gggggcgaca acgaagtgca acggacgatg ctogagttgg      540
tcaaccaact ggacggattc gactcacgcg gggccatcaa ggttttgatg gccaccaaca      600
gaccggacac actcgaccgg gcgctcattc gtcccggtcg cattgaccga cgcattgaat      660
tttccttgcc tgacctcaag gcacgaggaa acattctcca aattcacacc aaacggatga      720

gcgctgaccg gaacattcgg tacgaattga ttgctogact ctgtccaaac acgacgggtg      780
ccgacttgcg cagcgtttgc actgaggcgg gaatgttcgc tttgcgtgca cgtcgaaagg      840
tcataacgga gcaagacttt ctcaaggctg ttcagaaagt ggtgaaaagc tacgccaagt      900
tcagttcaac gccggcgtat atgacgcaca actgacaaca cagttcttac aaaacggact      960
tttttatatt tgtgcacttt tgtttcatta caatataaat gaggaaacca aaaaaaaaaa     1020
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa                                         1045

```

<210> 1311

5 <400> 1311
000

<210> 1312

<211> 1188

10 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia codificante = SecID_1533; coordenadas = 1-1074

15

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1906

20

<400> 1312

ES 2 479 090 T3

gcacgagggg ttgaggtgcc tttggtgtg gtaaaactgt catttogcag tcgttgtcca 60
aatattccaa ctccgatgcc attatttac tgggctgtgg cgagcgtggc aacgaaatgt 120
cggagtggtt gcgcgacttt cccgaactga cgatggaagt ggatggagt accacgtcca 180
tcatggagag gacggcgctg gtggccaaca cttcgaatat gcccggtggc gcgcgtaag 240
cgtccattta cacgggaatt actctggccg aatacttccg cgacatgggt ctgaacgtgg 300
ccatgatggc cgactcgacc tcccgatggg ccgagcgct ccgtgagatt tcgggccgtc 360
tcggggaaat gccggctgac tcgggttacc ccgcctatct ggccgcacgg ctogcttcct 420
tctacgaaag ggcgggaaaa gtgaaatgtt ttgggtcgcc tgaacgcgaa gggctccgtca 480
ctattgtcgg cgcagtgctg ccgcccggcg gagacttcgc cgaccccgtc acatcggcaa 540
ccctcggcat tgtccaagt ttttggggac tcgacaaaaa attggcccaa cgaaagcact 600
tcccttcaat caattgctc atttcttaca gcaaatatat gcgtgcgttg gacgattatt 660
acgagaagaa ttttgccgaa tttgttccac tgagaacgaa atgcaaagaa attttgcagg 720
aagaggaaga tttgtcagaa attgtccaat tggctcgcaa agcatcgctt gccgaggccg 780
acaaaatcac tttggagcta tgatcgcttc tgtcccttct acaaaactgt tgggatgctc 840
aaaaatatga ttggctttta cgactttgcc cggcactcgg tggaaacgac tgcacaatcg 900
gacaacaaaa tcacgtggaa tcagatcaga gatcacctcg gggacatcat tcacgaactt 960
tcttcgatga aatttgagga cccatccgaa aaaacggaag atcagatcaa aaaggattac 1020
gaagaactgt atgaacggat gcagaacaaa ttccgagcgt tagaggatga atgaacaaac 1080
tgtgatcaat gataacaatt tctcaaaatt ttccctcatt tctcttagtg tagtgatgga 1140
aaaaacgtct cagtgaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1188

<210> 1313

5 <400> 1313
000

<210> 1314

10 <400> 1314
000

<210> 1315

15 <400> 1315
000

<210> 1316

20 <400> 1316
000

<210> 1317

25 <400> 1317
000

<210> 1318

ES 2 479 090 T3

<211> 1745
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

5 <220>
<223> Secuencia codificante = SecID_1537; coordenadas = 1-1629

10 <220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1741

<400> 1318

```
gcacgagggg ccccttctct ttccgctgcc aactcaaatg tctctcgaca gcttggccaa    60
ccaaaagtag cgggcttcaa agataaggat aaaccgaaa gtgttcgtac cagcaacatc    120
gtggcagcaa aggctgttgc ggatgcgggtg cggacgagtc ttgggcctcg gggaatggac    180
aaaatgatcc aatcgggcaa cggagaagtg acaattacca atgacggggc gactattctc    240
aaccaaatgt cggttgtgca tcccacgcga aaaatgttgg tcgagctgtc caaagcgcag    300
```

ES 2 479 090 T3

gacattgagg cgggcatgg gaccacaact gttgtggtgt tggccgggtc cttgttggac 360
gctgcagaaa aacttcttgc caaaggaatt catccgacca ccatttccga ctcattccaa 420
cgggcgccca ctttttctga aaaagtctc gaggaatgg ccacacccat tgacattaac 480
gatgacgacg agttggtgaa gctcgccatg acgagtttga actcgaaggt cgtttcgcaa 540
cattcccatc ttttggcccc aatggcgggtg caggcagtga agaaactgat gagttcaccg 600
gaggactcaa gtgtcaatct gaagctgatc aaagtcgtga aaaagttggg cgaaacgggtg 660
gaggagtcgc agctcattga gggagcgcctg atcgatcaga agtcgatggg ccacggaggc 720
ccggcgcggg tggagaaggc gaagattggc ctcatccaat tccaaatctc accaccaaaag 780
cccaacatgg aaaatcaagt ggtcatctct gactatgctc aaatggaccg tgcgctgaag 840
gaagaacgaa attacattht ggagctgtgc aagcaaatca aaaaggccgg gtgcaatgtg 900
ttgctcatcc aaaagtccat tttacgcgat gccatcaacg aaatggcgtc gcactttttc 960
gcaaaaatga aaattatggt gatcaaagac atcgagcggg atgacatcga attctatgcc 1020
aaaatcctcg ggtgtcggc ggtggcatcc gttgaccatt ttgtgccgga atcgtcggga 1080
acggccgatt tgggtggagga aattgagacg gctgatggga aagtcctcaa agtgaccggc 1140
cttaaacaga gtgggtgccc tgtgtccatt ttggttcgcg gctccagcaa attggtgttg 1200
gacgaagccg agcgtctctc gcacgacgca ttgtgcgtca ttcgctgttt ggtgaagaaa 1260
cgccgccctc tttccggcgg cgggtccccc gaaatggaag tgtccgtccg cgtcccgcca 1320
gctgctcaga caaacacgg agccgaacag tattgctgga aggcatttgc ggacgcactc 1380
gaagtgggtc catacacttt ggcagaaaac gctggactgt cgtccattga aacagtgcg 1440
gagatgcgca gtcagcacgc aatgggaaac aaagagcacg gagtgaatgt gcgaatgggt 1500
gccattacgg acattcgtga ggaaaatgtg gtgcagcctc ttttggtcag ttcgttcgcc 1560
gtcaaacagg cggctgaatg tgtgcgcagc attctcaaaa tcgacgacat tgttctgtcc 1620
gtgcgttaaa gtgacgaaa tgcaattaga aatttgtgga cagccatttt tgaatgttat 1680
gacgttctct cgcataaatc gctttttact aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa 1740
aaaaa 1745

- <210> 1319
- 5 <400> 1319
000
- <210> 1320
- 10 <400> 1320
000
- <210> 1321
- 15 <400> 1321
000
- <210> 1322
- 20 <400> 1322
000

ES 2 479 090 T3

<210> 1323
 <400> 1323
 000
 5
 <210> 1324
 <400> 1324
 000
 10
 <210> 1325
 <400> 1325
 000
 15
 <210> 1326
 <400> 1326
 000
 20
 <210> 1327
 <211> 1083
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 25
 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1545; coordenadas = 1-960
 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1748
 30
 <400> 1327

 gcacgaggat taaaattgaa agttccaatt ctgctgtatt gttttgttca atgtttaagt 60
 gctgtcaaag tggacaatgc cgagcaatcc gaccaaccaa ctggcgattc ttcctccgga 120
 caattcccaa tttcgtatcc tccaataaaa tatgaaaacg atttggccta tgtggagaaa 180
 ccgagtggca acgagcgttg tctattctac gcggaaggac tttctgtcgt cgtttttgcc 240
 actaaaaaaaa gtcaatcggc gtggcgggac tatcgctctg acaccaaaga aagtccgaag 300

ES 2 479 090 T3

tataaccgct caattgaatg ccaaggcaat atgaatgtgg gcagcagctt tgatgtctat 360
 ttgaaaattg acggcaaagc ggaaggagtt gtgagagctg acattggaaa aaaggacgca 420
 aaaagtgtct tcaactgttga aggagccgaa ttataactca acttcaacgt cacacaagtc 480
 ggcttttggc aattggttgg tgccaccgtg gaaagaattg aagtgaaagg ctcttcggat 540
 ttctgaaca aaaatttgaa tgtcgacaaa aaatggactt tggagccttc agttgttcca 600
 tccacaaaca ttaacggctt caaagactac agctttgctt gtggtcgagc caaccgata 660
 gtgtgggccc taaaggactc aaatgattac gcagtcggaa ttacgctgaa caatgtgcag 720
 ttccaacat tcaatgcaac ttacactgcc ggtggaaaag aagctgaccg tttaaaattt 780
 ggggtgaaag tcaacgattg ccaggggctg ttcagcattg gcacttggat gggcttggtg 840
 gttgccactc tgctcatcgg cgtgctcttt ttcggcttcc tgatgcttaa ttctgtgcag 900
 acaatggaca gattcgatga tccgaagcag aaacagttga taattagttc gaaagagtga 960
 atttcatcat tttcttttat tacatttccc tcaaaatttt tcattctttg tagctttata 1020
 aatataaatt ttttccttga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1080
 aaa 1083

5 <210> 1328
 <400> 1328
 000
 <210> 1329
 10 <400> 1329
 000
 <210> 1330
 <211> 1452
 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 <220>
 <223> Secuencia codificante = SecID_1548; coordenadas = 1-1283
 20 <220>
 <223> Secuencia peptídica = SecID_1751
 25 <400> 1330

ES 2 479 090 T3

ttctctctt tgggataatg tccacggaca gtgctgaccc cctctattgg ctccgtgtga 60
 tcatggcttc caacagaggc aactgatgg agttgggcat ttcgccatt gtcacttccg 120
 gtctcataat gcaacttctc gctggtgcca agattatcga agtgggagac acgccaaagg 180
 aacgggcatt gttcaacggg gcgcaaaaac tgttcggaat ggtcatcact attggacagg 240
 caattgtcta cgtggcttcc ggaatgtacg gaaaccaca cgaaatcggc gccggaattt 300
 gcttgcttat cgtaattcaa ctgctcgtgg ctggtctcat tgccttctg ctggacgaat 360
 tgcttcagaa agggatgga cttggctcgg gaatttcgct gtttatcgcc acaaacttt 420
 gcgagacat cgtttggaag gccttttcac cggcgacgat gaacacgggc cgtggcacgg 480
 aatttgaggg ggcgatcatc gcaactttcc atctgttggc cactcggat gacaaagtcc 540
 gtgcacttcg tgaagcttcc taccgacaga atttgccaaa tttgatgaat ctgctggcca 600
 ctgttctagt tttgccgctc gtcatttatt tccaaggttt tcgtgtcgat ttgccataa 660
 aaagtgtcgc ctaccgaggc cagcacagtt cctatccgat caagctgttc tacaccagca 720
 acatcccat catcctccaa tctgcgctcg tctccaacct ttacgtgatc tcacaaatgc 780
 tggcgcccaa attcggcggc aacatthtgg ttaatttgct cgggacgtgg tccgactctt 840
 ccggcacata tcggagcttc ccaaccggtg gtatctgcta ttatctgtcc ccgccgagt 900
 cgctctccca cattttggag gacccatcc actgcatcat ttacattgtg ttcattgctt 960
 gctcgtgccc cttcttttct aagacttggg tcgacgtcag cggctcaagt gccaaagatg 1020
 tagccaaaca actgaaggag cagcagatga tcatgagagg ccatcgcgag aaatcgatga 1080
 tccacgagct caaccgtac attccgacag cggctgcttt cgggtggctg tgcacggcg 1140
 cattgtcagt cacggcagat tttttgggcg caattggaag tggcacgggt attctgctgg 1200
 ctgtcacaat catttaccag tactttgaaa tttctgtcaa agaacagcaa gaaatgggcg 1260
 gagttgccgg actcttttcc tgagccaatt tttcttgccc agaatttata catatataaa 1320
 cgacacattc actcatttcc atctaaagt gaactttgtt gttttccctc acttttggca 1380
 tcacataatt ctcttttgtt caaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aactcgaggg 1440
 gggggcccg ta 1452

<210> 1331

5 <400> 1331
000

<210> 1332

10 <400> 1332
000

<210> 1333

15 <400> 1333
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 1334
<400> 1334
000
<210> 1335
<400> 1335
000
10 <210> 1336
<400> 1336
000
15 <210> 1337
<400> 1337
000
20 <210> 1338
<400> 1338
000
25 <210> 1339
<400> 1339
000
30 <210> 1340
<400> 1340
000
35 <210> 1341
<400> 1341
000
40 <210> 1342
<400> 1342
000
45 <210> 1343
<400> 1343
000
50 <210> 1344
<400> 1344
000
55 <210> 1345
<400> 1345
000
60 <210> 1346
<400> 1346
000
65 <210> 1347

ES 2 479 090 T3

	<400> 1347 000
5	<210> 1348 <400> 1348 000
10	<210> 1349 <400> 1349 000
15	<210> 1350 <400> 1350 000
20	<210> 1351 <400> 1351 000
25	<210> 1352 <400> 1352 000
30	<210> 1353 <400> 1353 000
35	<210> 1354 <400> 1354 000
40	<210> 1355 <400> 1355 000
45	<210> 1356 <400> 1356 000
50	<210> 1357 <400> 1357 000
55	<210> 1358 <400> 1358 000
60	<210> 1359 <400> 1359 000
65	<210> 1360 <400> 1360

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1361
5 <400> 1361
000
<210> 1362
10 <400> 1362
000
<210> 1363
15 <400> 1363
000
<210> 1364
20 <400> 1364
000
<210> 1365
25 <400> 1365
000
<210> 1366
30 <400> 1366
000
<210> 1367
35 <400> 1367
000
<210> 1368
40 <400> 1368
000
<210> 1369
45 <400> 1369
000
<210> 1370
50 <400> 1370
000
<210> 1371
55 <400> 1371
000
<210> 1372
60 <400> 1372
000
<210> 1373
65 <400> 1373
000

	<210> 1374
	<400> 1374 000
5	<210> 1375
	<400> 1375 000
10	<210> 1376
	<400> 1376 000
15	<210> 1377
	<400> 1377 000
20	<210> 1378
	<400> 1378 000
25	<210> 1379
	<400> 1379 000
30	<210> 1380
	<400> 1380 000
35	<210> 1381
	<400> 1381 000
40	<210> 1382
	<400> 1382 000
45	<210> 1383
	<400> 1383 000
50	<210> 1384
	<400> 1384 000
55	<210> 1385
	<400> 1385 000
60	<210> 1386
	<400> 1386 000
65	<210> 1387

ES 2 479 090 T3

	<400> 1387 000
5	<210> 1388 <400> 1388 000
10	<210> 1389 <400> 1389 000
15	<210> 1390 <400> 1390 000
20	<210> 1391 <400> 1391 000
25	<210> 1392 <400> 1392 000
30	<210> 1393 <400> 1393 000
35	<210> 1394 <400> 1394 000
40	<210> 1395 <400> 1395 000
45	<210> 1396 <400> 1396 000
50	<210> 1397 <400> 1397 000
55	<210> 1398 <400> 1398 000
60	<210> 1399 <400> 1399 000
65	<210> 1400 <400> 1400

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1401
5 <400> 1401
000
<210> 1402
10 <400> 1402
000
<210> 1403
15 <400> 1403
000
<210> 1404
20 <400> 1404
000
<210> 1405
25 <400> 1405
000
<210> 1406
30 <400> 1406
000
<210> 1407
35 <400> 1407
000
<210> 1408
40 <400> 1408
000
<210> 1409
45 <400> 1409
000
<210> 1410
50 <400> 1410
000
<210> 1411
55 <400> 1411
000
<210> 1412
60 <400> 1412
000
<210> 1413
65 <400> 1413
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 1414
	<400> 1414 000
5	<210> 1415
	<400> 1415 000
10	<210> 1416
	<400> 1416 000
15	<210> 1417
	<400> 1417 000
20	<210> 1418
	<400> 1418 000
25	<210> 1419
	<400> 1419 000
30	<210> 1420
	<400> 1420 000
35	<210> 1421
	<400> 1421 000
40	<210> 1422
	<400> 1422 000
45	<210> 1423
	<400> 1423 000
50	<210> 1424
	<400> 1424 000
55	<210> 1425
	<400> 1425 000
60	<210> 1426
	<400> 1426 000
65	<210> 1427

ES 2 479 090 T3

	<400> 1427 000
5	<210> 1428 <400> 1428 000
10	<210> 1429 <400> 1429 000
15	<210> 1430 <400> 1430 000
20	<210> 1431 <400> 1431 000
25	<210> 1432 <400> 1432 000
30	<210> 1433 <400> 1433 000
35	<210> 1434 <400> 1434 000
40	<210> 1435 <400> 1435 000
45	<210> 1436 <400> 1436 000
50	<210> 1437 <400> 1437 000
55	<210> 1438 <400> 1438 000
60	<210> 1439 <400> 1439 000
65	<210> 1440 <400> 1440

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1441
5 <400> 1441
000
<210> 1442
10 <400> 1442
000
<210> 1443
15 <400> 1443
000
<210> 1444
20 <400> 1444
000
<210> 1445
25 <400> 1445
000
<210> 1446
30 <400> 1446
000
<210> 1447
35 <400> 1447
000
<210> 1448
40 <400> 1448
000
<210> 1449
45 <400> 1449
000
<210> 1450
50 <400> 1450
000
<210> 1451
55 <400> 1451
000
<210> 1452
60 <400> 1452
000
<210> 1453
65 <400> 1453
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 1454
 <400> 1454
 000
10 <210> 1455
 <400> 1455
 000
15 <210> 1456
 <400> 1456
 000
20 <210> 1457
 <400> 1457
 000
25 <210> 1458
 <400> 1458
 000
30 <210> 1459
 <400> 1459
 000
35 <210> 1460
 <400> 1460
 000
40 <210> 1461
 <400> 1669
 000
45 <210> 1462
 <400> 1462
 000
50 <210> 1463
 <400> 1463
 000
55 <210> 1464
 <400> 1464
 000
60 <210> 1465
 <400> 1465
 000
65 <210> 1466
 <400> 1466
 000
 <210> 1467

ES 2 479 090 T3

	<400> 1467 000
5	<210> 1468 <400> 1468 000
10	<210> 1469 <400> 1469 000
15	<210> 1470 <400> 1470 000
20	<210> 1471 <400> 1471 000
25	<210> 1472 <400> 1472 000
30	<210> 1473 <400> 1473 000
35	<210> 1474 <400> 1474 000
40	<210> 1475 <400> 1475 000
45	<210> 1476 <400> 1476 000
50	<210> 1477 <400> 1477 000
55	<210> 1478 <400> 1478 000
60	<210> 1479 <400> 1479 000
65	<210> 1480 <400> 1480

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1481
5 <400> 1481
000
<210> 1482
10 <400> 1482
000
<210> 1483
15 <400> 1483
000
<210> 1484
20 <400> 1484
000
<210> 1485
25 <400> 1485
000
<210> 1486
30 <400> 1486
000
<210> 1487
35 <211> 824
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*
<220>
40 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1304; Secuencia peptídica = SecID_1889
<400> 1487

ES 2 479 090 T3

gcacgaggcg cgaatatctt cctaaagtgt tgggctcgtc cttcgccgcc acaattggcc 60
 cttaccgcgg ctatgaccgg aacatcgatc cgacggtggc caatgaattc acttcgcagg 120
 cgtatcgttt tggacatgga atgattcagg agttttaccg gcgcttgga acgtgccggc 180
 gcaccattcc ctogggcgga tttgccttcg tcgacggcac tctccactcg gaccacttca 240
 ttttccaggg cgggtccggac ccgatcattc gtggaatgat gtctcaacag ttgaaaaggc 300
 cacaacgatt gacgcgggac atcaccgaac aaatgtttgg caccaccgac ttgggcacaa 360
 ttaacatcca acgagggcgc gaccacgggg tgccgtcgta catgcgcttt cggcaattgt 420
 gcgggctttc caccgcgacg acatttgacc aactgagtcg tgagataatg agtgtcgagg 480
 caccgacagaa tttgcagagg atatacggca cgccagaccg aattgatctg ttcgtcggcg 540
 gaatgctcga agaccgggtg gtgcgcggtt tggtcggtcc gacagttgcc tgcattattg 600
 gtcctcaatt tgcacggact cgcgacgggg acaggtttta ttttgaaaat ccgggcattt 660
 tcaccgcgcg ccaattggcc gaaattcgcc gttcgtcgct cgcccagtg atttgcgaca 720
 acggcgacga ctttcggaca gtgccgcgcg aagccttccg cacggggcca attgtccagt 780
 gcacagagat accgcaaatg gacctgagca aatggaagga gtga 824

- <210> 1488
- 5 <400> 1488
000
- <210> 1489
- 10 <400> 1489
000
- <210> 1490
- 15 <400> 1490
000
- <210> 1491
- 20 <400> 1491
000
- <210> 1492
- 25 <400> 1492
000
- <210> 1493
- 30 <400> 1493
000
- <210> 1494
- 35 <400> 1494
000
- <210> 1495
- 40 <400> 1495

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1496
5 <400> 1496
000
<210> 1497
10 <400> 1497
000
<210> 1498
15 <400> 1498
000
<210> 1499
20 <400> 1499
000
<210> 1500
25 <400> 1500
000
<210> 1501
30 <400> 1501
000
<210> 1502
35 <400> 1502
000
<210> 1503
40 <400> 1503
000
<210> 1504
45 <400> 1504
000
<210> 1505
50 <400> 1505
000
<210> 1506
55 <400> 1506
000
<210> 1507
60 <400> 1507
000
<210> 1508
65 <400> 1508
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 1509
<400> 1509
000

10 <210> 1510
<400> 1510
000

15 <210> 1511
<400> 1511
000

20 <210> 1512
<400> 1512
000

25 <210> 1513
<211> 1341
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>
<223> Secuencia de ADNc = SecID_1289; Secuencia peptídica = SecID_1722

30 <400> 1513

ES 2 479 090 T3

atgtcagctg cggtttcttc ttgcgctccg atggaagatt ggaaatctga gttagctatg 60
ccagacaagg accttogata caaaacatct gatgtgactg cgactaaggg cggtgaatth 120
gaggaatthg ggctcactcg cgaccttctt aaaggcattt ttgagaaggg ttgggagcat 180
ccaagtccgg ttcaggaagc gtcgattgga attgcaacta caggccaaga cattctcgtc 240
cgcgcaaaa atggaactgg caaaactggc gcatattgca ttccctgcat tgagaaaatt 300
gaccatcaa aagaatacat ccaagcaatg ataatcgttc caactcggga gcttgcctta 360
caaacatctc agatthgctg agaactcagc aaacacttga agattaagat tatggtgacg 420
actggcggaa cagatcttgc tgacgatatt ttgcgtctca atggatttgt acatcttgtt 480
gtggcaactc ctggccgaat tttggatctt atggagaagg gagttgcgaa tgttgcgtat 540
tgcaagacga tcgttctcga tgaagcggac aaactccttt cccaggactt ccaaggtgtg 600
cttgaccgtc ttgttcagtt tctaccmeta gaccgtmeta ttatgctgta ctccgmeta 660
tttccgca ctgtcgcgac ttttatggaa aagcacatga gcaagccgta tgaatcaat 720
ctgatggagg aactgacgct gcttggcatt acacagtttt atgcttatgt ccaagmeta 780
cagaaagtgc actgtctgaa cacgcttttc cgcaagctcc aaataacca atccatcctc 840
ttttgtaatt cgacacaacg ggtggagtta cttgccaaga aatcacaga attgggctac 900
tcctgttact acattcattc metaatggct caacaccaca ggaacagagt gttccatgaa 960
tttcgtcagg gtcattgtag gaacttggtc tgttccgctc tgcttactcg tggattgac 1020
atccaagccg tcaacgtggg cattaacttt gacttccgc gcaattccga gacatthtg 1080
cacagaattg gacgttctgg ccgttttggc caccttggta ttgctatcaa tctgatcacc 1140
tttgaagacc gttacaacct gcgacgctc gaaaaggagc tcaagacaca cattgaccca 1200
attccaaagg aagtcgatcc gaaactctat gttgctgaat ttcaaatgga tcacacmeta 1260
ttcgactgtg ggaatgtcgt cgatgggtgcg gtgctgaaca acggagtcga ccaacaacag 1320
cagcctcggg cttcgtcgtg g 1341

<210> 1514

5 <400> 1514
000

<210> 1515

10 <400> 1515
000

<210> 1516

15 <211> 756
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>

20 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1293; Secuencia peptídica = SecID_1725

<400> 1516

ES 2 479 090 T3

atgtttctga cccgcagcga atacgacagg ggagtgaaca ctttttcccc ggagggccgt 60
 ctgttccaag tggaatatgc catcgaaact gtcaagcttg gttccacaag catcggaatt 120
 cacaccaaag aaggcgttct tttggctgcg gaaaggcgtt caatgagcaa attggtggtg 180
 gacgactcaa tgagcaaat ttcggaagtt gagaagcaca ttgccgtcgc ctcggccggt 240
 ctcatcgcag attcacgcac ttgggtcgaa cacgcgcggg tggaggetca acacttttgg 300
 tttacttacg gtggcaaat tcgggtggaa gacattactc aaaaggcttc aagattggca 360
 ctgcattttg gagacgacga ctcaactatc agtctcggcc gtccgtttgg agtttctatg 420
 ctttttgccg gcattgatca cacgggtgcg catctcttcc atttgaccc gtccgggacg 480
 tacattaat gtttggccaa ggccatcggg gccggctccg atgcagcggg acaaacgctg 540
 caagagcact gtaaaaactg cgacaaaaaa atggaaatgg ccgaggcaaa acaagtcgca 600
 ctgaacacac tcaaacagct gatggaagag aaaatcaatt ccaaaaatgt ggaaattggt 660
 atgattaagc cgcagacgga caaggaaggc aaaacgttgg gcaaaattgt gtggttagag 720
 gaatcggagt tgcaagaaat catttcgcga ttgtag 756

5 <210> 1517
 <400> 1517
 000
 <210> 1518
 10 <400> 1518
 000
 <210> 1519
 15 <400> 1519
 000
 <210> 1520
 20 <400> 1520
 000
 <210> 1521
 <211> 767
 25 <212> ADN
 <213> *Heterodera glycines*
 <220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1298; Secuencia peptídica = SecID_1729
 30 <400> 1521

ES 2 479 090 T3

ccgacacggg cggttggtgc tcggtgcggt gtgagcacat caaattgcac gatgatatgg 60
 acgacctgaa gtatgtgtg gaattcgact tcctcgcaa agactccatc cgctattaca 120
 accgtgtgcc ggtggaaaag caagtgttca aaaatctgaa gctttttatg gaggagaaag 180
 acccggggga cgatttggtc gaccgattgg atacgagttc gttgaaccaa tacctgaagg 240
 aactgatgga cggactgacc gcgaaagtgt ttcgtacgta taacgcgtcg atcactctcc 300
 aagaacagct ggacaaactg acaaatcctt ccgattccgt ccacgagaaa atgctttcct 360
 acaatcgtgc aatcgtcag gtggccatcc tttgtaacca tcaaagggca gtgccaaaaa 420
 cgcacgaaaa gtcgatggaa aatttgaga ataaaaataa agagaagaag caggagtaca 480
 aggagttgaa ggatcagctg aagaagagca aatcgggtga cgagaaaatg gcaaaaaaat 540
 acgaaagatt gaaggaacag atcgccaaac tgaacacaca gcgcacggac aaggatgaaa 600
 acaaacaaat tgcactggga acctcaaaac tgaactactt ggatccgagg atttcggttg 660
 catggtgcaa aaagaatgac gtgcccgttg agaaaatatt cagcaaaacg caacgcgaca 720
 aattccgctg ggctctcgac atggcgaag aggacttcat tttctga 767

<210> 1522

5 <400> 1522
000

<210> 1523

10 <400> 1523
000

<210> 1524

15 <400> 1524
000

<210> 1525

20 <211> 3276
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>

25 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1302; Secuencia peptídica = SecID_1732

<400> 1525

atgggagttc cagccttttt ccgttggctt tcacgaaagt atgtgtcgat cattggtgac 60
 gcggtggaac agcgcagaag agaaattgac ggagtaaaaa tcccaataga tgcaactcaa 120
 ccaaatgaga attaccaaga gtttgacaat ctttacttgg acatgaacgg cattatccat 180
 ccgtgcacac atccggaaga ccgaccgca ccgaagaccg aggaagaaat gttcattttg 240
 atcttcgagt atattgaccg cctcttttcc atcgttcggc caagaaaact tctctacatg 300
 gcagttgatg gggtcgccc cagagcaaag atgaaccaac agcgaagtcg tcgatttcga 360
 gcagcacaag aagcggcgga gaagcgcgag ctcatcgaaa atgtgcgtaa gcggttgag 420

ES 2 479 090 T3

tcggaaggaa ttccgttgcc gccaccgcca aaggaagagg aacactttga ctccaattgc 480
 ataacacccg gcacgcggtt tatggcccggt ctttctggtg cccttcgcta ttacgtgcac 540
 aaacggatca cctacgaccc ggcatggcaa aagatccagg ttattctttc cgatgcgaat 600
 gtgcccgggtg agggcgaaca taaaatcatg gactacgtcc gacgtcagcg cgcttcgccc 660
 ggcgatgacc cgaacaccgt tcaactgtctt tgtggcgccc atgccgacct tatcatgctt 720
 ggattggcca cccacgagtc caatttcaac ataattcgag aagagttttt gccgaatcaa 780
 ccgaggcccg gcgaactttg cggccaatac gggcacgagg tcgaacattg tgaagggttg 840
 gcacgtgccc agaccgggcc ggaccaagcg gaccgcgtga agaaggagaa gaacttcac 900
 ttcatacgtc tgccagtgtc tcgggaatat ttggagcgtg aactttccat gccaaatttg 960
 ccatttccgt tcgatttggg gagggccatc gatgattggg tcatgatgtg tttttttgtg 1020
 ggcaacgatt ttctcccca tttgccatcg ttgaaatcc gtgaaaatgc catcgaccgt 1080
 ctcgtgaagt tgtacaagga catggtttat caggctggcg gctggctcac tgaaaacggc 1140
 atagtgaata tcgaaagagt gaagaagatc atgggcggac ttgggaaggt tgaggacgaa 1200
 atattcaaac aaagacagct caaagaattg cgcttcaaag aatcaaagaa acagcgaag 1260
 cagcaacaac ggcaggcaat ggcaaaaatt atgccgtaca atgccaat 1320
 atgccacttg gacagcaaaa gcgaatgtcg ggcgaggaaa tgccgagatt ggcggcggga 1380
 gaccgacagg agttcgtcag acttgccgat gtcgccagtt cgcacaaatt gcagtcgctg 1440
 ttgacgcctg tcgaccgacg aaaggccacg gatggcgggt atcggaagcg caagttggcc 1500
 ccaagttcag tcgacagtcc gaacggagca ccaccagcta aatcgtttaa ggaggagtg 1560
 gctgctgctt ccgtttcctc cgaaacggcc ttgaaaccgg agataaaact cgtaactccc 1620
 tctgggaaga cggcgccttt ggccaagggg gcggttgggg cactggcata cgactctgac 1680
 gaggaggagg aagtgctcga cgaaatccgt ctatgggaaa gtggatggaa ggaccgctac 1740
 tacagagcca agttccaagt gtccgagact gaccttgaat ttcgcaagaa agtggcatgt 1800
 gcttatgttg agggactctg ctgggtgttg cgttattatt atcagggatg tgccagctgg 1860
 aaatggtact acccttacca ctacgcgccg tttgcctccg attttgaact gatcgccgat 1920
 ttccaacccg acttcaacat gccacgaaa ccggttcaagc cattggagca gttaatgggt 1980
 gtgtttcctg ctgctagcag agctcatatt cctgacgggt ggcggttgct gatgaccgac 2040
 tcaagttcgc cgataattga tttttaccgg gaaacttttg aaattgatct gaacgggaag 2100
 aaatatgctt ggcaaggcgt cgctctgctt ccatttgtcg aggaaaaacg tcttttgat 2160
 gcacttgact cgggtgtacg cactctcaca accgatgaaa ttgcgcgaa tgccaccgga 2220
 ccagaccgtc tttttgtcgg caataaacac aacttgtttt cgctcgttta tgagggtcac 2280
 tcccaaaaga cgacaattcc gataaaaagat gaactaaca atgatgacac aaaagaaca 2340
 agcgaaggga cgcgagaaac tgaaggagaa gccgaggaaa ctcaacagcg ggaaaatggt 2400

ES 2 479 090 T3

gaaagcgaac aaatagcgaa agccgaagaa acgacggcac aagaggaaca agcgaacgaa 2460
 gaagctatct caaacctga acaggcaccg aaacaggaat tcgagactga aattgaattt 2520
 gtcgatgacg aagaaaagaa atgggtgcac atcgacgcag tcaaagcgta tgggatgtct 2580
 ggogaagtgt cttatgacgt cgaagcactc gcttttgggtg aggcgcatcg gtcgctgttc 2640
 agaaattcgt tggagtgttg cgacatcaaa gagaatacct gcattatggt tgagttccga 2700
 gatccccaat tcccaatgca cttcatcttc aaagccaaca ggctggacgg catcaaggaa 2760
 ttgcctcgtg tgctcaaacc gaacgattgg gaccaacgac ggcacggctc cttccaacc 2820
 caaatcggat tcagtcgtga catcccacgt gcaaatctct ccatggcggg ccatcgtacg 2880
 ctcaaccacc acataaacga caaccgtcgc agttgtccgg cctctctttt ctcaagtcaa 2940
 acatcgccac cagcgcacac acttccatgg cacatgagca caaactcacc acaacaacia 3000
 catcaaatgc agtaccaaca tcagcaacia tggcagcagg gtcaatttta caacgggcaa 3060
 cagcagcagc agcccgtgc gttgttcagt tttgggcaga tggcaatgcc cccgcctccg 3120
 ccgctcccac cgcaaaattg gattactagt caccgccac cacaatcca gtctcacgtg 3180
 ccgtacgggc agccccacc tctaatatca cagccacgga atactcagca tcaccatcgc 3240
 agaaacgaca acaacagaac ttacaatagg aaataa 3276

<210> 1526

<211> 1506

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1303; Secuencia peptídica = SecID_1733

<400> 1526

5

10

ES 2 479 090 T3

atggcgaaat ctgcaattga tgtaaatcgc ggcatacag aagaccaaac agctaccata 60
 agaaattatt tcacacaacc gcacttaatt tacaaaactg tcaactggagt gcgcgggcct 120
 ttggtcatat tggcgatgt taaattccca caatacgtg aaattgtgaa acttacactg 180
 cctaatggag aaaaacgcat gggacaagta ctcgaagtaa cgaaggacaa agctgtcgtt 240
 caggtgtttg aaggtacgtc aggtatcgt gcaaaaaaca caatttgca gttcactggc 300
 gatattatga gaacaccctt tcccgaggat atgcttggaa gaatattcaa tggatccggc 360
 acaccatcg acaaaagggc caatgttttg gcggaggatt acttggacat cgatggacag 420
 cctatcaacc catggtccag aatttatccc gaagaaatga ttcagaccgg catttccgca 480
 attgatgta tgaatagtat cgccagggga cagaaaattc caatttttcc tgctgcaggt 540
 cttccgcata atgagatcgc tgctcaaatt gtacgccaaag ggggcctcgt caaacagccg 600
 aacagaaaga aggaaatga ggtggagggt gacgacgact ttgccattgt gtttgctgca 660
 atgggtgtca acatggagac ggcgcgcttt ttcaaacaag actttgaaga aaacggttcc 720
 atggaaaatg tgtgcctttt ccttaacttg gctaatgacc caaccatcga acggatcatc 780
 acaccacgac tcgcgctgac ttgtgcagaa tttctggctt accaatgcca aaaacacgtc 840
 ttggttgtgc tcaactgacat gtcttattac gctgaagcac ttcgccaagt gtcgcccgcc 900
 cgagaggaag tgcccggctg tcgtggtttt cccggttaca tgtacactga cttggccaga 960
 atatacgaac gtgccgggcy tgttgaaggc cgaaaggggt caatcacaca aattccaatt 1020
 ttgtctatgc ctaatgacga catcaaccac ccaattcccg atttgaccgg ttacataacg 1080
 gaaggccaaa tttatgtgga tcgccaaact cacaatcgtc agatttacc tccaataaat 1140
 gtacttccat cgtctgocg tctgatgaaa tcggccattg gcgagggaaat gaccctgccc 1200
 gatcattcgg atgtgtccaa ccaactttac gcatgttatg ccattggtaa agacgtgcaa 1260
 gcaatgaaag cggtggttgg agaggaggca ctgtcgtcgg atgatttgct ctacttggag 1320
 tttctcacga aatttgaaaa gaatttcatt tcacaaggga attatgaaa ccggacgggtg 1380
 ttcgactcac tcgacattgg ttggcagctg ttgcgcattt ttccaagaga aatggtgaag 1440
 cgaattccag cgaaaacatt ggataaatat tacccaaggg gaggcactgg ggcgaggaac 1500
 gaatga 1506

<210> 1527

5 <400> 1527
000

<210> 1528

<211> 954

10 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1306; Secuencia peptídica = SecID_1735

15 <400> 1528

ES 2 479 090 T3

atgtcttttc ttgtcacatt agccggctat ttgacaattg ccatttttct ccagaaactc 60
 tttcgctctc tgtacaatgt ggttttcccc tatttgttcg ctgttcctca gaatatcaag 120
 gtgctcgcgg gtgccgagtg ggcagtggtc accggcagca ctgacggcat tggcaaggcg 180
 tacgcgctcg agttggccaa gaaaaacttc aacgtggtgc tcatctcagc ctccatggac 240
 aaactgaacg cagtggcgga ggaaatcaaa cagaaatata ccaatgtgga agtgaagtgc 300
 atctcatttg acttcaccaa cgcaaatctg aaggactacg agcagacaat tttctcccaa 360
 ctttccacca tcgaagttgg aatgctcgtg aacaatgctg ggatgagcta cgagtacccc 420
 gagcgattgg accgtattga gggcggactg caacgcggtt ccgacattac cgtgatcaac 480
 accctgccga ctacggtact ctccgctttt gtgctcaaac agatgagggg acggggacgc 540
 ggcgctcgtc tcaatttggc ctccctcggc gcgtatttca attggtttta cctggccgct 600

 tattctgctg cgaagaaata cgtgtgttgg ttgtcctcca ttctgogcat ggaataogcc 660
 gacaccgaca ttgtcatcca aacggtgtgc ccgatgatgg tggccaccaa aatggccaag 720
 attcgcaagg cttccttctt cacgcccagc cccgaggaat ttgccgcca agcgtccgc 780
 agcattggct tggctgacga gaccaccggc tgtttgtccc accaaattca ggccgagctg 840
 atgttcggct acgtccccgc cccgttgctg aacaaattcg tgcgcgacaa ctactgcag 900
 acgcgcaagc gcgcctgaa gaagaaagaa gcgacggtgg cgaagagtga atga 954

<210> 1529

5 <400> 1529
000

<210> 1530

10 <400> 1530
000

<210> 1531

<211> 935

15 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

20 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1310; Secuencia peptídica = SecID_1737

<400> 1531

ES 2 479 090 T3

```

gcacgaggca cgaaaatgtg gcgccactg acattgagga ggaatgcga gtgggtgtgg      60
accgcaacaa ataccagatt catttgcctt tgccggcaaa gattgacgcg tccggttacga    120
tgatgcaagt ggaggacaag ccggacgtta cctacgcgga cattggcggg tgcgagaac     180
agatcaaaaa gttgcgtgaa gtggtcgagt ttccgttgct tcagcctgag cgtttcacga    240
gtttgggcat tgagcctccg aagggcgttt tgttttttgg tccgccgggc accggcaaaa    300
ctttgtgtgc ccgcgcggtc gccaatcgga cggacgcgtg tttcatccgc gtcacggtt    360
ccgaattagt caaaaaatac gttggcgaag gcgcgcgcat ggtgcgcgag ctgttttcgc    420
tggctaaaaa gaaaaaggcg tgcatctct tcttcgacga agtcgacgcc atcggcggag    480
cgcgatttga cgacgaaaaa gggggcgaca acgaagtgca acggacgatg ctcgagttgg    540
tcaaccaact ggacggattc gactcacgcg gggccatcaa ggttttgatg gccaccaaca    600
gaccggacac actcgaccgc gcgctcattc gtcccggtcg cattgaccga cgcattgaat    660
tttccttgcc tgacctcaag gcacgaggaa acattctcca aattcacacc aaacggatga    720
gcgtcgaccg gaacattcgg tacgaattga ttgctcgact ctgtccaaac acgacgggtg    780
ccgacttgcg cagcgtttgc actgagggcg gaatgttcgc tttgcgtgca cgtcgaaagg    840
tcataacgga gcaagacttt ctcaaggctg ttcagaaagt ggtgaaaagc tacgccaagt    900

tcagttcaac gccggcgtat atgacgcaca actga                                935

```

<210> 1532

5 <400> 1532
000

<210> 1533

<211> 1074

10 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1312; Secuencia peptídica = SecID_1906

15 <400> 1533

ES 2 479 090 T3

gcacgagggt ttgaggtgcc tttggctgtg gtaaaactgt catttcgag tcgttgtcca 60
aatattccaa ctccgatgcc attatttacg tgggctgtgg cgagcgtggc aacgaaatgt 120
cggaagtgtt gcgcgacttt cccgaactga cgatggaagt ggatggagt accacgtcca 180
tcatggagag gacggcgctg gtggccaaca cttcgaatat gcccggtggc gcgctgaag 240
cgtccattta cacgggaatt actctggccg aatacttccg cgacatgggt ctgaacgtgg 300
ccatgatggc cgactcgacc tcccgatggg ccgagcgct ccgtgagatt tcgggccgtc 360
tcggggaaat gccggctgac tcgggttacc ccgcctattt ggccgcacgg ctcgcttct 420
tctacgaaag ggggggaaaa gtgaaatgtt ttgggtcgcc tgaacgcgaa gggtcogtca 480
ctattgtcgg cgcagtgtcg ccgcccggcg gagacttcgc cgaccccgtc acatcggcaa 540
ccctcggcat tgtccaagtg ttttggggac tcgacaaaaa attggcccaa cgaaagcact 600
tcccttcaat caattggctc atttottaca gcaaataat gcgtgcgttg gacgattatt 660
acgagaagaa ttttgccgaa tttgttccac tgagaacgaa atgcaaagaa attttgcagg 720
aagaggaaga tttgtcagaa attgtccaat tggtcggcaa agcatcgtt gccgaggccg 780
acaaaatcac tttggagcta tgatcgttct tgtcccttct acaaaactgt tgggatgctc 840
aaaaatatga ttggctttta cgactttgcc cggcactcgg tggaaacgac tgcacaatcg 900
gacaacaaaa tcacgtggaa tcagatcaga gatcacctcg gggacatcat tcacgaactt 960
tcttcgatga aatttgagga cccatccgaa aaaacggaag atcagatcaa aaaggattac 1020
gaagaactgt atgaacggat gcagaacaaa ttccgagcgt tagaggatga atga 1074

<210> 1534

5 <400> 1534
000

<210> 1535

10 <400> 1535
000

<210> 1536

15 <400> 1536
000

<210> 1537

20 <211> 1629
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>

25 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1318; Secuencia peptídica = SecID_1741

<400> 1537

ES 2 479 090 T3

gcacgagggg ccccttctct ttccgtcgcc aactcaaag tctctcgaca gcttggccaa 60
 ccaaaagtag cgggcttcaa agataaggat aaaccggaaa gtgttcgtac cagcaacatc 120
 gtggcagcaa aggctgttgc ggatgcggtg cggacgagtc ttgggcctcg gggaatggac 180
 aaaatgatcc aatcgggcaa cggagaagtg acaattacca atgacggggc gactattctc 240
 aaccaaatgt cggttgtgca tcccaccgca aaaatggttg tcgagctgtc caaagcgag 300
 gacattgagg cgggcgatgg gaccacaact gttgtggtgt tggccgggtc cttggtggac 360
 gctgcagaaa aacttcttgc caaaggaatt catccgacca ccatttccga ctattccaa 420
 cgggcggcca cattttctga aaaagtctc gaggaaatgg ccacacccat tgacattaac 480
 gatgacgacg agttggtgaa gctcgccatg acgagtttga actcgaaggt cgtttcgcaa 540
 cattcccatc ttttggcccc aatggcgggtg caggcagtga agaaactgat gagttcaccg 600
 gaggactcaa gtgtcaatct gaagctgatc aaagtcgtga aaaagtggg cgaaacgggtg 660
 gaggagtgc agctcattga gggagcgtg atcgatcaga agtcgatggg ccacggaggc 720
 ccggcggggg tggagaaggc gaagattggc ctcatccaat tccaaatctc accaccaaag 780
 cccaacatgg aaaatcaagt ggtcatctct gactatgctc aaatggaccg tgcgctgaag 840
 gaagaacgaa attacathtt ggagctgtgc aagcaaatca aaaaggccgg gtgcaatgtg 900
 ttgctcatcc aaaagtccat tttacgcgat gccatcaacg aaatggcgtc gcactttttc 960
 gcaaaaatga aaattatggt gatcaaagac atcgagcggg atgacatcga attctatgcc 1020
 aaaatcctcg ggtgtcgccc ggtggcatcc gttgaccatt ttgtgccgga atcgctcgga 1080
 acggccgatt tggaggagga aattgagacg gctgatggga aagtcctcaa agtgaccggc 1140
 cttaaacaga gtgggtgccc tgtgtccatt ttggttcgcg gctccagcaa attggtgttg 1200
 gacgaagccg agcgtctctc gcacgacgca ttgtgctca ttcgctgttt ggtgaagaaa 1260
 cgcgcccttc tttccggcgg cggtgcccc gaaatggaag tgtccgtccg cgtccgcgca 1320
 gctgctcaga caaaacacgg agccgaacag tattgctgga aggcatthtc ggacgcactc 1380
 gaagtgggtc catacacttt ggcagaaaac gctggactgt cggccattga aacagtgacg 1440
 gagatgcgca gtcagcacgc aatgggaaac aaagagcacg gagtgaatgt gccaatgggt 1500
 gccattacgg acattcgtga ggaaaatgtg gtgcagcctc ttttggtcag ttcggtcgcc 1560
 gtcaaacagg cggctgaatg tgtgcgagc attctcaaaa tcgacgacat tgttctgtcc 1620
 gtgctgtaa 1629

<210> 1538

5 <400> 1538
000

<210> 1539

10 <400> 1539
000

ES 2 479 090 T3

5 <210> 1540
<400> 1540
000

10 <210> 1541
<400> 1541
000

15 <210> 1542
<400> 1542
000

20 <210> 1543
<400> 1543
000

25 <210> 1544
<400> 1544
000

30 <210> 1545
<211> 960
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

<220>
<223> Secuencia de ADNc = SecID_1327; Secuencia peptídica = SecID_1748

35 <400> 1545

ES 2 479 090 T3

gcacgaggat taaaattgaa agttccaatt ctgctgtatt gttttgttca atgtttaagt 60
gctgtcaaag tggacaatgc cgagcaatcc gaccaaccaa ctggcgattc ttcctccgga 120
caattcccaa tttcgtatcc tccaataaaa tatgaaaacg atttggccta tgtggagaaa 180
ccgagtggca acgagcgttg tctattctac gcggaaggac tttctgtcgt cgtttttgcc 240
actaaaaaaaa gtcaatcggc gtgggaggac tatcgctctg acaccaaga aagtccgaag 300
tataccgcgt caattgaatg ccaaggcaat atgaatgtgg gcagcagctt tgatgtctat 360
ttgaaaattg acggcaaagc ggaaggagtt gtgagagctg acattgaaa aaaggacgca 420
aaaagtgtct tcaactgtga aggagccgaa tttatactca acttcaacgt cacacaagtc 480
ggcttttggc aattggttg tgccaccgtg gaaagaattg aagtgaagg ctcttcggat 540
ttcctgaaca aaaatttgaa tgtcgacaaa aaatggactt tggagccttc agttgttcca 600
tccacaaaca ttaacggctt caaagactac agctttgctt gtggtcagac caaccgata 660
gtgtgggccc taaaggactc aaatgattac gcagtcggaa ttacgctgaa caatgtgcag 720
ttccaacat tcaatgcaac ttacactgcc ggtggaaaag aagctgaccg tttaaaattt 780
gggtggaaaag tcaacgattg ccaggggctg ttcagcattg gcacttggat gggcttggtg 840
gttgccactc tgctcatcgg cgtgctcttt ttcggcttcc tgatgcttaa ttctgtgcag 900
acaatggaca gattcgaatg tccgaagcag aaacagttga taattagttc gaaagagtga 960

<210> 1546

5 <400> 1546
000

<210> 1547

10 <400> 1547
000

<210> 1548

15 <211> 1283

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

20 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1330; Secuencia peptídica = SecID_1751

<400> 1548

ttcctctctt tgggataatg tccacggaca gtgctgaccc cctctattgg ctccgtgtga 60

ES 2 479 090 T3

tcatggcttc caacagaggg aactgatgg agttgggcat ttcgccatt gtcacttccg 120
 gtctcataat gcaacttctc gctgggcgga agattatcga agtgggagac acgccaagg 180
 aacgggcatt gttcaacggg gcgcaaaaac tgttcggaaat ggtcatcact attggacagg 240
 caattgtcta cgtggcttcc ggaatgtacg gaaaccocaca cgaaatcggc gccggaattt 300
 gcttgcttat cgtaattcaa ctcgctcgtg ctggctctcat tgccttctg ctggacgaat 360
 tgcttcagaa aggttatgga cttggctcgg gaatttcgct gtttatcgcc acaaacattt 420
 gcgagaccat cgtttggaag gccttttcac cggcgacgat gaacacgggc cgtggcacgg 480
 aatttgaggg ggcgatcacc gcacttttcc atctgttggc cactcggaaat gacaaagtcc 540
 gtgcacttcg tgaagctttc taccgacaga atttgccaaa tttgatgaat ctgctggcca 600
 ctgttctagt ttttgccgtc gtcatttatt tccaaggttt tcgtgtogat ttgcccataa 660
 aaagtgctcg ctaccgoggc cagcacagtt cctatccgat caagctgttc tacaccagca 720
 acatccccat catcctocaa tctgcgctcg tctccaacct ttacgtgatc tcacaaatgc 780
 tggcgcccaa attcggcggc aacatthtgg ttaatttgct cgggacgtgg tccgactctt 840
 ccggcacata tgggagcttc ccaaccgggtg gtatctgcta ttatctgtcc ccgcccagt 900
 cgctctccca cattttggag gaccccatcc actgcatcat ttacattgtg ttcattgctt 960
 gctcgtgcgc cttcttttct aagacttggga tcgacgtcag cggctcaagt gccaaagatg 1020
 tagccaaaca actgaaggag cagcagatga tcatgcgagg ccatcgcgag aaatcgatga 1080
 tccacgagct caaccggtag attccgacag cggctgcttt cggtagggctg tgcacggcg 1140
 cattgtcagt cacggcagat tttttggcgc caattggaag tggcacgggt attctgctgg 1200
 ctgtcacaat catttaccag tactttgaaa ttttcgtcaa agaacagcaa gaaatgggcg 1260
 gagttgccgg actcttttcc tga 1283

- <210> 1549
- 5 <400> 1549
000
- <210> 1550
- 10 <400> 1550
000
- <210> 1551
- 15 <400> 1551
000
- <210> 1552
- 20 <400> 1552
000
- <210> 1553
- 25 <400> 1553
000
- <210> 1554

ES 2 479 090 T3

	<400> 1554 000
5	<210> 1555 <400> 1555 000
10	<210> 1556 <400> 1556 000
15	<210> 1557 <400> 1557 000
20	<210> 1558 <400> 1558 000
25	<210> 1559 <400> 1559 000
30	<210> 1560 <400> 1560 000
35	<210> 1561 <400> 1561 000
40	<210> 1562 <400> 1562 000
45	<210> 1563 <400> 1563 000
50	<210> 1564 <400> 1564 000
55	<210> 1565 <400> 1565 000
60	<210> 1566 <400> 1566 000
65	<210> 1567 <400> 1567

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1568
5 <400> 1568
000
<210> 1569
10 <400> 1569
000
<210> 1570
15 <400> 1570
000
<210> 1571
20 <400> 1571
000
<210> 1572
25 <400> 1572
000
<210> 1573
30 <400> 1573
000
<210> 1574
35 <400> 1574
000
<210> 1575
40 <400> 1575
000
<210> 1576
45 <400> 1576
000
<210> 1577
50 <400> 1577
000
<210> 1578
55 <400> 1578
000
<210> 1579
60 <400> 1579
000
<210> 1580
65 <400> 1580
000

	<210> 1581
	<400> 1581 000
5	<210> 1582
	<400> 1582 000
10	<210> 1583
	<400> 1583 000
15	<210> 1584
	<400> 1584 000
20	<210> 1585
	<400> 1585 000
25	<210> 1586
	<400> 1586 000
30	<210> 1587
	<400> 1587 000
35	<210> 1588
	<400> 1588 000
40	<210> 1589
	<400> 1589 000
45	<210> 1590
	<400> 1590 000
50	<210> 1591
	<400> 1591 000
55	<210> 1592
	<400> 1592 000
60	<210> 1593
	<400> 1593 000
65	<210> 1594

ES 2 479 090 T3

	<400> 1594 000
5	<210> 1595 <400> 1595 000
10	<210> 1596 <400> 1596 000
15	<210> 1597 <400> 1597 000
20	<210> 1598 <400> 1598 000
25	<210> 1599 <400> 1599 000
30	<210> 1600 <400> 1600 000
35	<210> 1601 <400> 1601 000
40	<210> 1602 <400> 1602 000
45	<210> 1603 <400> 1603 000
50	<210> 1604 <400> 1604 000
55	<210> 1605 <400> 1605 000
60	<210> 1606 <400> 1606 000
65	<210> 1607 <400> 1607

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1608
5 <400> 1608
000
<210> 1609
10 <400> 1609
000
<210> 1610
15 <400> 1610
000
<210> 1611
20 <400> 1611
000
<210> 1612
25 <400> 1612
000
<210> 1613
30 <400> 1613
000
<210> 1614
35 <400> 1614
000
<210> 1615
40 <400> 1615
000
<210> 1616
45 <400> 1616
000
<210> 1617
50 <400> 1617
000
<210> 1618
55 <400> 1618
000
<210> 1619
60 <400> 1619
000
<210> 1620
65 <400> 1620
000

5 <210> 1621
<400> 1621
000
<210> 1622
<400> 1622
000
10 <210> 1623
<400> 1623
000
15 <210> 1624
<400> 1624
000
20 <210> 1625
<400> 1625
000
25 <210> 1626
<400> 1626
000
30 <210> 1627
<400> 1627
000
35 <210> 1628
<400> 1628
000
40 <210> 1629
<400> 1629
000
45 <210> 1630
<400> 1630
000
50 <210> 1631
<400> 1631
000
55 <210> 1632
<400> 1632
000
60 <210> 1633
<400> 1633
000
65 <210> 1634

ES 2 479 090 T3

	<400> 1634 000
5	<210> 1635 <400> 1635 000
10	<210> 1636 <400> 1636 000
15	<210> 1637 <400> 1637 000
20	<210> 1638 <400> 1638 000
25	<210> 1639 <400> 1639 000
30	<210> 1640 <400> 1640 000
35	<210> 1641 <400> 1641 000
40	<210> 1642 <400> 1642 000
45	<210> 1643 <400> 1643 000
50	<210> 1644 <400> 1644 000
55	<210> 1645 <400> 1645 000
60	<210> 1646 <400> 1646 000
65	<210> 1647 <400> 1647

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1648
5 <400> 1648
000
<210> 1649
10 <400> 1649
000
<210> 1650
15 <400> 1650
000
<210> 1651
20 <400> 1651
000
<210> 1652
25 <400> 1652
000
<210> 1653
30 <400> 1653
000
<210> 1654
35 <400> 1654
000
<210> 1655
40 <400> 1655
000
<210> 1656
45 <400> 1656
000
<210> 1657
50 <400> 1657
000
<210> 1658
55 <400> 1658
000
<210> 1659
60 <400> 1659
000
<210> 1660
65 <400> 1660
000

ES 2 479 090 T3

<210> 1661
<400> 1661
000
5
<210> 1662
<400> 1662
000
10
<210> 1663
<400> 1663
000
15
<210> 1664
<400> 1664
000
20
<210> 1665
<400> 1665
000
25
<210> 1666
<400> 1666
000
30
<210> 1667
<400> 1667
000
35
<210> 1668
<400> 1668
000
40
<210> 1669
<400> 1669
000
45
<210> 1670
<400> 1670
000
50
<210> 1671
<400> 1671
000
55
<210> 1672
<400> 1672
000
60
<210> 1673
<400> 1673
000
65
<210> 1674

ES 2 479 090 T3

	<400> 1674 000
5	<210> 1675 <400> 1675 000
10	<210> 1676 <400> 1676 000
15	<210> 1677 <400> 1677 000
20	<210> 1678 <400> 1678 000
25	<210> 1679 <400> 1679 000
30	<210> 1680 <400> 1680 000
35	<210> 1681 <400> 1681 000
40	<210> 1682 <400> 1682 000
45	<210> 1683 <400> 1683 000
50	<210> 1684 <400> 1684 000
55	<210> 1685 <400> 1685 000
60	<210> 1686 <400> 1686 000
65	<210> 1687 <400> 1687

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1688
5 <400> 1688
000
<210> 1689
10 <400> 1689
000
<210> 1690
15 <400> 1690
000
<210> 1691
20 <400> 1691
000
<210> 1692
25 <400> 1692
000
<210> 1693
30 <400> 1693
000
<210> 1694
35 <400> 1694
000
<210> 1695
40 <400> 1695
000
<210> 1696
45 <400> 1696
000
<210> 1697
50 <400> 1697
000
<210> 1698
55 <400> 1698
000
<210> 1699
60 <400> 1699
000
<210> 1700
65 <400> 1700
000

ES 2 479 090 T3

	<210> 1701
	<400> 1701 000
5	<210> 1702
	<400> 1702 000
10	<210> 1703
	<400> 1703 000
15	<210> 1704
	<400> 1704 000
20	<210> 1705
	<400> 1705 000
25	<210> 1706
	<400> 1706 000
30	<210> 1707
	<400> 1707 000
35	<210> 1708
	<400> 1708 000
40	<210> 1709
	<400> 1709 000
45	<210> 1710
	<400> 1710 000
50	<210> 1711
	<400> 1711 000
55	<210> 1712
	<400> 1712 000
60	<210> 1713
	<400> 1713 000
65	<210> 1714

ES 2 479 090 T3

<400> 1714
000

5 <210> 1715

<400> 1715
000

10 <210> 1716

<400> 1716
000

15 <210> 1717

<400> 1717
000

20 <210> 1718

<400> 1718
000

25 <210> 1719

<400> 1719
000

30 <210> 1720

<400> 1720
000

35 <210> 1721

<400> 1721
000

40 <210> 1722
<211> 446
<212> PRT
<213> *Heterodera glycines*

45 <220>
<223> Secuencia de ADNc = SecID_1289; Secuencia codificante = SecID_1513

<400> 1722

ES 2 479 090 T3

Met Ser Ala Ala Val Ser Ser Ser Arg Pro Met Glu Asp Trp Lys Ser
1 5 10 15

Glu Leu Ala Met Pro Asp Lys Asp Leu Arg Tyr Lys Thr Ser Asp Val
20 25 30

Thr Ala Thr Lys Gly Val Glu Phe Glu Glu Phe Gly Leu Thr Arg Asp
35 40 45

Leu Leu Lys Gly Ile Phe Glu Lys Gly Trp Glu His Pro Ser Pro Val
50 55 60

Gln Glu Ala Ser Ile Gly Ile Ala Leu Thr Gly Gln Asp Ile Leu Ala
65 70 75 80

Arg Ala Lys Asn Gly Thr Gly Lys Thr Gly Ala Tyr Cys Ile Pro Cys
85 90 95

Ile Glu Lys Ile Asp Pro Ser Lys Glu Tyr Ile Gln Ala Met Ile Ile
100 105 110

Val Pro Thr Arg Glu Leu Ala Leu Gln Thr Ser Gln Ile Cys Val Glu
115 120 125

Leu Ser Lys His Leu Lys Ile Lys Ile Met Val Thr Thr Gly Gly Thr
130 135 140

Asp Leu Arg Asp Asp Ile Leu Arg Leu Asn Gly Ile Val His Leu Val
145 150 155 160

Val Ala Thr Pro Gly Arg Ile Leu Asp Leu Met Glu Lys Gly Val Ala
165 170 175

Asn Val Ala Tyr Cys Lys Thr Ile Val Leu Asp Glu Ala Asp Lys Leu
180 185 190

Leu Ser Gln Asp Phe Gln Gly Val Leu Asp Arg Leu Val Gln Phe Leu
 195 200 205
 Pro Lys Asp Arg Gln Ile Met Leu Tyr Ser Ala Thr Phe Pro Arg Thr
 210 215 220
 Val Ala Thr Phe Met Glu Lys His Met Ser Lys Pro Tyr Glu Ile Asn
 225 230 235 240
 Leu Met Glu Glu Leu Thr Leu Leu Gly Ile Thr Gln Phe Tyr Ala Tyr
 245 250 255
 Val Gln Glu Lys Gln Lys Val His Cys Leu Asn Thr Leu Phe Arg Lys
 260 265 270
 Leu Gln Ile Asn Gln Ser Ile Ile Phe Cys Asn Ser Thr Gln Arg Val
 275 280 285
 Glu Leu Leu Ala Lys Lys Ile Thr Glu Leu Gly Tyr Ser Cys Tyr Tyr
 290 295 300
 Ile His Ser Lys Met Ala Gln His His Arg Asn Arg Val Phe His Glu
 305 310 315 320
 Phe Arg Gln Gly His Cys Arg Asn Leu Val Cys Ser Asp Leu Leu Thr
 325 330 335
 Arg Gly Ile Asp Ile Gln Ala Val Asn Val Val Ile Asn Phe Asp Phe
 340 345 350
 Pro Arg Asn Ser Glu Thr Tyr Leu His Arg Ile Gly Arg Ser Gly Arg
 355 360 365
 Phe Gly His Leu Gly Ile Ala Ile Asn Leu Ile Thr Phe Glu Asp Arg
 370 375 380
 Tyr Asn Leu Arg Arg Ile Glu Lys Glu Leu Lys Thr His Ile Asp Pro
 385 390 395 400
 Ile Pro Lys Glu Val Asp Pro Lys Leu Tyr Val Ala Glu Phe Gln Met
 405 410 415
 Asp His Thr Lys Phe Asp Cys Gly Asn Val Val Asp Gly Ala Val Leu
 420 425 430
 Asn Asn Gly Val Asp Gln Gln Gln Gln Pro Arg Ala Ser Ser
 435 440 445

<210> 1723
 <211> 247
 <212> PRT
 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1290; Secuencia codificante = SecID_1514

<400> 1723

Met Phe Arg Asn Gln Tyr Asp Ser Asp Val Thr Val Phe Ser Pro Gln
 1 5 10 15

Gly Arg Leu His Gln Ile Asp Tyr Ala Val Glu Ala Met Arg Gln Gly
 20 25 30

Ser Ala Ala Val Ala Ile Arg Ser Lys Asp Tyr Ala Val Val Val Ala
 35 40 45

Leu Met Arg Ala Gln Asn Glu Leu Ser Ser Tyr Gln Gln Lys Val Phe
 50 55 60

Lys Leu Asp Asp His Leu Gly Leu Ser Met Ser Gly Leu Ile Ser Asp
 65 70 75 80

Gly Arg Ile Leu Ala Arg Phe Met Gln Ser Glu Cys Ala Glu Phe Arg
 85 90 95

Trp Asn Tyr His Asn Pro Ile Ser Val Glu Leu Leu Asn Arg Lys Leu
 100 105 110

Gly Leu Lys Leu Gln Ser Asn Thr Gln Tyr Tyr Gly Arg Arg Pro Phe
 115 120 125

Gly Val Gly Leu Leu Ile Ile Gly Tyr Asp Asp Lys Gly Pro His Val
 130 135 140

Val Lys Ala Glu Pro Ser Gly Asp Val Ser Glu Met Phe Ala Ala Ser
 145 150 155 160

Ile Gly Ala Arg Ser Gln Ser Ala Arg Thr Tyr Leu Glu Lys Asn Leu
 165 170 175

Pro Glu Phe Glu Thr Ala Asp Arg Asp Ala Leu Ile Arg His Ala Ile
 180 185 190

Arg Ser Leu Lys Glu Thr Leu Gln Ala Asp Ala Gly Ser Leu Asp Glu
 195 200 205

Asn Asn Thr Phe Ile Ala Ile Ile Gly Leu Gly Gln Pro Phe Thr Phe
 210 215 220

Leu Gly Lys Asp Ala Thr Arg Ala His Ile Arg Ser Val Glu Glu Glu
 225 230 235 240

Ala His Arg Glu Met Asp Glu
 245

<210> 1724

<211> 254

<212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1292; Secuencia codificante = SecID_1515

<400> 1724

ES 2 479 090 T3

Met Glu His Tyr Asp Arg Ala Ile Thr Ile Phe Ser Pro Asp Gly Arg
 1 5 10 15
 Leu Phe Gln Val Asp Tyr Ala Gln Glu Ala Val Lys Lys Gly Ser Thr
 20 25 30
 Ala Val Ala Val Lys Gly Lys Asn Cys Val Val Ile Gly Val Glu Lys
 35 40 45
 Lys Ser Ile Pro Thr Leu Gln Asp Glu Arg Thr Ile Arg Lys Ile His
 50 55 60
 Ala Leu Asp Ser His Val Met Val Ala Phe Ala Gly Leu Ser Ala Asp
 65 70 75 80
 Ala Arg Val Leu Ile Asp Arg Ala Arg Val Glu Cys Glu Asn Tyr Lys
 85 90 95
 Leu Thr Leu Glu Asp Arg Val Ser Val Met His Ile Ser Arg Ile Ile
 100 105 110
 Ala Asp Ile Lys Gln Arg Tyr Thr Gln Thr Thr Gly Arg Arg Pro Phe
 115 120 125
 Gly Ile Ser Met Leu Val Gly Gly Phe Asp Ser Asp Gly Thr Pro His
 130 135 140
 Leu Phe Lys Thr Glu Pro Ser Gly Val Tyr Tyr Glu Leu Leu Ala Gly
 145 150 155 160
 Ser Ile Gly Arg Asn Glu Lys Ile Val Lys Glu Tyr Leu Glu Lys Glu
 165 170 175
 Tyr Gly Asn Asp Asn Thr Ala Asp Glu Glu Ser Thr Leu Lys Leu Met
 180 185 190
 Leu Lys Ser Leu Ala Pro Val Val Gln Ser Gly Ala Gln Asn Ile Glu
 195 200 205
 Ile Ala Val Leu Lys Trp Val Asp Gly Thr Asn Gly Glu Pro Gly Tyr
 210 215 220
 Cys Glu Gln Gln Ile Leu Asn Val Glu Ala Ile Gly Ala Leu Leu Ser
 225 230 235 240
 Gln Ile Gly Pro Ile Glu Gln Gln Lys Pro Met Glu Thr Ser
 245 250

<210> 1725

5 <400> 1725
 000

<210> 1726

10 <400> 1726
 000

<210> 1727

15 <400> 1727
 000

<210> 1728

ES 2 479 090 T3

<400> 1728
000

5 <210> 1729
<211> 254
<212> PRT
<213> *Heterodera glycines*

10 <220>
<223> Secuencia de ADNc = SecID_1298; Secuencia codificante = SecID_1521

<400> 1729

```

Asp Thr Val Gly Cys Cys Ser Leu Arg Cys Glu His Ile Lys Leu His
1          5          10          15

Asp Asp Met Asp Asp Leu Lys Tyr Val Val Glu Phe Asp Phe Leu Gly
          20          25          30

Lys Asp Ser Ile Arg Tyr Tyr Asn Arg Val Pro Val Glu Lys Gln Val
          35          40          45

Phe Lys Asn Leu Lys Leu Phe Met Glu Glu Lys Asp Pro Gly Asp Asp
          50          55          60

Leu Phe Asp Arg Leu Asp Thr Ser Ser Leu Asn Gln Tyr Leu Lys Glu
65          70          75          80

Leu Met Asp Gly Leu Thr Ala Lys Val Phe Arg Thr Tyr Asn Ala Ser
          85          90          95

Ile Thr Leu Gln Glu Gln Leu Asp Lys Leu Thr Asn Pro Ser Asp Ser
          100          105          110

Val His Glu Lys Met Leu Ser Tyr Asn Arg Ala Asn Arg Gln Val Ala
          115          120          125

Ile Leu Cys Asn His Gln Arg Ala Val Pro Lys Thr His Glu Lys Ser
          130          135          140

Met Glu Asn Leu Glu Asn Lys Ile Lys Glu Lys Lys Gln Glu Tyr Lys
145          150          155          160

Glu Leu Lys Asp Gln Leu Lys Lys Ser Lys Ser Val Asp Glu Lys Met
          165          170          175

Ala Lys Lys Tyr Glu Arg Leu Lys Glu Gln Ile Ala Lys Leu Asn Thr
          180          185          190

Gln Arg Thr Asp Lys Asp Glu Asn Lys Gln Ile Ala Leu Gly Thr Ser
          195          200          205

Lys Leu Asn Tyr Leu Asp Pro Arg Ile Ser Val Ala Trp Cys Lys Lys
          210          215          220

Asn Asp Val Pro Val Glu Lys Ile Phe Ser Lys Thr Gln Arg Asp Lys
225          230          235          240

Phe Arg Trp Ala Leu Asp Met Ala Lys Glu Asp Phe Ile Phe
          245          250
    
```

15

ES 2 479 090 T3

5
 10
 15
 20

<210> 1730
 <400> 1730
 000

<210> 1731
 <400> 1731
 000

<210> 1732
 <211> 1091
 <212> PRT
 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1302; Secuencia codificante = SecID_1525

<400> 1732

Met	Gly	Val	Pro	Ala	Phe	Phe	Arg	Trp	Leu	Ser	Arg	Lys	Tyr	Val	Ser
1				5					10					15	
Ile	Ile	Val	Asp	Ala	Val	Glu	Gln	Arg	Arg	Arg	Glu	Ile	Asp	Gly	Val
			20					25					30		
Lys	Ile	Pro	Ile	Asp	Ala	Thr	Gln	Pro	Asn	Glu	Asn	Tyr	Gln	Glu	Phe
		35					40					45			
Asp	Asn	Leu	Tyr	Leu	Asp	Met	Asn	Gly	Ile	Ile	His	Pro	Cys	Thr	His
	50					55					60				
Pro	Glu	Asp	Arg	Pro	Ala	Pro	Lys	Thr	Glu	Glu	Glu	Met	Phe	Ile	Leu
65					70					75					80
Ile	Phe	Glu	Tyr	Ile	Asp	Arg	Leu	Phe	Ser	Ile	Val	Arg	Pro	Arg	Lys
				85					90					95	
Leu	Leu	Tyr	Met	Ala	Val	Asp	Gly	Val	Ala	Pro	Arg	Ala	Lys	Met	Asn
			100					105					110		
Gln	Gln	Arg	Ser	Arg	Arg	Phe	Arg	Ala	Ala	Gln	Glu	Ala	Ala	Glu	Lys
			115				120					125			
Arg	Glu	Leu	Ile	Glu	Asn	Val	Arg	Lys	Arg	Leu	Glu	Ser	Glu	Gly	Ile
	130					135					140				
Pro	Leu	Pro	Pro	Pro	Arg	Lys	Glu	Glu	Glu	His	Phe	Asp	Ser	Asn	Cys
145					150					155					160
Ile	Thr	Pro	Gly	Thr	Pro	Phe	Met	Ala	Arg	Leu	Ser	Val	Ala	Leu	Arg
				165					170					175	
Tyr	Tyr	Val	His	Lys	Arg	Ile	Thr	Tyr	Asp	Pro	Ala	Trp	Gln	Lys	Ile
			180					185					190		
Gln	Val	Ile	Leu	Ser	Asp	Ala	Asn	Val	Pro	Gly	Glu	Gly	Glu	His	Lys
		195					200					205			
Ile	Met	Asp	Tyr	Val	Arg	Arg	Gln	Arg	Ala	Ser	Pro	Ala	His	Asp	Pro
	210					215					220				
Asn	Thr	Val	His	Cys	Leu	Cys	Gly	Ala	Asp	Ala	Asp	Leu	Ile	Met	Leu
225					230					235					240
Gly	Leu	Ala	Thr	His	Glu	Ser	Asn	Phe	Asn	Ile	Ile	Arg	Glu	Glu	Phe
				245					250					255	

ES 2 479 090 T3

Leu Pro Asn Gln Pro Arg Pro Cys Glu Leu Cys Gly Gln Tyr Gly His
 260 265 270
 Glu Val Glu His Cys Glu Gly Leu Ala Arg Ala Glu Thr Gly Pro Asp
 275 280 285
 Gln Ala Asp Pro Leu Lys Lys Glu Lys Asn Phe Ile Phe Ile Arg Leu
 290 295 300
 Pro Val Leu Arg Glu Tyr Leu Glu Arg Glu Leu Ser Met Pro Asn Leu
 305 310 315 320
 Pro Phe Pro Phe Asp Leu Glu Arg Ala Ile Asp Asp Trp Val Met Met
 325 330 335
 Cys Phe Phe Val Gly Asn Asp Phe Leu Pro His Leu Pro Ser Leu Glu
 340 345 350
 Ile Arg Glu Asn Ala Ile Asp Arg Leu Val Lys Leu Tyr Lys Asp Met
 355 360 365
 Val Tyr Gln Ala Gly Gly Trp Leu Thr Glu Asn Gly Ile Val Asn Ile
 370 375 380
 Glu Arg Val Lys Lys Ile Met Gly Gly Leu Gly Lys Val Glu Asp Glu
 385 390 395 400
 Ile Phe Lys Gln Arg Gln Leu Lys Glu Leu Arg Phe Lys Glu Ser Lys
 405 410 415
 Lys Gln Arg Lys Gln Gln Gln Arg Gln Ala Met Ala Lys Ile Met Pro
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Asn Leu Ile Ala Pro Met Pro Leu Gly Gln Gln Lys Arg
 435 440 445
 Met Ser Gly Glu Glu Met Arg Arg Leu Ala Ala Gly Asp Arg Gln Glu
 450 455 460
 Phe Val Arg Leu Ala Asp Val Ala Ser Ser His Lys Leu Gln Ser Leu
 465 470 475 480
 Leu Thr Pro Val Asp Arg Arg Lys Ala Thr Asp Gly Gly Asp Arg Lys
 485 490 495
 Arg Lys Leu Ala Pro Ser Ser Val Asp Ser Pro Asn Gly Ala Pro Pro
 500 505 510
 Ala Lys Ser Phe Lys Glu Gly Val Ala Ala Ala Ser Val Ser Ser Glu
 515 520 525
 Thr Ala Leu Lys Pro Glu Ile Lys Leu Val Thr Pro Ser Gly Lys Thr
 530 535 540
 Ala Pro Leu Ala Lys Gly Ala Val Gly Ala Leu Ala Tyr Asp Ser Asp
 545 550 555 560
 Glu Glu Glu Glu Val Leu Asp Glu Ile Arg Leu Trp Glu Ser Gly Trp
 565 570 575
 Lys Asp Arg Tyr Tyr Arg Ala Lys Phe Gln Val Ser Glu Thr Asp Leu
 580 585 590
 Glu Phe Arg Lys Lys Val Ala Cys Ala Tyr Val Glu Gly Leu Cys Trp

ES 2 479 090 T3

	595					600					605				
Val	Leu	Arg	Tyr	Tyr	Tyr	Gln	Gly	Cys	Ala	Ser	Trp	Lys	Trp	Tyr	Tyr
	610					615					620				
Pro	Tyr	His	Tyr	Ala	Pro	Phe	Ala	Ser	Asp	Phe	Glu	Leu	Ile	Ala	Asp
625					630					635					640
Phe	Gln	Pro	Asp	Phe	Asn	Met	Pro	Thr	Lys	Pro	Phe	Lys	Pro	Leu	Glu
				645					650					655	
Gln	Leu	Met	Gly	Val	Phe	Pro	Ala	Ala	Ser	Arg	Ala	His	Ile	Pro	Asp
			660					665					670		
Gly	Trp	Arg	Trp	Leu	Met	Thr	Asp	Ser	Ser	Ser	Pro	Ile	Ile	Asp	Phe
		675					680						685		
Tyr	Pro	Glu	Thr	Phe	Glu	Ile	Asp	Leu	Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr	Ala	Trp
	690					695					700				
Gln	Gly	Val	Ala	Leu	Leu	Pro	Phe	Val	Glu	Glu	Lys	Arg	Leu	Leu	Asp
705					710					715					720
Ala	Leu	Asp	Ser	Val	Tyr	Ala	Thr	Leu	Thr	Thr	Asp	Glu	Ile	Ala	Arg
				725					730						735
Asn	Ala	Thr	Gly	Pro	Asp	Arg	Leu	Phe	Val	Gly	Asn	Lys	His	Asn	Leu
			740					745						750	
Phe	Ser	Leu	Val	Tyr	Glu	Val	His	Ser	Gln	Lys	Thr	Thr	Ile	Pro	Ile
		755					760						765		
Lys	Asp	Glu	Leu	Thr	Asn	Asp	Asp	Thr	Lys	Glu	Thr	Ser	Glu	Gly	Thr
	770					775						780			
Arg	Glu	Thr	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Thr	Gln	Gln	Ala	Glu	Asn	Gly
785					790					795					800
Glu	Ser	Glu	Gln	Ile	Ala	Lys	Ala	Glu	Glu	Thr	Thr	Ala	Gln	Glu	Glu
				805					810					815	
Gln	Ala	Asn	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Lys	Pro	Glu	Gln	Ala	Pro	Lys	Gln
			820					825					830		
Glu	Phe	Glu	Thr	Glu	Ile	Glu	Phe	Val	Asp	Asp	Glu	Glu	Lys	Lys	Trp
		835					840						845		
Val	His	Ile	Asp	Ala	Val	Lys	Ala	Tyr	Gly	Met	Ser	Gly	Glu	Val	Ser
	850					855					860				
Tyr	Asp	Val	Glu	Ala	Leu	Ala	Phe	Gly	Glu	Ala	His	Arg	Ser	Leu	Phe
865					870					875					880
Arg	Asn	Ser	Leu	Glu	Phe	Gly	Asp	Ile	Lys	Glu	Asn	Thr	Cys	Ile	Met
				885					890					895	
Val	Glu	Phe	Arg	Asp	Pro	Gln	Phe	Pro	Met	His	Phe	Ile	Phe	Lys	Ala
			900					905						910	
Asn	Arg	Leu	Asp	Gly	Ile	Lys	Glu	Leu	Pro	Arg	Val	Leu	Lys	Pro	Asn
		915					920						925		
Asp	Trp	Asp	Gln	Arg	Arg	His	Gly	Ser	Phe	Gln	Pro	Gln	Ile	Gly	Phe
	930					935						940			

ES 2 479 090 T3

Ser Arg Asp Ile Pro Arg Ala Asn Leu Ser Met Ala Gly His Arg Thr
 945 950 955 960

Leu Asn His His Ile Asn Asp Asn Arg Arg Ser Cys Pro Ala Ser Leu
 965 970 975

Phe Ser Val Gln Thr Ser Pro Pro Ala His Thr Leu Pro Trp His Met
 980 985 990

Ser Thr Asn Ser Pro Gln Gln Gln His Gln Met Gln Tyr Gln His Gln
 995 1000 1005

Gln Gln Trp Gln Gln Gly Gln Phe Tyr Asn Gly Gln Gln Gln Gln
 1010 1015 1020

Gln Pro Val Pro Leu Phe Ser Phe Gly Gln Met Ala Met Pro Pro
 1025 1030 1035

Pro Pro Pro Leu Pro Pro Gln Asn Trp Ile Thr Ser His Pro Pro
 1040 1045 1050

Pro Gln Ile Gln Ser His Val Pro Tyr Gly Gln Pro Pro Pro Leu
 1055 1060 1065

Ile Ser Gln Pro Arg Asn Thr Gln His His His Arg Arg Asn Asp
 1070 1075 1080

Asn Asn Arg Thr Tyr Asn Arg Lys
 1085 1090

<210> 1733

<211> 501

<212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1303; Secuencia codificante = SecID_1526

<400> 1733

Met Ala Lys Ser Ala Ile Asp Val Asn Arg Gly Ile Thr Glu Asp Gln
 1 5 10 15

Thr Ala Thr Ile Arg Asn Tyr Phe Thr Gln Pro His Leu Ile Tyr Lys
 20 25 30

Thr Val Thr Gly Val Arg Gly Pro Leu Val Ile Leu Gly Asp Val Lys
 35 40 45

Phe Pro Gln Tyr Ala Glu Ile Val Lys Leu Thr Leu Pro Asn Gly Glu
 50 55 60

Lys Arg Met Gly Gln Val Leu Glu Val Thr Lys Asp Lys Ala Val Val
 65 70 75 80

Gln Val Phe Glu Gly Thr Ser Gly Ile Asp Ala Lys Asn Thr Ile Cys
 85 90 95

Glu Phe Thr Gly Asp Ile Met Arg Thr Pro Val Ser Glu Asp Met Leu
 100 105 110

Gly Arg Ile Phe Asn Gly Ser Gly Thr Pro Ile Asp Lys Gly Pro Asn
 115 120 125

ES 2 479 090 T3

Val Leu Ala Glu Asp Tyr Leu Asp Ile Asp Gly Gln Pro Ile Asn Pro
130 135 140

Trp Ser Arg Ile Tyr Pro Glu Glu Met Ile Gln Thr Gly Ile Ser Ala
145 150 155 160

Ile Asp Val Met Asn Ser Ile Ala Arg Gly Gln Lys Ile Pro Ile Phe
165 170 175

Ser Ala Ala Gly Leu Pro His Asn Glu Ile Ala Ala Gln Ile Val Arg
180 185 190

Gln Gly Gly Leu Val Lys Gln Pro Asn Arg Lys Lys Glu Asn Glu Val
195 200 205

Glu Gly Asp Asp Asp Phe Ala Ile Val Phe Ala Ala Met Gly Val Asn
210 215 220

Met Glu Thr Ala Arg Phe Phe Lys Gln Asp Phe Glu Glu Asn Gly Ser
225 230 235 240

Met Glu Asn Val Cys Leu Phe Leu Asn Leu Ala Asn Asp Pro Thr Ile
245 250 255

Glu Arg Ile Ile Thr Pro Arg Leu Ala Leu Thr Cys Ala Glu Phe Leu
260 265 270

Ala Tyr Gln Cys Gln Lys His Val Leu Val Val Leu Thr Asp Met Ser
275 280 285

Tyr Tyr Ala Glu Ala Leu Arg Glu Val Ser Ala Ala Arg Glu Glu Val
290 295 300

Pro Gly Arg Arg Gly Phe Pro Gly Tyr Met Tyr Thr Asp Leu Ala Arg
305 310 315 320

Ile Tyr Glu Arg Ala Gly Arg Val Glu Gly Arg Lys Gly Ser Ile Thr
325 330 335

Gln Ile Pro Ile Leu Ser Met Pro Asn Asp Asp Ile Thr His Pro Ile
340 345 350

Pro Asp Leu Thr Gly Tyr Ile Thr Glu Gly Gln Ile Tyr Val Asp Arg
355 360 365

Gln Leu His Asn Arg Gln Ile Tyr Pro Pro Ile Asn Val Leu Pro Ser
370 375 380

Leu Ser Arg Leu Met Lys Ser Ala Ile Gly Glu Gly Met Thr Arg Ala
385 390 395 400

Asp His Ser Asp Val Ser Asn Gln Leu Tyr Ala Cys Tyr Ala Ile Gly
405 410 415

Lys Asp Val Gln Ala Met Lys Ala Val Val Gly Glu Glu Ala Leu Ser
420 425 430

Ser Asp Asp Leu Leu Tyr Leu Glu Phe Leu Thr Lys Phe Glu Lys Asn
435 440 445

Phe Ile Ser Gln Gly Asn Tyr Glu Asn Arg Thr Val Phe Asp Ser Leu
450 455 460

Asp Ile Gly Trp Gln Leu Leu Arg Ile Phe Pro Arg Glu Met Leu Lys
465 470 475 480

ES 2 479 090 T3

Arg Ile Pro Ala Lys Thr Leu Asp Lys Tyr Tyr Pro Arg Gly Gly Thr
485 490 495

Gly Ala Arg Asn Glu
500

<210> 1734

5 <400> 1734
000

<210> 1735

10 <211> 317

<212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

15 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1306; Secuencia codificante = SecID_1528

<400> 1735

ES 2 479 090 T3

Met Ser Phe Leu Val Thr Leu Ala Gly Tyr Leu Thr Ile Ala Ile Phe
1 5 10 15

Leu Gln Lys Leu Phe Arg Ser Leu Tyr Asn Val Val Phe Pro Tyr Leu
20 25 30

Phe Ala Val Pro Gln Asn Ile Lys Val Leu Ala Gly Ala Glu Trp Ala
35 40 45

Val Val Thr Gly Ser Thr Asp Gly Ile Gly Lys Ala Tyr Ala Leu Glu
50 55 60

Leu Ala Lys Lys Asn Phe Asn Val Val Leu Ile Ser Arg Ser Met Asp
65 70 75 80

Lys Leu Asn Ala Val Ala Glu Glu Ile Lys Gln Lys Tyr Pro Asn Val
85 90 95

Glu Val Lys Cys Ile Ser Phe Asp Phe Thr Asn Ala Asn Leu Lys Asp
100 105 110

Tyr Glu Gln Thr Ile Phe Ser Gln Leu Ser Thr Ile Glu Val Gly Met
115 120 125

Leu Val Asn Asn Val Gly Met Ser Tyr Glu Tyr Pro Glu Arg Leu Asp
130 135 140

Arg Ile Glu Gly Gly Leu Gln Arg Val Ser Asp Ile Thr Val Ile Asn
145 150 155 160

Thr Leu Pro Thr Thr Val Leu Ser Ala Phe Val Leu Lys Gln Met Arg
165 170 175

Glu Arg Gly Arg Gly Val Val Val Asn Leu Ala Ser Ser Ala Ala Tyr
180 185 190

Phe Asn Trp Phe Tyr Leu Ala Ala Tyr Ser Ala Ser Lys Lys Tyr Val
195 200 205

Cys Trp Leu Ser Ser Ile Leu Arg Met Glu Tyr Ala Asp Thr Asp Ile
210 215 220

Val Ile Gln Thr Val Cys Pro Met Met Val Ala Thr Lys Met Ala Lys
225 230 235 240

Ile Arg Lys Ala Ser Phe Phe Thr Pro Ser Pro Glu Glu Phe Ala Ala
245 250 255

Gln Ala Leu Arg Ser Ile Gly Leu Val Asp Glu Thr Thr Gly Cys Leu
260 265 270

Ser His Gln Ile Gln Ala Glu Leu Met Phe Gly Tyr Val Pro Ala Pro
275 280 285

Leu Leu Asn Lys Phe Val Arg Asp Asn Ser Leu Gln Thr Arg Lys Arg
290 295 300

Ala Leu Lys Lys Lys Glu Ala Thr Val Ala Lys Ser Glu
305 310 315

<210> 1736
<211> 216

ES 2 479 090 T3

<212> PRT
 <213> *Heterodera glycines*

5 <220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1307; Secuencia codificante = SecID_1529

<400> 1736

```

Met Asn Gln Glu Gln Asp Asn Ile Pro Thr Phe Lys Leu Val Leu Val
 1          5          10          15

Gly Asp Gly Gly Thr Gly Lys Thr Thr Phe Val Lys Arg His Leu Thr
 20          25          30

Gly Glu Phe Glu Lys Lys Tyr Ile Ala Thr Leu Gly Val Glu Val His
 35          40          45

Pro Leu Thr Phe His Thr Ser Arg Gly Gln Ile Arg Phe Asn Val Trp
 50          55          60

Asp Thr Ala Gly Gln Glu Lys Phe Gly Gly Leu Arg Asp Gly Tyr Tyr
 65          70          75          80

Ile Gln Gly Gln Cys Ala Ile Val Met Phe Asp Val Thr Ala Arg Val
 85          90          95

Thr Tyr Lys Asn Val Pro Asn Trp His Arg Asp Leu Val Arg Val Cys
100         105         110

Glu Asn Ile Pro Ile Val Leu Val Gly Asn Lys Val Asp Val Lys Asp
115         120         125

Arg Lys Val Lys Ala Lys Ser Ile Thr Phe His Arg Lys Lys Asn Leu
130         135         140

Gln Tyr Tyr Asp Ile Ser Ala Lys Ser Asn Tyr Asn Phe Glu Lys Pro
145         150         155         160

Phe Leu Tyr Leu Ala Arg Lys Leu Ile Gly Asp Pro Asn Leu Glu Phe
165         170         175

Val Ala Met Pro Ala Leu Ala Pro Pro Glu Val Gln Met Asp Pro Ala
180         185         190

Leu Ala Ala Lys Tyr Glu Gln Glu Val Ala Glu Ala Ala Ser Ala Glu
195         200         205

Leu Pro Asp Asp Asp Glu Asp Ile
210         215
    
```

10 <210> 1737
 <211> 310
 <212> PRT
 <213> *Heterodera glycines*

15 <220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1310; Secuencia codificante = SecID_1531

20 <400> 1737

Thr Arg His Glu Asn Val Ala Pro Thr Asp Ile Glu Glu Gly Met Arg
 1 5 10 15
 Val Gly Val Asp Arg Asn Lys Tyr Gln Ile His Leu Pro Leu Pro Ala
 20 25 30
 Lys Ile Asp Ala Ser Val Thr Met Met Gln Val Glu Asp Lys Pro Asp
 35 40 45
 Val Thr Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Cys Glu Glu Gln Ile Lys Lys Leu
 50 55 60
 Arg Glu Val Val Glu Phe Pro Leu Leu Gln Pro Glu Arg Phe Thr Ser
 65 70 75 80
 Leu Gly Ile Glu Pro Pro Lys Gly Val Leu Phe Phe Gly Pro Pro Gly
 85 90 95
 Thr Gly Lys Thr Leu Cys Ala Arg Ala Val Ala Asn Arg Thr Asp Ala
 100 105 110
 Cys Phe Ile Arg Val Ile Gly Ser Glu Leu Val Lys Lys Tyr Val Gly
 115 120 125
 Glu Gly Ala Arg Met Val Arg Glu Leu Phe Ser Leu Ala Lys Thr Lys
 130 135 140
 Lys Ala Cys Ile Leu Phe Phe Asp Glu Val Asp Ala Ile Gly Gly Ala
 145 150 155 160
 Arg Phe Asp Asp Gly Lys Gly Gly Asp Asn Glu Val Gln Arg Thr Met
 165 170 175
 Leu Glu Leu Val Asn Gln Leu Asp Gly Phe Asp Ser Arg Gly Ala Ile
 180 185 190
 Lys Val Leu Met Ala Thr Asn Arg Pro Asp Thr Leu Asp Pro Ala Leu
 195 200 205
 Ile Arg Pro Gly Arg Ile Asp Arg Arg Ile Glu Phe Ser Leu Pro Asp
 210 215 220
 Leu Lys Ala Arg Gly Asn Ile Leu Gln Ile His Thr Lys Arg Met Ser
 225 230 235 240
 Val Asp Arg Asn Ile Arg Tyr Glu Leu Ile Ala Arg Leu Cys Pro Asn
 245 250 255
 Thr Thr Gly Ala Asp Leu Arg Ser Val Cys Thr Glu Ala Gly Met Phe
 260 265 270
 Ala Leu Arg Ala Arg Arg Lys Val Ile Thr Glu Gln Asp Phe Leu Lys
 275 280 285
 Ala Val Gln Lys Val Val Lys Ser Tyr Ala Lys Phe Ser Ser Thr Pro
 290 295 300
 Ala Tyr Met Thr His Asn
 305 310

ES 2 479 090 T3

<210> 1738
 <400> 1738
 000
 5
 <210> 1739
 <400> 1739
 000
 10
 <210> 1740
 <400> 1740
 000
 15
 <210> 1741
 <211> 542
 <212> PRT
 <213> *Heterodera glycines*
 20
 <220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1318; Secuencia codificante = SecID_1537
 25
 <400> 1741

Ala	Arg	Gly	Ser	Pro	Ser	Leu	Ser	Val	Ala	Asn	Ser	Asn	Val	Ser	Arg
1				5					10					15	
Gln	Leu	Gly	Gln	Pro	Lys	Val	Ala	Gly	Phe	Lys	Asp	Lys	Asp	Lys	Pro
			20					25					30		
Glu	Ser	Val	Arg	Thr	Ser	Asn	Ile	Val	Ala	Ala	Lys	Ala	Val	Ala	Asp
		35					40					45			
Ala	Val	Arg	Thr	Ser	Leu	Gly	Pro	Arg	Gly	Met	Asp	Lys	Met	Ile	Gln
	50					55					60				
Ser	Gly	Asn	Gly	Glu	Val	Thr	Ile	Thr	Asn	Asp	Gly	Ala	Thr	Ile	Leu
65					70					75					80
Asn	Gln	Met	Ser	Val	Val	His	Pro	Thr	Ala	Lys	Met	Leu	Val	Glu	Leu
				85					90					95	
Ser	Lys	Ala	Gln	Asp	Ile	Glu	Ala	Gly	Asp	Gly	Thr	Thr	Thr	Val	Val

ES 2 479 090 T3

100					105					110					
Val	Leu	Ala	Gly	Ser	Leu	Leu	Asp	Ala	Ala	Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Lys
		115					120					125			
Gly	Ile	His	Pro	Thr	Thr	Ile	Ser	Asp	Ser	Phe	Gln	Arg	Ala	Ala	Thr
	130					135					140				
Phe	Ser	Glu	Lys	Val	Leu	Glu	Glu	Met	Ala	Thr	Pro	Ile	Asp	Ile	Asn
145					150					155					160
Asp	Asp	Asp	Glu	Leu	Val	Lys	Leu	Ala	Met	Thr	Ser	Leu	Asn	Ser	Lys
				165					170					175	
Val	Val	Ser	Gln	His	Ser	His	Leu	Leu	Ala	Pro	Met	Ala	Val	Gln	Ala
			180						185					190	
Val	Lys	Lys	Leu	Met	Ser	Ser	Pro	Glu	Asp	Ser	Ser	Val	Asn	Leu	Lys
		195					200					205			
Leu	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Lys	Leu	Gly	Glu	Thr	Val	Glu	Glu	Ser	Gln
	210					215					220				
Leu	Ile	Glu	Gly	Ala	Leu	Ile	Asp	Gln	Lys	Ser	Met	Gly	His	Gly	Gly
225					230					235					240
Pro	Ala	Arg	Val	Glu	Lys	Ala	Lys	Ile	Gly	Leu	Ile	Gln	Phe	Gln	Ile
				245					250					255	
Ser	Pro	Pro	Lys	Pro	Asn	Met	Glu	Asn	Gln	Val	Val	Ile	Ser	Asp	Tyr
			260					265					270		
Ala	Gln	Met	Asp	Arg	Ala	Leu	Lys	Glu	Glu	Arg	Asn	Tyr	Ile	Leu	Glu
		275					280					285			
Leu	Cys	Lys	Gln	Ile	Lys	Lys	Ala	Gly	Cys	Asn	Val	Leu	Leu	Ile	Gln
	290					295					300				
Lys	Ser	Ile	Leu	Arg	Asp	Ala	Ile	Asn	Glu	Met	Ala	Leu	His	Phe	Phe
305					310					315					320
Ala	Lys	Met	Lys	Ile	Met	Val	Ile	Lys	Asp	Ile	Glu	Arg	Asp	Asp	Ile
				325					330					335	
Glu	Phe	Tyr	Ala	Lys	Ile	Leu	Gly	Cys	Arg	Pro	Val	Ala	Ser	Val	Asp
			340					345					350		
His	Phe	Val	Pro	Glu	Ser	Leu	Gly	Thr	Ala	Asp	Leu	Val	Glu	Glu	Ile
		355					360					365			
Glu	Thr	Ala	Asp	Gly	Lys	Val	Leu	Lys	Val	Thr	Gly	Leu	Lys	Gln	Ser
	370					375					380				
Gly	Cys	Ala	Val	Ser	Ile	Leu	Val	Arg	Gly	Ser	Ser	Lys	Leu	Val	Leu
385					390					395					400
Asp	Glu	Ala	Glu	Arg	Ser	Leu	His	Asp	Ala	Leu	Cys	Val	Ile	Arg	Cys
				405					410					415	
Leu	Val	Lys	Lys	Arg	Ala	Leu	Leu	Ser	Gly	Gly	Gly	Ala	Pro	Glu	Met
			420					425					430		
Glu	Val	Ser	Val	Arg	Val	Arg	Ala	Ala	Ala	Gln	Thr	Lys	His	Gly	Ala
		435					440					445			

ES 2 479 090 T3

Glu Gln Tyr Cys Trp Lys Ala Phe Ala Asp Ala Leu Glu Val Val Pro
 450 455 460

Tyr Thr Leu Ala Glu Asn Ala Gly Leu Ser Pro Ile Glu Thr Val Thr
 465 470 475 480

Glu Met Arg Ser Gln His Ala Met Gly Asn Lys Glu His Gly Val Asn
 485 490 495

Val Arg Met Gly Ala Ile Thr Asp Ile Arg Glu Glu Asn Val Val Gln
 500 505 510

Pro Leu Leu Val Ser Ser Phe Ala Val Lys Gln Ala Ala Glu Cys Val
 515 520 525

Arg Ser Ile Leu Lys Ile Asp Asp Ile Val Leu Ser Val Arg
 530 535 540

- <210> 1742
- 5 <400> 1742
000
- <210> 1743
- 10 <400> 1743
000
- <210> 1744
- 15 <400> 1744
000
- <210> 1745
- 20 <400> 1745
000
- <210> 1746
- 25 <400> 1746
000
- <210> 1747
- 30 <400> 1747
000
- <210> 1748
- 35 <211> 319
<212> PRT
<213> *Heterodera glycines*
- <220>
- 40 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1327; Secuencia codificante = SecID_1545
<400> 1748

Ala Arg Gly Leu Lys Leu Lys Val Pro Ile Leu Leu Tyr Cys Phe Val
1 5 10 15

Gln Cys Leu Ser Ala Val Lys Val Asp Asn Ala Glu Gln Ser Asp Gln
20 25 30

Pro Thr Gly Asp Ser Ser Ser Gly Gln Phe Pro Ile Ser Tyr Pro Pro
35 40 45

Ile Lys Tyr Glu Asn Asp Leu Ala Tyr Val Glu Lys Pro Ser Gly Asn
50 55 60

Glu Arg Cys Leu Phe Tyr Ala Glu Gly Leu Ser Val Val Val Phe Ala
65 70 75 80

Thr Lys Lys Ser Gln Ser Ala Trp Ala Asp Tyr Arg Ser Asp Thr Lys
85 90 95

Glu Ser Pro Lys Tyr Thr Ala Ser Ile Glu Cys Gln Gly Asn Met Asn
100 105 110

Val Gly Ser Ser Phe Asp Val Tyr Leu Lys Ile Asp Gly Lys Ala Glu
115 120 125

Gly Val Val Arg Ala Asp Ile Gly Lys Lys Asp Ala Lys Ser Val Phe
130 135 140

Thr Val Glu Gly Ala Glu Phe Ile Leu Asn Phe Asn Val Thr Gln Val
145 150 155 160

Gly Phe Trp Gln Leu Val Gly Ala Thr Val Glu Arg Ile Glu Val Lys
165 170 175

Gly Ser Ser Asp Phe Leu Asn Lys Asn Leu Asn Val Asp Lys Lys Trp
180 185 190

Thr Leu Glu Pro Ser Val Val Pro Ser Thr Asn Ile Asn Gly Phe Lys
195 200 205

Asp Tyr Ser Phe Ala Cys Gly Gln Thr Asn Pro Ile Val Trp Ala Leu
210 215 220

Lys Asp Ser Asn Asp Tyr Ala Val Gly Ile Thr Leu Asn Asn Val Gln
225 230 235 240

Phe Gln Pro Phe Asn Ala Thr Tyr Thr Ala Gly Gly Lys Glu Ala Asp
245 250 255

Arg Leu Lys Phe Gly Trp Lys Val Asn Asp Cys Gln Gly Leu Phe Ser
260 265 270

Ile Gly Thr Trp Met Gly Leu Val Val Ala Thr Leu Leu Ile Gly Val
275 280 285

Leu Phe Phe Gly Phe Leu Met Leu Asn Ser Val Gln Thr Met Asp Arg
290 295 300

Phe Asp Asp Pro Lys Gln Lys Gln Leu Ile Ile Ser Ser Lys Glu
305 310 315

ES 2 479 090 T3

5 <210> 1749

<400> 1727
000

<210> 1750

<400> 1750
000

<210> 1751

<211> 426

<212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1330; Secuencia codificante = SecID_1548

<400> 1751

20

```

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Thr Asp Ser Ala Asp Pro Leu Tyr Trp
 1                               5                               10           15
Leu Arg Val Ile Met Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu Leu Gly
 20                               25                               30
Ile Ser Pro Ile Val Thr Ser Gly Leu Ile Met Gln Leu Leu Ala Gly
 35                               40                               45
Ala Lys Ile Ile Glu Val Gly Asp Thr Pro Lys Glu Arg Ala Leu Phe
 50                               55                               60
Asn Gly Ala Gln Lys Leu Phe Gly Met Val Ile Thr Ile Gly Gln Ala
 65                               70                               75           80
Ile Val Tyr Val Ala Ser Gly Met Tyr Gly Asn Pro His Glu Ile Gly
 85                               90                               95
Ala Gly Ile Cys Leu Leu Ile Val Ile Gln Leu Val Val Ala Gly Leu
 100                              105                              110
Ile Val Leu Leu Leu Asp Glu Leu Leu Gln Lys Gly Tyr Gly Leu Gly
 115                              120                              125
Ser Gly Ile Ser Leu Phe Ile Ala Thr Asn Ile Cys Glu Thr Ile Val
 130                              135                              140
Trp Lys Ala Phe Ser Pro Ala Thr Met Asn Thr Gly Arg Gly Thr Glu
 145                              150                              155           160
Phe Glu Gly Ala Ile Ile Ala Leu Phe His Leu Leu Ala Thr Arg Asn
 165                              170                              175
Asp Lys Val Arg Ala Leu Arg Glu Ala Phe Tyr Arg Gln Asn Leu Pro
 180                              185                              190
Asn Leu Met Asn Leu Leu Ala Thr Val Leu Val Phe Ala Val Val Ile
 195                              200                              205

```

Tyr Phe Gln Gly Phe Arg Val Asp Leu Pro Ile Lys Ser Ala Arg Tyr
 210 215 220
 Arg Gly Gln His Ser Ser Tyr Pro Ile Lys Leu Phe Tyr Thr Ser Asn
 225 230 235 240
 Ile Pro Ile Ile Leu Gln Ser Ala Leu Val Ser Asn Leu Tyr Val Ile
 245 250 255
 Ser Gln Met Leu Ala Ala Lys Phe Gly Gly Asn Ile Leu Val Asn Leu
 260 265 270
 Leu Gly Thr Trp Ser Asp Ser Ser Gly Thr Tyr Arg Ser Phe Pro Thr
 275 280 285
 Gly Gly Ile Cys Tyr Tyr Leu Ser Pro Pro Glu Ser Leu Ser His Ile
 290 295 300
 Leu Glu Asp Pro Ile His Cys Ile Ile Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly
 305 310 315 320
 Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys Thr Trp Ile Asp Val Ser Gly Ser Ser
 325 330 335
 Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln Leu Lys Glu Gln Gln Met Ile Met Arg
 340 345 350
 Gly His Arg Glu Lys Ser Met Ile His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro
 355 360 365
 Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Thr
 370 375 380
 Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala
 385 390 395 400
 Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Gln
 405 410 415
 Glu Met Gly Gly Val Ala Gly Leu Phe Phe
 420 425

<210> 1752
 5 <400> 1752
 000
 <210> 1753
 10 <400> 1753
 000
 <210> 1754
 15 <400> 1754
 000
 <210> 1755
 20 <400> 1755
 000
 <210> 1756

	<400> 1756 000
5	<210> 1757 <400> 1757 000
10	<210> 1758 <400> 1758 000
15	<210> 1759 <400> 1759 000
20	<210> 1760 <400> 1760 000
25	<210> 1761 <400> 1761 000
30	<210> 1762 <400> 1762 000
35	<210> 1763 <400> 1763 000
40	<210> 1764 <400> 1764 000
45	<210> 1765 <400> 1765 000
50	<210> 1766 <400> 1766 000
55	<210> 1767 <400> 1767 000
60	<210> 1768 <400> 1768 000
65	<210> 1769 <400> 1769

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1770
5 <400> 1770
000
<210> 1771
10 <400> 1771
000
<210> 1772
15 <400> 1772
000
<210> 1773
20 <400> 1773
000
<210> 1774
25 <400> 1774
000
<210> 1775
30 <400> 1775
000
<210> 1776
35 <400> 1776
000
<210> 1777
40 <400> 1777
000
<210> 1778
45 <400> 1778
000
<210> 1779
50 <400> 1779
000
<210> 1780
55 <400> 1780
000
<210> 1781
60 <400> 1781
000
<210> 1782
65 <400> 1782
000

<210> 1783
<400> 1783
000
5
<210> 1784
<400> 1784
000
10
<210> 1785
<400> 1785
000
15
<210> 1786
<400> 1786
000
20
<210> 1787
<400> 1787
000
25
<210> 1788
<400> 1788
000
30
<210> 1789
<400> 1789
000
35
<210> 1790
<400> 1790
000
40
<210> 1791
<400> 1791
000
45
<210> 1792
<400> 1792
000
50
<210> 1793
<400> 1793
000
55
<210> 1794
<400> 1794
000
60
<210> 1795
<400> 1795
000
65
<210> 1796

ES 2 479 090 T3

	<400> 1796 000
5	<210> 1797 <400> 1797 000
10	<210> 1798 <400> 1798 000
15	<210> 1799 <400> 1799 000
20	<210> 1800 <400> 1800 000
25	<210> 1801 <400> 1801 000
30	<210> 1802 <400> 1802 000
35	<210> 1803 <400> 1803 000
40	<210> 1804 <400> 1804 000
45	<210> 1805 <400> 1805 000
50	<210> 1806 <400> 1806 000
55	<210> 1807 <400> 1807 000
60	<210> 1808 <400> 1808 000
65	<210> 1809 <400> 1809

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1810
5 <400> 1810
000
<210> 1811
10 <400> 1811
000
<210> 1812
15 <400> 1812
000
<210> 1813
20 <400> 1813
000
<210> 1814
25 <400> 1814
000
<210> 1815
30 <400> 1815
000
<210> 1816
35 <400> 1816
000
<210> 1817
40 <400> 1817
000
<210> 1818
45 <400> 1818
000
<210> 1819
50 <400> 1819
000
<210> 1820
55 <400> 1820
000
<210> 1821
60 <400> 1821
000
<210> 1822
65 <400> 1822
000

5 <210> 1823
<400> 1823
000
<210> 1824
<400> 1824
000
10 <210> 1825
<400> 1825
000
15 <210> 1826
<400> 1826
000
20 <210> 1827
<400> 1827
000
25 <210> 1828
<400> 1828
000
30 <210> 1829
<400> 1829
000
35 <210> 1830
<400> 1830
000
40 <210> 1831
<400> 1831
000
45 <210> 1832
<400> 1832
000
50 <210> 1833
<400> 1833
000
55 <210> 1834
<400> 1834
000
60 <210> 1835
<400> 1835
000
65 <210> 1836

	<400> 1836 000
5	<210> 1837 <400> 1837 000
10	<210> 1838 <400> 1838 000
15	<210> 1839 <400> 1839 000
20	<210> 1840 <400> 1840 000
25	<210> 1841 <400> 1841 000
30	<210> 1842 <400> 1842 000
35	<210> 1843 <400> 1843 000
40	<210> 1844 <400> 1844 000
45	<210> 1845 <400> 1845 000
50	<210> 1846 <400> 1846 000
55	<210> 1847 <400> 1847 000
60	<210> 1848 <400> 1848 000
65	<210> 1849 <400> 1849

ES 2 479 090 T3

000
<210> 1850
5 <400> 1850
000
<210> 1851
10 <400> 1851
000
<210> 1852
15 <400> 1852
000
<210> 1853
20 <400> 1853
000
<210> 1854
25 <400> 1854
000
<210> 1855
30 <400> 1855
000
<210> 1856
35 <400> 1856
000
<210> 1857
40 <400> 1857
000
<210> 1858
45 <400> 1858
000
<210> 1859
50 <400> 1859
000
<210> 1860
55 <400> 1860
000
<210> 1861
60 <400> 1861
000
<210> 1862
65 <400> 1862
000

	<210> 1863
	<400> 1863 000
5	<210> 1864
	<400> 1864 000
10	<210> 1865
	<400> 1865 000
15	<210> 1866
	<400> 1866 000
20	<210> 1867
	<400> 1867 000
25	<210> 1868
	<400> 1868 000
30	<210> 1869
	<400> 1869 000
35	<210> 1870
	<400> 1870 000
40	<210> 1871
	<400> 1871 000
45	<210> 1872
	<400> 1872 000
50	<210> 1873
	<400> 1873 000
55	<210> 1874
	<400> 1874 000
60	<210> 1875
	<400> 1875 000
65	<210> 1876

ES 2 479 090 T3

	<400> 1876 000
5	<210> 1877 <400> 1877 000
10	<210> 1878 <400> 1878 000
15	<210> 1879 <400> 1879 000
20	<210> 1880 <400> 1880 000
25	<210> 1881 <400> 1881 000
30	<210> 1882 <400> 1882 000
35	<210> 1883 <400> 1883 000
40	<210> 1884 <400> 1884 000
45	<210> 1885 <400> 1885 000
50	<210> 1886 <400> 1886 000
55	<210> 1887 <400> 1887 000
60	<210> 1888 <400> 1888 000
65	<210> 1889 <211> 273 <212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1304; Secuencia codificante = SecID_1487

5

<400> 1889

```

Thr Arg Arg Glu Tyr Leu Pro Lys Val Leu Gly Ser Ser Phe Ala Ala
1      5      10      15

Thr Ile Gly Pro Tyr Arg Gly Tyr Asp Pro Asn Ile Asp Pro Thr Val
      20      25      30

Ala Asn Glu Phe Thr Ser Gln Ala Tyr Arg Phe Gly His Gly Met Ile
      35      40      45

Gln Glu Phe Tyr Pro Arg Leu Asp Ser Ala Gly Arg Thr Ile Pro Ser
      50      55      60

Gly Gly Phe Ala Phe Val Asp Gly Thr Leu His Ser Asp His Phe Ile
65      70      75      80

Phe Gln Gly Gly Pro Asp Pro Ile Ile Arg Gly Met Met Ser Gln Gln
      85      90      95

Leu Lys Arg Pro Gln Arg Leu Thr Arg Thr Ile Thr Glu Gln Met Phe
      100     105     110

Gly Thr Thr Asp Leu Gly Thr Ile Asn Ile Gln Arg Gly Arg Asp His
      115     120     125

Gly Val Pro Ser Tyr Met Arg Phe Arg Gln Leu Cys Gly Leu Ser Thr
      130     135     140

Ala Thr Thr Phe Asp Gln Leu Ser Arg Glu Ile Met Ser Val Glu Ala
145      150      155      160

Arg Gln Asn Leu Gln Arg Ile Tyr Gly Thr Pro Asp Arg Ile Asp Leu
      165     170     175

Phe Val Gly Gly Met Leu Glu Asp Pro Val Val Arg Gly Leu Val Gly
      180     185     190

Pro Thr Val Ala Cys Ile Ile Gly Pro Gln Phe Ala Arg Thr Arg Asp
      195     200     205

Gly Asp Arg Phe Tyr Phe Glu Asn Pro Gly Ile Phe Thr Arg Ala Gln
      210     215     220

Leu Ala Glu Ile Arg Arg Ser Ser Leu Ala Arg Val Ile Cys Asp Asn
      225     230     235     240

Gly Asp Asp Phe Arg Thr Val Pro Arg Glu Ala Phe Arg Thr Gly Pro
      245     250     255

Ile Val Gln Cys Thr Glu Ile Pro Gln Met Asp Leu Ser Lys Trp Lys
      260     265     270

Glu
    
```


	<210> 1890
	<400> 1890 000
5	<210> 1891
	<400> 1891 000
10	<210> 1892
	<400> 1892 000
15	<210> 1893
	<400> 1893 000
20	<210> 1894
	<400> 1894 000
25	<210> 1895
	<400> 1895 000
30	<210> 1896
	<400> 1896 000
35	<210> 1897
	<400> 1897 000
40	<210> 1898
	<400> 1898 000
45	<210> 1899
	<400> 1899 000
50	<210> 1900
	<400> 1900 000
55	<210> 1901
	<400> 1901 000
60	<210> 1902
	<400> 1902 000
65	<210> 1903

<400> 1903
000

5 <210> 1904

<400> 1904
000

10 <210> 1905

<400> 1905
000

15 <210> 1906
<211> 353
<212> PRT
<213> *Heterodera glycines*

20 <220>
<221> misc_feature <222> (262)..(262)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>
25 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1312; Secuencia codificante = SecID_1533

<400> 1906

ES 2 479 090 T3

Gly Ala Phe Gly Cys Gly Lys Thr Val Ile Ser Gln Ser Leu Ser Lys
 1 5 10 15
 Tyr Ser Asn Ser Asp Ala Ile Ile Tyr Val Gly Cys Gly Glu Arg Gly
 20 25 30
 Asn Glu Met Ser Glu Val Leu Arg Asp Phe Pro Glu Leu Thr Met Glu
 35 40 45
 Val Asp Gly Val Thr Thr Ser Ile Met Glu Arg Thr Ala Leu Val Ala
 50 55 60
 Asn Thr Ser Asn Met Pro Val Ala Ala Arg Glu Ala Ser Ile Tyr Thr
 65 70 75 80
 Gly Ile Thr Leu Ala Glu Tyr Phe Arg Asp Met Gly Leu Asn Val Ala
 85 90 95
 Met Met Ala Asp Ser Thr Ser Arg Trp Ala Glu Ala Leu Arg Glu Ile
 100 105 110
 Ser Gly Arg Leu Gly Glu Met Pro Ala Asp Ser Gly Tyr Pro Ala Tyr
 115 120 125
 Leu Ala Ala Arg Leu Ala Ser Phe Tyr Glu Arg Ala Gly Lys Val Lys
 130 135 140
 Cys Phe Gly Ser Pro Glu Arg Glu Gly Ser Val Thr Ile Val Gly Ala
 145 150 155 160
 Val Ser Pro Pro Gly Gly Asp Phe Ala Asp Pro Val Thr Ser Ala Thr
 165 170 175
 Leu Gly Ile Val Gln Val Phe Trp Gly Leu Asp Lys Lys Leu Ala Gln
 180 185 190
 Arg Lys His Phe Pro Ser Ile Asn Trp Leu Ile Ser Tyr Ser Lys Tyr
 195 200 205
 Met Arg Ala Leu Asp Asp Tyr Tyr Glu Lys Asn Phe Ala Glu Phe Val

<400> 1914
000

5 <210> 1915

<400> 1915
000

10 <210> 1916

<400> 1916
000

15 <210> 1917

<400> 1917
000

20 <210> 1918

<400> 1918
000

25 <210> 1919

<400> 1919
000

30 <210> 1920
<211> 2335
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

35 <220>
<223> Secuencia codificante = SecID_1925; coordenadas = 5-2335

<220>
<223> Secuencia peptídica = SecID_1930

40 <400> 1920

ES 2 479 090 T3

gaatatggca atgatggctg aggcaaatgg agagacccca ctggtgaatg gtggtgacct 60
 aatggactcg aattcaagtc aagaagggtc ctccattggc acgggcaccg aaaacggatt 120
 gtccaattcc tcatctgaag ctgctgttat taacaatgag caccagcaaa atggtgggaa 180
 caatgttcct gcaccaaaaag gaggacaaaag tgaggggacc gacttggaca atgttccatg 240
 gggcgaacgg atacgcgaca ccacggggaa acgaaaagaa gaaaccagca atgagaagaa 300
 aaaggggaaa aaagctgagg aagtatgcc gaaaagtcg aaggaatcga cctcaaaaag 360
 tcgaaaaaag aacgaaagca gcggagagga agaagacttt gacgacgact ccgacgggga 420
 agaggaggaa tatcagccaa agaaaaagaa acaaaagtcg gaccatccc cggcgaagaa 480
 aagcgacagc aaaaagtcaa cgaaaaaac aaaagttacc aaggtggagg tcaaggaaga 540
 gagcggcctc ggggttgagc acaagaaacg gaagacaacg aaagttgaag tgaaggaaga 600
 gccctcctct tcccaggaa gtccgtcaa gaaacgtgtg aagaaacagg aggaagaaga 660
 ggaagtgtgg cgctggtggg aggaggacga gtcgaacgcg ggccctccg atgggtccat 720
 caaatggcaa acgcttgtcc acaagggcc cgtctttgca ccggcctatg tgccattgcc 780
 aaaacacatc aagttcaaat acgacggaaa ggagatggat ttgtctttgc cggccgaaga 840
 agtggcttcc ttttacgca aatgctcga ccacgactac acgtcaaac cgggtgtcaa 900
 ccagaacttt ttcaaggatt gggtaaagt gatgacaaag gcggagcag ccgaaattaa 960
 agatttgcc aatgcgatt ttaggcaaat gcacgctttt tacgtgtcgg agtcggagaa 1020
 gcgcaaagcg cgcagcaaag aggagaaaaa ggcggagaaa gaggagaagg aaggcaggcc 1080
 aaaggtgtac gggttcgcca tgttgacgg atacaacag aaaattggca acttccgaat 1140
 agaaccgcc ggactattca ggggagagg tgaccatcca aagatgggtt ctctgaagaa 1200
 acgggtccag ccggaggatg tggcatcaa ctgctcaaga ggactgaaga ttatccgcc 1260
 ggaggggcac aatggaagg aatccgtca tgataacact gtcacttggc tgtgttcatg 1320
 gaccgaaaat gtgttggca gcaacaagta cataatgctg aatccgtcca gcaaactcaa 1380
 aggccaaaag gattgggaga agtttgagaa ggcgagaaag ttaaaggac atgtcggta 1440
 aatccgccag cagtacctcg ccgacttaa gtctaaggaa atgcgtatcc gtcagcgtgc 1500
 cgtggcacta tttttatcg acaaatggc acttcgtgcg ggcaatgaaa aagacaccga 1560
 cgaagcggcc gacacggtcg gttgtgctc gttgcgttgt gagcacatca aattgcacga 1620
 tgatatggac gacctgaagt atgtgtgga attcgacttc ctcggcaaag actccatccg 1680
 ctattacaac cgtgtgccgg tggaaaagca agtgttcaa aatctgaagc tttttatgga 1740
 ggagaaagac ccgggggacg atttgtcga ccgattggat acgagttcgt tgaaccaata 1800
 cctgaaggaa ctgatggacg gactgaccgc gaaagtgtt cgtacgtata acgcgtcgat 1860

ES 2 479 090 T3

```

cactctccaa gaacagctgg acaaactgac aaatccttcc gattccgtcc acgagaaaat 1920
gctttcctac aatcgtgcaa atcgtcaggt ggccatcctt tgtaaccatc aaagggcagt 1980
gccaaaaacg cacgaaaagt cgatggaaaa tttggagaat aaaataaaag agaagaagca 2040
ggagtacaag gagttgaagg atcagctgaa gaagagcaaa tcggtggacg agaaaatggc 2100
aaaaaaatac gaaagattga aggaacagat cgccaaactg aacacacagc gcacggacaa 2160
ggatgaaaac aaacaaattg cactgggaac ctcaaaactg aactacttgg atccgaggat 2220
ttcggttgca tgggtgcaaaa agaatgacgt gcccggtgag aaaatattca gcaaaacgca 2280
acgcgacaaa ttccgctggg ctctcgacat ggcgaaggag gacttcattt tttga 2335

```

<210> 1921

<211> 1263

5

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia codificante = SecID_1926; coordenadas = 255-1214

10

<220>

<223> Secuencia peptídica = SecID_1931

15

<400> 1921

ES 2 479 090 T3

atggagtgca tgagaatggt gattgtccgt ctccgtggtg agtttgagaa acgcgtccgt 60
 ttccctccgtc cgtccgatgt ttgcattttc catcgaattg aatgaaaaat tccgcggatc 120
 tgctgagggg gcgctaaggc taacatttcg gggctcgattt gcgcgaccgc ttctcttcgg 180
 ctgtgcaaac ctgcctttct cccatcccaa ctttgccttt gcccaatccc tcatttgtcc 240
 ctaattatctt caaaatgcaa cggttcgctt ctcaaaagga aactatccat tccgtgccgg 300
 atgacgacga cactttggag gagccgcccc gactgccccca gggcaatcgc cgtcggttgg 360
 gcgtgtcggc ggaggtgccg gacgaaaatg aggcggccaa ttaccagcga gtggtcatcc 420
 cgaaagacga cgacgtgcaa aaggctttgc gagcggcgat gtgcaaaaat gtgctgtttg 480
 cgcatattgga cttggacgag gaaaaggcca ttttcgacgc catgtttccg gtggagaaac 540
 acctcgggga gacaatcatt gagcaggggtg aagagggcga caatttttat gtgattgaca 600
 gtggcgaggt cgatgtgttc gtcaatggcg agttcgtggt gagcattaag gagggagggt 660
 catttggcga gttggcactg atttatggca ctccgcgcgc agccaccgta gtcgcgaaga 720
 cgaacacggt caaactgtgg gssatcgacc gcatcactta ccgcgccatt cttatggggt 780
 cgacgatgcg aaagcggaaa atgtacgacg aattcctgag caaagttcag actcttgccg 840
 acttagacaa atgggaaagg gccaatgtgg cggatgcggt ggaacagtgc caattcccct 900
 cgggcaccca cgtggtggag caaggacatc ctggggacga attcttcatc attgtggagg 960
 gcgaagctga ggtgctgcag agaccgaacg acgacgogcc cttcgaagtg gtcggaaaat 1020
 tgggaccctc tgactatttc ggggaaatcg ccctccttct cgatcgccct cgtgccgcca 1080
 ccgtcgtggc caaaactctg ctgaaatgtc tgaattgga ccgggcacga tttgagcgcg 1140
 tgatgggtcc ggtgcgtgag attctcaagc gcgacgtgtc caattacaat tcgtacgtga 1200
 agctgatgac ttgacgagcc ggcagatctt tggcggccaa agaattgatc gccgatcact 1260
 cta 1263

<210> 1922

5 <400> 1922
000

10 <210> 1923
<211> 3557
<212> ADN
<213> *Heterodera glycines*

15 <220>
<223> Secuencia codificante = SecID_1928; coordenadas = 263-3433

<220>
<223> Secuencia peptidica = SecID_1933

20 <400> 1923

ES 2 479 090 T3

aaatTTTTcg ttgactgatt ttgtaataaa aagaacacaa taaagtggtt tttgctcaca	60
ttccaattct ttcttttagt ytgctccggt gaatTTTTat tctcatttat tggcgggtgg	120
caatagccyt acaattagag ccgaatatta gccgtttgat tgaataacat tccggagttat	180
tttgatgatt tttgacccaa taattgctcg gatgcaattg gccactgaaa attagattcg	240
TTTTttccat ttccagtggT ttatgcagtc atctgacctt attattgagg aaccagcaac	300
gaaaaaggca aaaatcatct gtgaactgcc gaactccgag gcatcagaaa acgcaccaaa	360
gagtaacgga gaacaaatgg cggccatcga caccaatttg tactctcggc agatttatgc	420
gcttggacat tccgccatgg aacacttgcg caaggcgtcg gttctcgtca gtggcctcgg	480
ctccgtgggc gtggaggtgg cgaagaatct gatccttggc ggtgttcgct cggtgactct	540
tcacgacaca aaagcgttgg cgttcaaaga tttgtcggcg catttctacg ccaaggaaaag	600
cgacgtggga acgaaccgtg ccaaagtttg cttcgacaaa ttggcggagc tcaacgacac	660
tgtgaactgt gcattgtctg tggaaaatct gtcggaggat ttcgtcaaac aattcgactt	720
ggtcgttctc accgacgcgt ccttttccac tcagacggaa gtgaacggtt ggatgcgcaa	780
ccatcgcaaa atgttcatct cggcagacgc gcgcgactt ttttcttatg catttgtgga	840
cttgggcgac gaattcgttg tgaacgattc cgacggggag acgtgcaaag aggtgctcgt	900
tgagtacatc gactgcgaaa gcggcgacat gacgacactc gaaggcgcac ttcaccagtt	960
ggaggacggg gaccacgttg tgttcaccga ctttgagcac gccgaactga acgaacttcc	1020
accagtcca gtcactttga agggaagcaa agtcttcaac attggaatg ctctcgcggc	1080

ES 2 479 090 T3

cttttctggc gcagttcaag gccccgttcc gcgtggacgt gttcagcaag tcaaagtgcc 1140
 caagaaaatg tccttcaagc cattgtctct cgcactcgcc gagcccgact ttatgatttg 1200
 ggactttgcc aagttcgacg aacctgcgca acttcacgcc ctttggcagc ctttgtacag 1260
 ttttgaggag atgaaaaact acagcccttt gccccgttcc gatgccgacg caaaattggt 1320
 aaaggaaatg ctgccaaaag atgcgcccga aatgccggac tcaactgctct tcaacttctc 1380
 ttaccaggcg tgtggaatc tccaacccat cgcttcgctc atcggcgggt tggtaggcca 1440
 agaggcgatg aaggcagtga cgcaccacac gactcccctc aagcagtttc tgtacaccga 1500
 ttctcttgag gcgttgccgg gcgcagatc gacctttgac gccgccaagt tggagaagaa 1560
 cgatttgca ccgcgcaaca atcgctacga cggacaggcg gccgttttcg ggtgggcctt 1620
 tcaggaggcg ctgcagcaac agaaatggtt cattgttggc gccggagcga ttggctgtga 1680
 gctgctgaag aacatggoga tgatgggctt gggctgtggc aacaatggct cgctgacct 1740
 caccgacccc gacaccatcg aagtgtccaa tttgaaccgc cagtttctgt ttcgctgctc 1800
 tgatgttggg aaaaagaagt ccgaagtgcg cgcctgttcc gtcaaagcgt ttaactcgac 1860
 cattcacatc aatccgatgt ctgagatcgt cgccgagtcg accgagcaca tcttcggcga 1920
 cgacttcttc gccgctctga acggcgtctg taatgcgctg gacaatgtcg aagcacgccg 1980
 ttacgttgac cgccgctgcg tgtactatca gcttccgctg ctcgagtcgg gcacaatggg 2040
 cgcaaagggc aacacgcaag tggttctccc gcaactgacg gagtcttacg gctccacgtc 2100
 cgaccggccc gagaaggaga cgcctatctg cacgctgcgc aatttcccct accaaatcca 2160
 tcacaccatt caatgggccc gagcgaagtt caccgactat ttcacttcgg ttgaggagac 2220
 ggtcaaccaa tacttggaac atgtgaacga ctttttgac cgagtgaacc aaatgacttt 2280
 ttctcagcgg atcgaagtgc tcagtagcct tgagcatgcg ttggctgctg aatacccaaa 2340
 aaatgcggaa gaatgtgtga gttgggcccg tgaactatc gacacgcttt accacaacga 2400
 cattgcccga atgctgcaca atttcccctc cagcatgctt actgcccgaag gcgacaat 2460
 ttggagtgga accaaacgct gtccgcacac tttgaacttc gacgttaaca accctgaaca 2520
 cttcgagtcc gtcttctccg ctccatttt gcgtgcccaa tcttacagtt tggctccgat 2580
 cactgaccgc aaaaagtgg cacaattggc catggcgtac tgctccaagc cgttgagacc 2640
 acaagagggg gtgcgcatcg ctgtgaccga cgcggaggcg acggccaatg atggaacac 2700
 agcaaatggc gatgcagacg aaactgaact tcggctgaac gatctgaacg tgaatattggc 2760
 caggctgaag ttggagaaca ttcgcccgat gacgcccatt gactttgaga aggacgacga 2820
 ctccaaccac cacgtcgact tcgtgacgag tgccctccaat ttgagagccg ataattacga 2880
 catcgaaaag gctgatcgga tgaaaacaaa acaaatgctg ggcaaatca tcccggcgtt 2940
 ggccaccaca actgcgctcg tctcagggct cgtctgcatc gaactctaca aaaccattga 3000
 ggcggacgga aagcgtcga cgactccgat cgaacacttc aaaaatgcat ttatcaactt 3060

ES 2 479 090 T3

ggctacgcct ttcattgcgt tcagcgagcc gggcaaagcg cagaagaaga agtacctoga 3120
 cattgacttc actccttggg accgtttcga agttgacgga ccgatgacat tggggcaatt 3180
 gattgattcg gttgagagta agagtggcct caccgtttca atgatttctt ccggcgtctc 3240
 ccttttgtat gcgttccttc agcccgcaaa aaaagttgcc gagcgcaagg acatggatct 3300
 tattgcggtt ttcgaggaag tgtctcgtgg caaagtgccg gaccatcgcc gagcgatcgt 3360
 tcttgaggcg ttgaccacaga atgaggaaaa cgaagacggt gatatcccat tcattaaata 3420
 taatttcctt taaatcattg tttgagtacg ccggtatatt ggatattggt gtgtccatat 3480
 aagtgattgt ctgttccttc gttctcgaaa taataaactc agtcagctaa aaaaaaaaaa 3540
 aaaaaaaaaa aaaaaaa 3557

<210> 1924

5 <400> 1924
000

<210> 1925

<211> 2331

10 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

15 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1920; Secuencia peptídica = SecID_1930

<400> 1925

atggcaatga tggctgaggg aatggagag accccactgt tgaatggtgg tgacctaatg 60
 gactcgaatt caagtcaaga agggtcctcc attggcacgg gcaccgaaaa cggattgtcc 120
 aattcctcat ctgaagctgc tgttattaac aatgagcacc agcaaatgg tgggaacaat 180
 gttcctgcac caaaaggagg acaaagtgag gggaccgact tggacaatgt tccatggggc 240
 gaacggatac gcgacaccac ggggaaacga aaagaagaaa ccagcaatga gaagaaaaag 300
 gggaaaaaag ctgaggaagt tatgccgaaa aagtcgaagg aatcgacctc aaaaagtcga 360
 aaaaagaacg aaagcagcgg agaggaagaa gactttgacg acgactccga cggggaagag 420
 gaggaatatic agccaagaa aaagaacaa aagtcggacc catccccggc gaagaaaagc 480
 gacagcaaaa agtcaacgaa aacaacaaaa gttaccaagg tggaggtcaa ggaagagagc 540
 ggcgctgggg ttgagcacia gaaacggaag acaacgaaag ttgaagtga ggaagagccc 600
 tcctcttccc agggaagtcc gtccaagaaa cgtgtgaaga aacaggagga agaagaggaa 660
 gtgtggcgct ggtgggagga ggacgagtcg aacgcgggcg cctccgatgg gtccatcaaa 720
 tggcaaacgc ttgtccacia agggcccgtc tttgcaccgg cctatgtgcc attgccaaaa 780
 cacatcaagt tcaaatcga cggaaaggag atggatttgt ctttgccggc cgaagaagtg 840
 gcttcctttt acgcgaaaat gctcgaccac gactacacgt caaaaccggt gttcaaccag 900

ES 2 479 090 T3

aactttttca aggattgggt caaagtgatg acaaaggcgg agcgagccga aattaaagat 960
 ttggccaaat gcgatttttag gcaaatgcac gctttttacg tgtcggagtc ggagaagcgc 1020
 aaagcgcgca gcaaagagga gaaaaaggcg gagaaagagg agaaggaagg cgaggcaaaag 1080
 gtgtacgggt tcgccatggt ggacggatac aaacagaaaa ttggcaactt ccgaatagaa 1140
 ccgccgggac tattcagggg gagaggtgac catccaaaga tgggttctct gaagaaacgg 1200
 gtccagccgg aggatgtggt catcaactgc tcaagaggac tgaagattat gccgccggag 1260
 gggcacaaat ggaaggaat ccgtcatgat aacactgtca cttggctgtg ttcattggacc 1320
 gaaaatgtgt tgggcagcaa caagtacata atgctgaatc cgtccagcaa actcaaaggc 1380
 caaaaggatt gggagaagtt tgagaaggcg agaaagttaa aaggacatgt cggcacaatc 1440
 cgccagcagt acctcgccga ctttaagtct aaggaaatgc gtatccgtca gcgtgccgtg 1500
 gcactatatt ttatcgacaa attggcactt cgtgcccggca atgaaaaaga caccgacgaa 1560
 gcggccgaca cggtcggttg ttgctcgttg cgttgtgagc acatcaaatt gcacgatgat 1620
 atggacgacc tgaagtatgt tgtggaatc gacttcctcg gcaaagactc catccgctat 1680
 tacaaccgtg tgccggtgga aaagcaagtg ttcaaaaatc tgaagctttt tatggaggag 1740
 aaagaccggg gggacgattt gttcgaccga ttggatacga gttcgttgaa ccaatacctg 1800
 aaggaactga tggacggact gaccgcgaaa gtgtttcgtc cgtataacgc gtcgatcact 1860
 ctccaagaac agctggacaa actgacaaat ccttccgatt ccgtccacga gaaaatgctt 1920
 tcctacaatc gtgcaaatcg tcaggtggcc atcctttgta accatcaaag ggcagtgcca 1980
 aaaaacgcag aaaagtcgat ggaaaatttg gagaataaaa taaaagagaa gaagcaggag 2040
 tacaaggagt tgaaggatca gctgaagaag agcaaactcg tggacgagaa aatggcaaaa 2100
 aaatacgaag gattgaagga acagatcgcc aaactgaaca cacagcgcac ggacaaggat 2160
 gaaaacaaac aaattgcact gggaacctca aaactgaact acttggatcc gaggatttcg 2220
 gttgcatggt gcaaaaagaa tgacgtgccc gttgagaaaa tattcagcaa aacgcaacgc 2280
 gacaaattcc gctgggctct cgacatggcg aaggaggact tcattttttg a 2331

<210> 1926

<211> 960

5 <212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1921; Secuencia peptídica = SecID_1931

10

<400> 1926

ES 2 479 090 T3

atgcaacggt tcgctttctca aaaggaaact atccattccg tgccggatga cgacgacact 60
 ttggaggagc cgccccgact gccccagggc aatcgccgtc ggttgggctg gtcggcggag 120
 gtgcccggacg aaaatgaggc ggccaattac cagcagagtgg tcatcccga agacgacgac 180
 gtgcaaaaagg ctttgogagc ggcgatgtgc aaaaatgtgc tgtttgcgca tttggacttg 240
 gacgaggaaa aggccatttt cgacgccatg tttccggtgg agaaacacct cggggagaca 300
 atcattgagc agggtgaaga gggcgacaat ttttatgtga ttgacagtgg cgaggtcgat 360
 gtgttcgtca atggcgagtt cgtgttgagc attaaggagg gaggttcatt tggcgagttg 420
 gcactgattt atggcactcc gcgcgcagcc accgtagtcg cgaagacgaa cacggtcaaa 480
 ctgtgggssa tcgaccgat cacttaccgc gccattetta tggggtcgac gatgcgaaa 540
 cggaaaatgt acgacgaatt cctgagcaaa gttcagactc ttgccgactt agacaaatgg 600
 gaaagggcca atgtggcggg tgcgttgga cagtgcgaat tcccctcggg caccacgctg 660
 gtggagcaag gacatcctgg ggacgaattc tcatcattg tggagggcga agctgaggtg 720
 ctgcagagac cgaacgacga cgcgccttc gaagtgtcg gaaaattggg accctctgac 780
 tatttcgggg aaatgcctt ccttctgat cgccctcgtg ccgccaccgt cgtggccaaa 840
 actctgctga aatgtctgaa attggaccgg gcacgatttg agcgcgtgat gggccgggtg 900
 cgtgagattc tcaagcgcga cgtgtccaat tacaattcgt acgtgaagct gatgacttga 960

<210> 1927

5 <400> 1927
000

<210> 1928

10 <211> 3171

<212> ADN

<213> *Heterodera glycines*

<220>

15 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1923; Secuencia peptídica = SecID_1933

<400> 1928

ES 2 479 090 T3

atgcagtcac ctgaccttat tattgaggaa ccagcaacga aaaaggcaaa aatcatctgt 60
 gaactgccga actccgaggc atcagaaaac gcaccaaaga gtaacggaga acaaattggcg 120
 gccatcgaca ccaatttgta ctctcggcag atttatgcgc ttggacattc cgccatggaa 180
 cacttgcgca aggcgtcggc tctcgtcagt ggcctcggct ccgtgggcgt ggaggtggcg 240
 aagaatctga tccttggcgg tgttcgctcg gtgactcttc acgacacaaa agcgttggcg 300
 ttcaaagatt tgcggcgca tttctacgcc aaggaaagcg acgtgggaac gaaccgtgcc 360
 aaagtttgc tgcacaaatt ggcggagctc aacgacactg tgaactgtgc attgtctgtg 420
 gaaaatctgt cggaggattt cgtcaacaa ttcgacttgg tcgttctcac cgacgcgtcc 480
 tttccactc agacggaagt gaacggttgg atgcgcaacc atcgcaaaat gttcatctcg 540
 gcagacgcgc gcggactttt ttcttatgca tttgtggact tgggcgacga attcgttgtg 600
 aacgattccg acggggagac gtgcaaagag gtgctcgttg agtacatcga ctgcgaaagc 660

ES 2 479 090 T3

ggcgacatga cgacactcga aggcgcattt caccagttgg aggacgggga ccacgttggtg 720
 ttcaccgact ttgagcacgc cgaactgaac gaacttccac cagtgccagt cactttgaag 780
 ggaagcaaag tcttcaacat tggaaatgct ctgcgcgctt tttctggcgc agttcaaggc 840
 cccgtttcgc gtggacgtgt tcagcaagtc aaagtgccca agaaaatgtc cttcaagcca 900
 ttgtctctcg cactcgcoga gcccgacttt atgatttggg actttgcaa gttcgcagaa 960
 cctgcgcaac ttcacgccct ttggcaggct ttgtacagtt ttgaggagat gaaaaactac 1020
 agccctttgc cccgttcoga tgcgcagcga aaattgttaa aggaaatgct gccaaaagat 1080
 gcgcccgaag tgccggactc actgctcttc aacttctctt accaggcgtg tggaaatctc 1140
 caaccatcg ctctcctcat cggcgggttg gtggcccaag aggcgatgaa ggcagtgacg 1200
 caccacacga ctcccctcaa gcagtttctg tacaccgatt ctcttgaggc gttgccgggc 1260
 gcagattcga cctttgacgc cgccaagttg gagaagaacg attgtgcacc gcgcaacaat 1320
 cgctacgacg gacaggcggc cgttttcggg tgggcctttc aggaggcgtc gcagcaacag 1380
 aaatggttca ttgttggcgc cggagcgatt ggctgtgagc tgctgaagaa catggcgatg 1440
 atgggcttgg gctgtggcaa caatggctcg ctgaccatca ccgaccccga caccatcgaa 1500
 gtgtccaatt tgaaccgcca gtttctgttt cgtcgtcctg atgttgggaa aaagaagtcc 1560
 gaagtgcggc cccgttcogt caaagcgttt aactcgacca ttcacatcaa tccgatgtct 1620
 gagatcgtcg ccgagtcgac cgagcacatc ttcggcgacg acttcttcgc ccgtctgaac 1680
 ggcgtctgta atgcgctgga caatgtcgaa gcacgccgtt acgttgaccg ccgctcgtg 1740
 tactatcagc ttccgctgct cgagtcggc acaatgggcg caaagggcaa cacgcaagtg 1800
 gtcttcccgc acttgacgga gtcttacggc tccacgtccg acccgcccga gaaggagacg 1860
 cccatctgca cgctgcgcaa tttcccctac caaatccatc acaccattca atgggocgca 1920
 gcgaagttca ccgactattt cacttcggtt gcggagacgg tcaaccaata cttggacaat 1980
 gtgaacgact ttttgaccg agtgaaccaa atgacttttt ctgagcggat cgaagtgtc 2040
 agtacgcttg agcatgcgtt ggtcgtcgaa tacccaaaaa atgcggaaga atgtgtgagt 2100
 tgggcccgtg aactattcga cacgctttac cacaacgaca ttgcccaat gctgcacaat 2160
 ttcccttcca gcatgcttac tgcccaaggc gacaaatfff ggagtggaac caaacgctgt 2220
 ccgcacactt tgaactcoga cgtaacaac cctgaacact tcgagttcgt cttctccgct 2280
 tccattttgc gtgcccatac ttacagtttg gctccgatca ctgaccgcaa aaaagtggca 2340
 caattggcca tggcgtactg ctccaagccg ttgagaccac aagagggagt gcgcatcgt 2400
 gtgaccgacg ccgaggcgac ggccaatgat ggaaacacag caaatggcga tgcagacgaa 2460
 actgaacttc ggctgaacga tctgaacgtg aaattggcca ggctgaagt ggagaacatt 2520
 cgccgcatga cgccattga ctttgagaag gacgacgact ccaaccacca cgctcacttc 2580
 gtgacgagt cctccaatff gcgagccgat aattacgaca tcgaaaaggc tgatcggatg 2640

ES 2 479 090 T3

aaaacaaaac aaattgoggg caaaatcadc ccggcgttgg ccaccacaac tgcgctogtc 2700
 tcagggctcg tctgcatcga actctacaaa accattgagg cggacggaaa gcgctcgacg 2760
 actccgatcg aacacttcaa aaatgcattt atcaacttgg ctacgccttt cattgcgttc 2820
 agcggagccgg gcaaagcgca gaagaagaag tacctcgaca ttgacttcac tctttgggac 2880
 cgtttogaag ttgacggacc gatgacattg gggcaattga ttgattoggt tgagagtaag 2940
 agtggcctca ccgtttcaat gatttcttcc ggcgtctccc ttttgtatgc gttctttcag 3000
 cccgcaaaaa aagttgccga gcgcaaggac atggatotta ttgcggtttt cgaggaagtg 3060
 tctcgtggca aagtgccgga ccatcgccga gcgatcgttc ttgaggcgtt gaccagaat 3120
 gaggaaaacg aagacgttga tatccattc attaatata atttccgtta a 3171

<210> 1929

5 <400> 1929
000

<210> 1930

<211> 776

10 <212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1920; Secuencia codificante = SecID_1925

15 <400> 1930

ES 2 479 090 T3

Met Ala Met Met Ala Glu Ala Asn Gly Glu Thr Pro Leu Leu Asn Gly
 1 5 10 15

Gly Asp Leu Met Asp Ser Asn Ser Ser Gln Glu Gly Ser Ser Ile Gly
 20 25 30

Thr Gly Thr Glu Asn Gly Leu Ser Asn Ser Ser Ser Glu Ala Ala Val
 35 40 45

Ile Asn Asn Glu His Gln Gln Asn Gly Gly Asn Asn Val Pro Ala Pro
 50 55 60

Lys Gly Gly Gln Ser Glu Gly Thr Asp Leu Asp Asn Val Pro Trp Gly
 65 70 75 80

Glu Arg Ile Arg Asp Thr Thr Gly Lys Arg Lys Glu Glu Thr Ser Asn
 85 90 95

Glu Lys Lys Lys Gly Lys Lys Ala Glu Glu Val Met Pro Lys Lys Ser
 100 105 110

Lys Glu Ser Thr Ser Lys Ser Arg Lys Lys Asn Glu Ser Ser Gly Glu
 115 120 125

Glu Glu Asp Phe Asp Asp Asp Ser Asp Gly Glu Glu Glu Glu Tyr Gln
 130 135 140

Pro Lys Lys Lys Lys Gln Lys Ser Asp Pro Ser Pro Ala Lys Lys Ser

Gln Arg Ala Val Ala Leu Tyr Phe Ile Asp Lys Leu Ala Leu Arg Ala
 500 505 510

Gly Asn Glu Lys Asp Thr Asp Glu Ala Ala Asp Thr Val Gly Cys Cys
 515 520 525

Ser Leu Arg Cys Glu His Ile Lys Leu His Asp Asp Met Asp Asp Leu
 530 535 540

Lys Tyr Val Val Glu Phe Asp Phe Leu Gly Lys Asp Ser Ile Arg Tyr
 545 550 555 560

Tyr Asn Arg Val Pro Val Glu Lys Gln Val Phe Lys Asn Leu Lys Leu
 565 570 575

Phe Met Glu Glu Lys Asp Pro Gly Asp Asp Leu Phe Asp Arg Leu Asp
 580 585 590

Thr Ser Ser Leu Asn Gln Tyr Leu Lys Glu Leu Met Asp Gly Leu Thr
 595 600 605

Ala Lys Val Phe Arg Thr Tyr Asn Ala Ser Ile Thr Leu Gln Glu Gln
 610 615 620

Leu Asp Lys Leu Thr Asn Pro Ser Asp Ser Val His Glu Lys Met Leu
 625 630 635 640

Ser Tyr Asn Arg Ala Asn Arg Gln Val Ala Ile Leu Cys Asn His Gln
 645 650 655

Arg Ala Val Pro Lys Thr His Glu Lys Ser Met Glu Asn Leu Glu Asn
 660 665 670

Lys Ile Lys Glu Lys Lys Gln Glu Tyr Lys Glu Leu Lys Asp Gln Leu
 675 680 685

Lys Lys Ser Lys Ser Val Asp Glu Lys Met Ala Lys Lys Tyr Glu Arg
 690 695 700

Leu Lys Glu Gln Ile Ala Lys Leu Asn Thr Gln Arg Thr Asp Lys Asp
 705 710 715 720

Glu Asn Lys Gln Ile Ala Leu Gly Thr Ser Lys Leu Asn Tyr Leu Asp
 725 730 735

Pro Arg Ile Ser Val Ala Trp Cys Lys Lys Asn Asp Val Pro Val Glu
 740 745 750

Lys Ile Phe Ser Lys Thr Gln Arg Asp Lys Phe Arg Trp Ala Leu Asp
 755 760 765

Met Ala Lys Glu Asp Phe Ile Phe
 770 775

<210> 1931

<211> 319

5 <212> PRT

<213> *Heterodera glycines*

<220>

<223> Secuencia de ADNc = SecID_1921; Secuencia codificante = SecID_1926

10

<220>

<221 > misc_feature

<222> (163)..(163)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

15

<400> 1931

ES 2 479 090 T3

Met Gln Arg Phe Ala Ser Gln Lys Glu Thr Ile His Ser Val Pro Asp
1 5 10 15
Asp Asp Asp Thr Leu Glu Glu Pro Pro Arg Leu Pro Gln Gly Asn Arg
20 25 30
Arg Arg Leu Gly Val Ser Ala Glu Val Pro Asp Glu Asn Glu Ala Ala
35 40 45
Asn Tyr Gln Arg Val Val Ile Pro Lys Asp Asp Asp Val Gln Lys Ala
50 55 60
Leu Arg Ala Ala Met Cys Lys Asn Val Leu Phe Ala His Leu Asp Leu
65 70 75 80
Asp Glu Glu Lys Ala Ile Phe Asp Ala Met Phe Pro Val Glu Lys His
85 90 95
Leu Gly Glu Thr Ile Ile Glu Gln Gly Glu Glu Gly Asp Asn Phe Tyr
100 105 110
Val Ile Asp Ser Gly Glu Val Asp Val Phe Val Asn Gly Glu Phe Val
115 120 125
Leu Ser Ile Lys Glu Gly Gly Ser Phe Gly Glu Leu Ala Leu Ile Tyr
130 135 140
Gly Thr Pro Arg Ala Ala Thr Val Val Ala Lys Thr Asn Thr Val Lys
145 150 155 160
Leu Trp Xaa Ile Asp Arg Ile Thr Tyr Arg Ala Ile Leu Met Gly Ser
165 170 175
Thr Met Arg Lys Arg Lys Met Tyr Asp Glu Phe Leu Ser Lys Val Gln
180 185 190
Thr Leu Ala Asp Leu Asp Lys Trp Glu Arg Ala Asn Val Ala Asp Ala
195 200 205
Leu Glu Gln Cys Gln Phe Pro Ser Gly Thr His Val Val Glu Gln Gly
210 215 220
His Pro Gly Asp Glu Phe Phe Ile Ile Val Glu Gly Glu Ala Glu Val
225 230 235 240
Leu Gln Arg Pro Asn Asp Asp Ala Pro Phe Glu Val Val Gly Lys Leu
245 250 255
Gly Pro Ser Asp Tyr Phe Gly Glu Ile Ala Leu Leu Leu Asp Arg Pro
260 265 270
Arg Ala Ala Thr Val Val Ala Lys Thr Leu Leu Lys Cys Leu Lys Leu
275 280 285
Asp Arg Ala Arg Phe Glu Arg Val Met Gly Pro Val Arg Glu Ile Leu
290 295 300
Lys Arg Asp Val Ser Asn Tyr Asn Ser Tyr Val Lys Leu Met Thr
305 310 315

<210> 1932

5

<400> 1932

000

ES 2 479 090 T3

<210> 1933
 <211> 1056
 <212> PRT
 5 <213> *Heterodera glycines*

<220>
 <223> Secuencia de ADNc = SecID_1923; Secuencia codificante = SecID_1928

10 <400> 1933

Met Gln Ser Ser Asp Leu Ile Ile Glu Glu Pro Ala Thr Lys Lys Ala
 1 5 10 15
 Lys Ile Ile Cys Glu Leu Pro Asn Ser Glu Ala Ser Glu Asn Ala Pro
 20 25 30
 Lys Ser Asn Gly Glu Gln Met Ala Ala Ile Asp Thr Asn Leu Tyr Ser
 35 40 45
 Arg Gln Ile Tyr Ala Leu Gly His Ser Ala Met Glu His Leu Arg Lys
 50 55 60
 Ala Ser Val Leu Val Ser Gly Leu Gly Ser Val Gly Val Glu Val Ala
 65 70 75 80
 Lys Asn Leu Ile Leu Gly Gly Val Arg Ser Val Thr Leu His Asp Thr
 85 90 95
 Lys Ala Leu Ala Phe Lys Asp Leu Ser Ala His Phe Tyr Ala Lys Glu
 100 105 110
 Ser Asp Val Gly Thr Asn Arg Ala Lys Val Cys Phe Asp Lys Leu Ala
 115 120 125
 Glu Leu Asn Asp Thr Val Asn Cys Ala Leu Ser Val Glu Asn Leu Ser
 130 135 140
 Glu Asp Phe Val Lys Gln Phe Asp Leu Val Val Leu Thr Asp Ala Ser
 145 150 155 160
 Phe Ser Thr Gln Thr Glu Val Asn Gly Trp Met Arg Asn His Arg Lys
 165 170 175
 Met Phe Ile Ser Ala Asp Ala Arg Gly Leu Phe Ser Tyr Ala Phe Val
 180 185 190
 Asp Leu Gly Asp Glu Phe Val Val Asn Asp Ser Asp Gly Glu Thr Cys
 195 200 205
 Lys Glu Val Leu Val Glu Tyr Ile Asp Cys Glu Ser Gly Asp Met Thr
 210 215 220
 Thr Leu Glu Gly Ala Phe His Gln Leu Glu Asp Gly Asp His Val Val
 225 230 235 240
 Phe Thr Asp Phe Glu His Ala Glu Leu Asn Glu Leu Pro Pro Val Pro
 245 250 255

Val Thr Leu Lys Gly Ser Lys Val Phe Asn Ile Gly Asn Ala Leu Ala
 260 265 270
 Ala Phe Ser Gly Ala Val Gln Gly Pro Val Ser Arg Gly Arg Val Gln
 275 280 285
 Gln Val Lys Val Pro Lys Lys Met Ser Phe Lys Pro Leu Ser Leu Ala
 290 295 300
 Leu Ala Glu Pro Asp Phe Met Ile Trp Asp Phe Ala Lys Phe Asp Glu
 305 310 315 320
 Pro Ala Gln Leu His Ala Leu Trp Gln Ala Leu Tyr Ser Phe Glu Glu
 325 330 335
 Met Lys Asn Tyr Ser Pro Leu Pro Arg Ser Asp Ala Asp Ala Lys Leu
 340 345 350
 Leu Lys Glu Met Leu Pro Lys Asp Ala Pro Glu Met Pro Asp Ser Leu
 355 360 365
 Leu Phe Asn Phe Ser Tyr Gln Ala Cys Gly Asn Leu Gln Pro Ile Ala
 370 375 380
 Ser Leu Ile Gly Gly Leu Val Ala Gln Glu Ala Met Lys Ala Val Thr
 385 390 395 400
 His His Thr Thr Pro Leu Lys Gln Phe Leu Tyr Thr Asp Ser Leu Glu
 405 410 415
 Ala Leu Pro Gly Ala Asp Ser Thr Phe Asp Ala Ala Lys Leu Glu Lys
 420 425 430
 Asn Asp Cys Ala Pro Arg Asn Asn Arg Tyr Asp Gly Gln Ala Ala Val
 435 440 445
 Phe Gly Trp Ala Phe Gln Glu Ala Leu Gln Gln Gln Lys Trp Phe Ile
 450 455 460
 Val Gly Ala Gly Ala Ile Gly Cys Glu Leu Leu Lys Asn Met Ala Met
 465 470 475 480
 Met Gly Leu Gly Cys Gly Asn Asn Gly Ser Leu Thr Ile Thr Asp Pro
 485 490 495
 Asp Thr Ile Glu Val Ser Asn Leu Asn Arg Gln Phe Leu Phe Arg Arg
 500 505 510
 Pro Asp Val Gly Lys Lys Lys Ser Glu Val Ala Ala Arg Ser Val Lys
 515 520 525
 Ala Phe Asn Ser Thr Ile His Ile Asn Pro Met Ser Glu Ile Val Ala
 530 535 540
 Glu Ser Thr Glu His Ile Phe Gly Asp Asp Phe Phe Ala Arg Leu Asn
 545 550 555 560
 Gly Val Cys Asn Ala Leu Asp Asn Val Glu Ala Arg Arg Tyr Val Asp
 565 570 575
 Arg Arg Cys Val Tyr Tyr Gln Leu Pro Leu Leu Glu Ser Gly Thr Met
 580 585 590
 Gly Ala Lys Gly Asn Thr Gln Val Val Phe Pro His Leu Thr Glu Ser

ES 2 479 090 T3

	595					600					605				
Tyr	Gly	Ser	Thr	Ser	Asp	Pro	Pro	Glu	Lys	Glu	Thr	Pro	Ile	Cys	Thr
	610					615					620				
Leu	Arg	Asn	Phe	Pro	Tyr	Gln	Ile	His	His	Thr	Ile	Gln	Trp	Ala	Arg
625					630					635					640
Ala	Lys	Phe	Thr	Asp	Tyr	Phe	Thr	Ser	Val	Ala	Glu	Thr	Val	Asn	Gln
				645					650					655	
Tyr	Leu	Asp	Asn	Val	Asn	Asp	Phe	Leu	His	Arg	Val	Asn	Gln	Met	Thr
			660					665					670		
Phe	Ser	Gln	Arg	Ile	Glu	Val	Leu	Ser	Thr	Leu	Glu	His	Ala	Leu	Val
		675					680					685			
Val	Glu	Tyr	Pro	Lys	Asn	Ala	Glu	Glu	Cys	Val	Ser	Trp	Ala	Arg	Glu
	690					695					700				
Leu	Phe	Asp	Thr	Leu	Tyr	His	Asn	Asp	Ile	Ala	Gln	Met	Leu	His	Asn
705					710					715					720
Phe	Pro	Ser	Ser	Met	Leu	Thr	Ala	Gln	Gly	Asp	Lys	Phe	Trp	Ser	Gly
				725					730					735	
Thr	Lys	Arg	Cys	Pro	His	Thr	Leu	Asn	Phe	Asp	Val	Asn	Asn	Pro	Glu
			740					745					750		
His	Phe	Glu	Phe	Val	Phe	Ser	Ala	Ser	Ile	Leu	Arg	Ala	Gln	Ser	Tyr
		755					760					765			
Ser	Leu	Ala	Pro	Ile	Thr	Asp	Arg	Lys	Lys	Val	Ala	Gln	Leu	Ala	Met
	770					775					780				
Ala	Tyr	Cys	Ser	Lys	Pro	Leu	Arg	Pro	Gln	Glu	Gly	Val	Arg	Ile	Ala
785					790					795					800
Val	Thr	Asp	Ala	Glu	Ala	Thr	Ala	Asn	Asp	Gly	Asn	Thr	Ala	Asn	Gly
				805					810					815	
Asp	Ala	Asp	Glu	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Asn	Asp	Leu	Asn	Val	Lys	Leu
			820					825					830		
Ala	Arg	Leu	Lys	Leu	Glu	Asn	Ile	Arg	Arg	Met	Thr	Pro	Ile	Asp	Phe
		835					840					845			
Glu	Lys	Asp	Asp	Asp	Ser	Asn	His	His	Val	Asp	Phe	Val	Thr	Ser	Ala
	850					855					860				
Ser	Asn	Leu	Arg	Ala	Asp	Asn	Tyr	Asp	Ile	Glu	Lys	Ala	Asp	Arg	Met
865					870					875					880
Lys	Thr	Lys	Gln	Ile	Ala	Gly	Lys	Ile	Ile	Pro	Ala	Leu	Ala	Thr	Thr
				885					890					895	
Thr	Ala	Leu	Val	Ser	Gly	Leu	Val	Cys	Ile	Glu	Leu	Tyr	Lys	Thr	Ile
			900					905					910		
Glu	Ala	Asp	Gly	Lys	Arg	Ser	Thr	Thr	Pro	Ile	Glu	His	Phe	Lys	Asn
		915					920					925			
Ala	Phe	Ile	Asn	Leu	Ala	Thr	Pro	Phe	Ile	Ala	Phe	Ser	Glu	Pro	Gly
	930					935					940				

Lys Ala Gln Lys Lys Lys Tyr Leu Asp Ile Asp Phe Thr Leu Trp Asp
 945 950 955 960

Arg Phe Glu Val Asp Gly Pro Met Thr Leu Gly Gln Leu Ile Asp Ser
 965 970 975

Val Glu Ser Lys Ser Gly Leu Thr Val Ser Met Ile Ser Ser Gly Val
 980 985 990

Ser Leu Leu Tyr Ala Phe Phe Gln Pro Ala Lys Lys Val Ala Glu Arg
 995 1000 1005

Lys Asp Met Asp Leu Ile Ala Val Phe Glu Glu Val Ser Arg Gly
 1010 1015 1020

Lys Val Pro Asp His Arg Arg Ala Ile Val Leu Glu Ala Leu Thr
 1025 1030 1035

Gln Asn Glu Glu Asn Glu Asp Val Asp Ile Pro Phe Ile Lys Tyr
 1040 1045 1050

Asn Phe Arg
 1055

<210> 1934

5 <400> 1934
 000

REIVINDICACIONES

1. Un polinucleótido que comprende una primera, una segunda y una tercera secuencia de polinucleótidos, en el que la primera secuencia de polinucleótidos está seleccionada de:
 - 5 (a) un fragmento de al menos 21 nucleótidos contiguos de una secuencia de ácidos nucleicos de SEC ID N°: 1920, en el que la captación por un nematodo parásito de las plantas de una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria que comprende al menos una hebra que es complementaria a dicho fragmento inhibe el crecimiento de dicho nematodo y
 - 10 (b) un complemento de la secuencia de (a), en el que la tercera secuencia de polinucleótidos está enlazada a la primera secuencia de polinucleótidos por la segunda secuencia de polinucleótidos, y en el que la tercera secuencia de polinucleótidos es sustancialmente el complemento inverso de la primera secuencia de polinucleótidos de forma que la primera y tercera secuencias de polinucleótidos se hibridan cuando se transcriben en un ácido ribonucleico para formar una molécula de ribonucleótido bicatenario estabilizada por la segunda secuencia de ribonucleótidos enlazada,

en el que el polinucleótido está operativamente ligado a un vector heterólogo.
- 15 2. El polinucleótido de la reivindicación 1, está definido como que comprende un vector de transformación de plantas.
3. Una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria obtenible por la expresión de un polinucleótido según la reivindicación 1, en la que la captación de dicha secuencia de ribonucleótidos por un nematodo parásito de las plantas inhibe el crecimiento de dicho nematodo.
- 20 4. La secuencia de ribonucleótidos bicatenaria de la reivindicación 3,
 - (i) que es obtenible transcribiendo una secuencia de polinucleótidos recombinante que comprende una primera, una segunda y una tercera secuencia de polinucleótidos de la reivindicación 1, en un ácido ribonucleico para formar la molécula de ribonucleótido bicatenario; o
 - 25 (ii) en la que la captación de la secuencia de polinucleótidos por el nematodo parásito de las plantas inhibe la expresión de una secuencia de nucleótidos sustancialmente complementaria a dichas secuencias de polinucleótidos.
5. Un vector de transformación de plantas que comprende la secuencia de polinucleótidos de la reivindicación 1.
6. Una célula o una planta que comprende el polinucleótido de la reivindicación 1.
7. La célula de la reivindicación 6, definida como
 - 30 (i) célula procariota; o
 - (ii) una célula eucariota a condición de que dicha célula eucariota no sea una célula madre embrionaria humana y/o célula germinal; o
 - (iii) una célula vegetal.
8. Una semilla de la planta de la reivindicación 6, en la que la semilla comprende el polinucleótido de la reivindicación 1.
- 35 9. La planta de la reivindicación 6, en la que dicho polinucleótido se expresa en la célula vegetal como una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria, preferentemente
 - (i) el nematodo parásito de las plantas es *Heterodera glycines*; o
 - 40 (ii) la captación de la cantidad inhibidora del nematodo parásito de las plantas de la secuencia de ribonucleótidos bicatenaria inhibe el crecimiento del nematodo.
10. Un procedimiento de control de una población de nematodos parásitos de las plantas que comprende proporcionar un agente que comprende una secuencia de ribonucleótidos bicatenaria que funciona tras ser captada por el nematodo para inhibir una función biológica dentro de dicho nematodo, en el que
 - 45 (i) el agente comprende un fragmento de al menos 21 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos de SEC ID N°: 1920 o complementos de la misma; o
 - (ii) dichas secuencias de polinucleótidos presentan de aproximadamente el 95 a aproximadamente el 100 % de identidad de secuencias de nucleótidos a lo largo de al menos de aproximadamente 19 a aproximadamente 25 nucleótidos contiguos con una secuencia codificante derivada de dicho nematodo y se hibrida con una segunda secuencia de polinucleótidos que es complementaria a dicha primera secuencia de polinucleótidos, y en el que dicha secuencia codificante derivada de dicho nematodo es SEC ID N°: 1920 o complementos de la misma.
 - 50
11. El procedimiento de la reivindicación 10, en el que dicho nematodo es *Heterodera glycines*.

12. Un procedimiento de control de una población de nematodos parásitos de las plantas que comprende proporcionar en la planta huésped de un nematodo parásito de las plantas una célula vegetal transformada que expresa una secuencia de polinucleótidos según la reivindicación 1, en el que el polinucleótido se expresa para producir un ácido ribonucleico bicatenario que funciona tras ser captado por el nematodo parásito de las plantas para inhibir la expresión de una secuencia diana dentro de dicho nematodo y produce la disminución del crecimiento del nematodo o población de nematodos, con respecto al crecimiento en un huésped que carece de la célula vegetal transformada.
13. El procedimiento de la reivindicación 12, en el que
- (i) el nematodo presenta disminución del crecimiento tras la infección de la planta huésped; o
- (ii) dicho nematodo está seleccionado del grupo que consiste en *Heterodera sp.*, *Meloidogyne sp.*, *Globodera sp.*, *Helicotylenchus sp.*, *Ditylenchus sp.*, *Pratylenchus sp.*, *Paratylenchus sp.*, *Rotylenchus sp.*, *Tylenchulus sp.*, *Tylenchorhynchus sp.*, *Hoplolaimus sp.*, *Belonolaimus sp.*, *Anguina sp.*, *Subanguina sp.* y *Nacobbus sp.*, preferentemente el nematodo es *Heterodera glycines*.
14. El procedimiento de la reivindicación 12, en el que el polinucleótido funciona tras ser captado por el nematodo parásito de las plantas para suprimir un gen que realiza una función esencial para la supervivencia o crecimiento de nematodos, siendo dicha función la replicación de ADN.
15. Un procedimiento de reducción del número de sitios de alimentación de *Heterodera* establecidos en el tejido de raíz de una planta huésped, que comprende proporcionar en la planta huésped de una *Heterodera sp.* una célula vegetal transformada que expresa una secuencia de polinucleótidos según la reivindicación 1, en el que el polinucleótido se expresa para producir un ácido ribonucleico bicatenario que funciona tras ser captado por *Heterodera sp.* para inhibir la expresión de una secuencia diana dentro de dicho nematodo y produce una disminución en el número de sitios de alimentación establecidos, con respecto al crecimiento en un huésped que carece de la célula vegetal transformada.
16. Un procedimiento de control de la infestación por la plaga de nematodos de planta en una planta que comprende proporcionar en la dieta de una plaga de nematodos de planta un ARNbc que comprende:
- a) una secuencia de nucleótidos sentido; y
- b) una secuencia de nucleótidos antisentido complementaria a dicha secuencia de nucleótidos sentido, en el que dicha secuencia de nucleótidos sentido comprende la primera secuencia de nucleótidos según la reivindicación 1.
17. El procedimiento de la reivindicación 16, en el que dicha dieta comprende una célula de planta transformada para expresar dicha secuencia de nucleótidos sentido y dicha secuencia de nucleótidos antisentido.
18. Un procedimiento de mejora del rendimiento de un cultivo producido a partir de una planta de cultivo sometida a infección por nematodos parásitos de las plantas, o de mejora de la tolerancia a la sequía de una planta de cultivo sometida a infección por nematodos parásitos de las plantas, comprendiendo dicho procedimiento las etapas de
- a) introducir un polinucleótido según la reivindicación 1 en dicha planta de cultivo;
- b) cultivar la planta de cultivo para permitir la expresión de dicho polinucleótido; en el que la expresión del polinucleótido inhibe la infección por nematodos parásitos de las plantas o crecimiento y pérdida de rendimiento debido a infección por nematodos parásitos de las plantas, o mejora la tolerancia a la sequía de la planta de cultivo.
19. El procedimiento de la reivindicación 18, en el que la planta de cultivo es soja (*Glycine max*).
20. El procedimiento de la reivindicación 18, en el que la expresión del polinucleótido produce una molécula de ARN que suprime al menos un primer gen diana en un nematodo parásito de las plantas que se ha puesto en contacto con una porción de dicha planta de cultivo, en el que el gen diana realiza una función esencial en la replicación de ADN.
21. El procedimiento de la reivindicación 20, en el que el nematodo parásito de las plantas es un nematodo tilénquido, preferentemente el nematodo parásito de las plantas es *Heterodera sp.*, lo más preferentemente el nematodo parásito de las plantas es *Heterodera glycines*.
22. Un procedimiento de producción de alimento o pienso que comprende obtener una planta según la reivindicación 6 o una parte de la misma, y preparar alimento o pienso de la planta o parte de la misma.
23. El procedimiento de la reivindicación 22, en el que el alimento o pienso se define como aceite, comida, proteína, almidón, harina o forraje.
24. Un procedimiento de modulación de la expresión de un gen diana en una célula de nematodo parásito de las plantas, comprendiendo el procedimiento:

- 5 (a) transformar una célula de planta con un vector que comprende una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un ARNbc de SEC ID N°: 1920, operativamente ligado a un promotor y una secuencia de terminación de la transcripción, en el que dicho ARNbc inhibe la función del polipéptido que tiene la secuencia de SEC ID N°: 1920;
- (b) cultivar la célula de planta transformada en condiciones suficientes para permitir el desarrollo de un cultivo de células de planta que comprende una pluralidad de células vegetales transformadas;
- (c) seleccionar células vegetales transformadas que han integrado la secuencia de ácidos nucleicos en sus genomas;
- 10 (d) cribar las células vegetales transformadas para la expresión del ARNbc codificado por la secuencia de ácidos nucleicos; y
- (e) seleccionar una célula de planta que expresa el ARNbc.

15 25. El procedimiento de la reivindicación 24, que comprende además regenerar una planta a partir de la célula de planta que expresa el ARNbc; por lo que la expresión del gen en la planta es suficiente para modular la expresión de un gen diana en una célula de nematodo parásito de las plantas que pone en contacto la planta o célula de planta transformada.

CLASIFICACIÓN	let lva	mit bli rup	ste emb	pro sck unc pri prz
1	2	2	2	1
2	2	2	1	1
3	2	1	2	1
4	2	2	2	0
5	2	2	1	0
6	2	1	1	1
7	2	2	0	1
8	2	1	2	0
9	2	2	0	0
10	2	0	2	1
11	1	2	2	1
12	1	2	1	1
13	2	1	1	0
14	2	1	0	1
15	2	0	1	1
16	1	1	2	1
17	1	2	2	0
18	1	1	1	1
19	1	2	1	0
20	1	2	0	1
21	2	1	0	0
22	0	2	2	1
23	0	2	1	1
24	2	0	2	0
25	1	1	2	0
26	1	0	2	1
27	1	1	1	0
28	0	1	2	1
29	1	1	0	1
30	0	1	1	1
31	2	0	1	0
32	1	2	0	0
33	1	0	1	1
34	2	0	0	1
35	0	2	2	0
36	1	1	0	0
37	2	0	0	0
38	0	2	0	1
39	1	0	2	0
40	0	2	1	0
41	1	0	1	0
42	0	1	2	0
43	0	1	1	0
44	0	2	0	0

corte para informar

FIG. 1

ES 2 479 090 T3

Locus	Descripción	Inicio de huevo de N2	Inicio de L4 de N2	Resultado
control	actina	adultos móviles, estériles	P0-WT, poca progenie	control positivo
control	GFP	WT, >200 progenie WT, >200 progenie	WT, >200 progenie WT, >200 progenie	control negativo
R03E1.2 Y57E12AL.a	VAC1	WT, 20e WT, 75e	P0-WT, poca progenie P0- WT, camada red.	Fenotipo, no P0 letal Fenotipo, no P0 letal
C34G6.6	PANI	muerdos, 0e	adultos móviles, LVL	P0 letal de inicio de huevo
F52B11.3	PAN2	muerdos, 0e	adultos móviles, LVL	P0 letal de inicio de huevo
F54D11.1	MT	P0-WT, LVA P0-WT, LVA P0-WT, LVA	P0-WT, LVA P0-WT, LVA P0-WT, LVA	Fenotipo, no P0 letal
T25C8.2	act-5	P0 muy enfermos, estériles P0 enfermos, estériles o algunos F1 todos LVA muerdos, 0e	P0-WT, LVL-LVA P0 enfermo, estéril o algunos F1 todos LVA P0 WT, F1 LVL/LVA	P0 letal de inicio de huevo
Y57G11C.15	Proteína de transporte Sec61	muy enfermos, estériles muy enfermos, estériles, muertos	adultos móviles, estériles RUP, muertos	P0 letal de inicio de huevo y L4
C47E12.5	uba-1	muerdos, 0e muerdos, 0e	P0-WT, LVL P0 WT, F1 LVL	P0 letal de inicio de huevo
Y41E3.1**		WT WT reducción del 30 % de la camada	WT WT WT	Todavía sin efecto
Y57E12AL.6		Bag-o-worms+larvas P0 camada red., F1 enfermos LVA	adultos móviles, F1 LVA adultos móviles, F1 LVA	En progreso
C32E12.4		adultos móviles, estériles WT	WT WT	En progreso
Y48B6A.1*		WT WT WT	WT WT WT	Todavía sin efecto
Y48B6A.1*				En progreso
R07E4.6*	kin-2	Muy DPY, enfermos, estériles Muy DPY, estériles, muertos Muy DPY, estériles, muertos	P0 DPY, camada red, F1 25% de DPY P0 DPY, camada red, F1 75% de DPY P0 DPY, camada red, F1 90% de DPY	P0 letal / DPY de inicio de huevo y L4
K11D9.2a	sca-1	P0 WT, cámara red. – F1 LVA P0 estériles, crecimiento, enfermos	P0 DPY, camada red., F1 LVA P0 móviles, huevos red., F1 LVA	¿P0 enfermo de inicio de huevo?
ZK20.3**		WT WT	WT WT	Todavía sin efecto
K07B1.7**		WT WT	WT WT	Todavía sin efecto
C38D4.6		P0WT.F1 LVL	P0 WT, F1 LVL	Fenotipo, no P0 letal
T02E1.5**	dhs-3	WT WT	WT WT	Todavía sin efecto
F17E9.5***		WT	WT	En progreso
C25D7.2***		WT	WT	En progreso
K06B4.1		WT	WT	En progreso
F08B1.1a		reducción del 85 % de la camada	WT	Fenotipo, no P0 letal
C34F11.6		WT	WT	En progreso
T14G10.5				En progreso
F28D9.8		por hacer	por hacer	En progreso
W09G12.7				En progreso
C37C3.2		por hacer	por hacer	En progreso

FIG. 2

Clasificación de datos NOS 2.0, 15/04/2005

locus	nombre del gen	Breve identificación	% de ID principal	bit principal	valor de e min	clasificación de fenotipo de IARN	WT	% de WT de informes ponderados	Divergencia del fenotipo de IARN de P0	Divergencia de fenotipo de IARN intestinal	EST de H g total	EST de H g de J2, J3, J4	EST totales de otras especies
1 C02C8.1	dyn-1	dinamina	73,32	139	1,00E-82	3	2,3	1 2,8 1,8 0 0 0	0,0%		1	1	0
2 Y57G11C.15	sec61	proteína del transporte de proteínas	85,04	499,2	3,00E-142 >44	0	0	0 3 1 0 0 0	0,0%	P0 let., 80 % de red	ND	ND	ND
3 C47E12.5	uba-1	enzima activadora de ubiquitina	58,28	328	1,00E-124 >44	0	0	0 4,7 2 2 0 0	0,0%	P0 let., 40-100 % de red	ND	ND	ND
4 R07E4.8	hsv-2	subunidad reguladora	85,05	328,2	7,60E-81	34	2,2	0 0 1,8 0 1,8 0	0,0%	P0 let., huevo y L4	1	0	0
5 ZK1151.1	vab-10	espectraplaquinas	58,83	547,7	8,00E-181	8	4	1,8 1,2 4 1 1	8,3%		3	3	108
6 T14F8.1	vha-15	subunidad de ATPasa	81,88	213,4	3,50E-58	3	3	1 2,8 1 0,3	3,8%		2	2	3
7 C34G8.8	C34G8.8	similar a la zona pelúcida	57,58	217,8	2,40E-75	10	3,2	0 3,2 1 0 0 0	0,0%	P0 let., inicio de huevo	1	1	1
8 Y48B8A.3	Y48B8A.3	XRN 5'-3'-exonucleasa	73,27	482,3	8,00E-137	3	3,8	1 2,8 2 0 0 0	0,0%		2	0	8
9 Y23H5A.7	ora-1	aminoacil-ARNt	40,15	178,7	9,90E-88	8	2,2	1 1 1 0 0 0	0,0%		1	0	0
10 F20B8.2	vha-12	ATP sintasa vacuolar	77,8	521	3,00E-159	10	2,3	0 2,8 2 0 0 0	0,0%		5	5	1
11 K07D4.3	rpn-11	subunidad no ATPasa	81,53	407,8	8,00E-115	10	2	0 2,8 1 0 0 0	0,0%		1	0	0
12 F25H5.4	efn-2	factor de elongación Tu	85,47	1016,5	6,00E+00	39	1,2	0 2,8 0 0 0 0	0,0%		8	4	0
13 C38B1.4	pas-4	proteasoma tipo A	74,28	320,8	7,40E-88	10	2,3	0 2,8 1,8 0 0 0	0,0%		1	1	32
14 F25H2.8	pas-5	cadena zeta de proteasoma	84,54	319,3	2,10E-88	10	2,9	0 2,8 1,8 0 0 0	0,0%		0	0	11
15 F58C11.1	tbl-3	homólogo grande de dual	68,8	129	1,90E-28	5	5,4	6,5 1 0,8 0 0 0	0,0%		3	3	0
16 C07H6.5	cyh-1	ARN dependiente de ATP	80,2	328,2	3,40E-80	25	1	1 7 0 0,3	3,2%		2	1	0
17 F48D11.1	F48D11.1	dominio WD, G-beta	64,84	780,4	0,00E+00	28	1,2	0 3,2 1,8 0 0 0	0,0%		1	0	0
18 C56G2.8	let-787	deshidrogenasa de cadena corta	52,17	294,3	8,80E-81	10	2,3	0 2 2,8 0 0 0	0,0%		11	11	0
19 C04.6	pas-6	proteasa	58,18	271,8	5,40E-74	28	1,2	0 3,8 1,8 0 0 0	0,0%		2	2	1
20 K01G5.4	rnr-1	proteína de unión a GTP	94,19	344	8,00E-107	10	2	0 5,8 2 0 0 0	0,0%		0	0	49
21 T25C8.2	act-5	actinas	92,51	713,8	0,00E+00 >44	0	0	0 3,7 1 0 0 0	0,0%	P0 let., 70-90 % de red	2	2	104
22 C54G4.8	cyo-1	citocromo C1, hemo	58,54	126,8	4,70E-28	10	2,7	0 3,2 1 0 0 0	0,0%	50-80 % de red	0	0	7
23 C52E4.4	rpl-1	proteasa 26S reguladora	75,23	678,8	9,00E+00	28	1	0 3,8 1 0 0 0	0,0%		0	0	32
24 H06H04.4	ubt-1	ubiquitina	51,48	167,8	4,20E-43	10	3,1	0 7,8 2 0 0 0	0,0%		0	0	31
25 Y49A3A.2	vha-13	ATP sintasa alfa	88,95	1086,1	0,00E+00	28	1	0 3,2 2 0 0,3	5,7%		1	0	1
26 M01E5.5	top-1	ADN topoisomerasa I	72,57	333,8	4,20E-92	10	2,8	0 3,8 3 0 0 0	0,0%		3	2	0
27 ZK1127.5	ZK1127.5	extremo 3' de ARN	54,82	408,8	2,00E-114	10	2,8	0 3,8 3 0 0 0	0,0%		8	8	0
28 C28E8.4	C28E8.4	ARN dirigido a ADN	82,78	627,5	0,00E+00	28	1	0 4,8 1 0 0 0	0,0%		1	0	0
29 F43D9.3	F43D9.3	Sly 1, tráfico de vesículas	57,78	218	2,00E-57	10	2	0 3 3 0 0 0	0,0%		1	0	2
30 F52B11.3	F52B11.3	dominio PAN, zona pelúcida	68,87	103,8	3,10E-22	15	2,3	0 1,8 1,8 0 0 0	0,0%	P0 let. inicio de huevo	1	0	2
31 C30C11.4	C30C11.4	Msi3p	49,88	221	3,00E-58	3	2	1,8 3 4,2 0 0 0	0,0%		53	20	81
32 F01G10.1	F01G10.1	transacetilasa	82,83	542,3	5,00E-155	28	1	0 2,7 2 0 0 0	0,0%	80 % de red	5	5	88
33 C23H3.4	C23H3.4	aminotransferasa	58	111,3	8,00E-42	15	2,8	0 1,8 2,8 0 0 0	0,0%		17	10	11
34 K01C8.10	cep-4	proteína de complejo T	74,59	823,2	2,00E-178	42	0,8	1 4,2 0 0 0 0	0,0%		0	0	0
35 F54B3.3	F54B3.3	ATPasas asociadas	81,8	128	4,80E-47	10	2,8	0 3,8 1 0 0 0	0,0%		2	2	49
36 T08B2.8	hsv-1	fenilalanil-ARNt	68,81	425,2	9,00E-124	28	1,2	0 6,5 1 0 0 0	0,0%		3	3	1
37 F53G12.3	F53G12.3	homólogo parcial de dual	68,77	130,8	5,00E-30	8	3,4	3,8 0 0,8 0 0 0	0,0%		1	1	0
38 C01H6.5	hsv-23	receptor de hormona nuclear	83,58	121,7	1,20E-41	14	4,2	1 0 2,2 1 0 0	11,8%		2	2	0
39 ZK782.8	let-60	proteína LET-60 RAS	77,17	294,3	4,70E-81	10	3,4	0 2 1,2 1 0 0	13,2%		1	0	3
40 W02F12.5	W02F12.5	dihidropoimida	87,5	158,4	2,30E-38	28	1,3	0 2,8 1 0 0 0	0,0%		3	1	0
41 Y32F8A.3	pap-1	POL(I)A POLIMERASA	60,44	404,4	2,00E-113	28	1,8	0 3,3 2 0 0 0	0,0%		2	2	64
42 M28.5	M28.5	proteína ribosómica	93,33	218,4	1,70E-58	10	2,8	0 2,8 1 0 0 0	0,0%		1	0	4
43 Y105E8A.8	epi-1	subunidad gamma	74,11	342,8	2,00E-108	10	2,2	0 3,2 2 0 0 0	0,0%		1	0	8
44 C54D1.5	C54D1.5	similar a EGF de laminina	62,22	213	2,00E-148	28	1,8	0 3,8 1 0 0 0	0,0%		3	3	18
45 T20H4.3	prr-1	proil-ARNi sintetasa	73,28	300,4	2,00E-108	10	3,3	0 4,8 2 0 0 0	0,0%		2	0	1
46 F40F8.10	rps-8	proteína ribosómica S9	78,87	297,4	5,80E-82	10	2,3	0 4,2 1 0 0 0	0,0%		1	0	4
47 K04G7.4	K04G7.4	NADH deshidrogenasa	83,18	225,7	8,40E-60	10	2,8	0 2,8 1 0 0 0	0,0%	80 % de red	5	3	2
48 Y55H10A.1	Y55H10A.1	cadherina	53,73	98,87	4,80E-21	33	1	0 1,8 1 0 0 0	0,0%		8	5	0
49 F28G9.3	epi-2	ensamblaje de cubierta de clatrina	88,55	268,8	8,10E-73	10	2,8	0 2,8 1,8 0 0 0	0,0%		0	0	2
50 F27C1.7	F27C1.7	ATPasa	55,38	214,8	8,60E-57	24	2,3	0 2,8 0 0 0 0	0,0%		2	2	0
51 Y55F3AR.3	Y55F3AR.3	chaperón de TCP-1/cpn60	52	204,1	7,00E-147	28	1,3	0 2,8 3,8 0 0 0	0,0%		17	10	0
52 F10C1.2	hsv-7	filamento intermedio	80,14	593,8	2,00E-170	12	1,8	2 1,8 1,8 0 0 0	0,0%		1	0	3
53 F28H1.3	ora-2	aminoacil-ARNt	48,58	307	2,00E-140	28	1,3	0 3,8 1,8 0 0 0	0,0%		1	1	2
54 C52E4.8	cyf-1	ciclina, extremo N	58	228,1	5,40E-60	10	2,8	0 3,8 2 0 0 0	0,0%		1	1	0
55 T01C3.7	hsv-1	fibrilarina	79,73	221,5	9,30E-59	10	2,8	0 3,8 2 0 0 0	0,0%		1	1	0
56 T05H4.6	T05H4.6	cadena de péptido eucariota	74,75	298,5	3,00E-118	28	1,3	0 2,8 1,3 0 0 0	0,0%		1	1	0
57 K08B4.1	hsv-1	proteína de unión a ADN	82	104,4	3,50E-23	17	1,8	2 2,8 0 0 0 0	0,0%		4	3	0
58 C29F9.7	pai-4	cinasa ligada a integrina	88,47	110,2	2,10E-37	10	3,2	0 4,3 2,7 0 0 0	0,0%		1	0	0
59 T01H3.1	T01H3.1	proteína de proteolípido PPA	75,81	180,8	5,20E-78	28	1	0 2,2 1 0 0 0	0,0%	60 % de red	0	0	0
60 B0361.10	B0361.10	sinaptobrevina	80	97,44	1,00E-35	15	3,2	0 1,8 2,8 0 0 0	0,0%		1	0	8
61 F25B4.8	F25B4.8	hidroximetilglutarilo	57,88	278,8	2,80E-75	10	2,8	0 2,8 2,8 0 0 0	0,0%		1	0	0
62 C04H5.8	mog-4	helicasa conservadas	80,25	270	7,20E-73	10	2	0 3 1 0 0 0	0,0%		2	0	0
63 T10F2.1	gry-1	glucil-ARNi sintetasa	70,38	585	1,00E-188	38	1,8	0 5,8 0 0,3	4,0%		1	0	0
64 R74.1	hsv-1	Leucil-ARNi sintetasa	82,5	287,3	2,10E-82	10	2,3	0 3 1 0 0 0	0,0%		1	1	0
65 T10E9.7	T10E9.7	NADH-ubiquinona	74,18	248,2	5,50E-67	10	2,2	0 2,8 1 0 0 0	0,0%		1	1	0
66 C50F2.3	C50F2.3	HAT (Half-A-TPR)	88,88	231,8	8,00E-88	10	2	0 5,2 1 0 0 0	0,0%		2	2	1
67 T25G3.3	T25G3.3	mediado por no sentido de levadura	81,83	120	2,00E-60	10	2,2	0 3,8 2,8 0,3	3,4%		1	0	0
68 R08A4.4	hsv-2	importina beta, nuclear	58,83	108	3,80E-23	10	2	0 2,3 2,2 0 0 0	0,0%		1	0	8
69 F19B8.2	hsv-1	fusión de ubiquitina	55,15	203,8	3,70E-55	10	2,8	0 2,8 2,8 0 0 0	0,0%		4	2	0
70 F48E8.5	pas-1	proteína fosfatasa	73,88	580,8	1,00E-180	18	1	1 5,3 1 0 0 0	0,0%		3	1	0

FIG. 3A

230 F53A1.3	rps-22	proteína ribosómica 40S	88,24	230,7	3,40E-02	26	1,3	0	3	2	0	0,0%	12	12	0
231 C26E9.0	uba-1	componente de la enzima	58,47	101,3	3,00E-38	30	0	1,8	1,7	1	1	18,9%	1	0	1
232 ZK742.1	imb-4	importina beta, nuclear	80,59	179	5,80E-99	33	1,8	0	1,8	1,8	0	0,0%	1	0	4
233 F33D4.5	F33D4.5	proteína ribosómica L1p	48,12	250	2,60E-67	28	1,3	0	2,3	1	0	0,0%	0	0	1
234 H37A05.1	H37A05.1	lipina, extremo N	71,88	238,9	1,90E-72	26	1	0	2	1	0	0,0%	1	0	0
235 ZK909.2	kin-1	extremo C de la proteína cinasa	80,87	181	4,00E-131	38	1	1	0	0	0	0,0%	1	0	0
236 CO8A1.1	CO8A1.1	endoplásmico transicional	83,47	417,5	2,00E-117	27	1	1	1	0	0	0,0%	1	0	54
237 F28D1.10	gex-3	dhem de Drosophila	45,85	105,1	1,70E-22	28	1,6	0	2,8	1,8	0	0,0%	1	0	0
238 F49C12.8	rpn-7	dominio PCI; proteasoma	57,07	236,7	1,90E-81	26	1	0	8,2	1	0	0,0%	1	1	59
239 ZC518.2	sec-24.2	similar a YIK9 de levadura	51,83	224,8	3,40E-59	26	1	0	2,8	2,2	0	0,0%	1	0	18
240 F28A3.2	F28A3.2	proteína de unión a Cap	88,83	232,8	1,20E-82	39	1,6	0	2	0	0	0,0%	5	2	1
241 Y110A2AL.8	ptc-3	familia patched; patched	48,88	198,7	1,00E-74	34	5,4	0	0,8	7,8	1	6,8%	3	3	27
242 T23F2.1	T23F2.1	glicosiltransferasa	51,88	142,9	2,50E-34	28	1	1	0	1,8	0	0,0%	0	0	0
243 C28D10.1	rnr-3	regulador de cromosoma	82,75	188,4	1,50E-51	29	1	0	3	1	0	0,0%	4	1	0
244 Y38A8.2	pds-3	proteasoma tipo A	43,14	189,1	2,50E-49	28	1	0	2,8	1	0	0,0%	12	7	92
245 F55A12.8	F55A12.8	ATPasa putativa	61,4	244,8	3,30E-65	33	1,2	0	1,2	2	0	0,0%	2	0	0
248 O2013.7	elb-1.F	proteína MOV-34	45,53	222,8	3,30E-59	33	1,8	0	1,8	1	0	0,0%	4	2	0
247 F29D11.1	ltp-1	receptor de lípidos de baja densidad	73,58	147,1	1,80E-34	34	2,8	0	0	4,2	0	0,0%	1	0	0
248 F58H1.4	rpt-5	ATPasa	83,81	688,8	0,00E+00	39	1	0	8,8	0	0	0,0%	8	8	148
249 K08E3.5	K08E3.5	UTP-GLUCOSA-1	57,45	188,7	1,10E-48	29	1,3	0	4,3	1	0	0,0%	3	2	0
250 O2024.6	cap-1	dedo de encapuchado de F-actina	52,84	185,3	3,80E-48	26	1	0	3,7	1	0	0,0%	1	0	0
251 T27B1.2	T27B1.2	dedo de cinc	50	149,8	3,00E-38	31	2,2	0	1,8	0,8	0	0,0%	1	1	4
252 C03C10.3	mr-2	ribonucleasa-difosfato	78,19	388,7	2,00E-105	42	0	1	4,8	0	0	0,0%	1	0	8
253 C04F12.4	rps-14	proteína ribosómica L14	83,93	178,9	7,40E-47	29	1,8	0	2,2	1	0	0,0%	9	5	0
254 K02A11.1	gfi-2	motivos de anquira	55,18	185	7,00E-78	42	0,8	1	1,2	0,8	0,3	8,1%	1	0	0
255 T28D9.10	rnr-3	nuclear pequeño	77,27	175,3	1,80E-45	29	1,3	0	2,3	1	0	0,0%	5	2	10
258 Y58A3A.32	wsp-1	nucleótido de piridina	50	88,3	1,20E-28	28	1	0	2	1,8	1	17,9%	1	0	3
257 F55A11.2	sym-3	proteína epimorfina	63,43	174,5	1,80E-44	28	1,6	0	2,3	2,3	0	0,0%	2	1	0
258 W09G12.5	W09G12.5	proteína de unión a GTP	68,75	147	4,00E-38	33	1,2	0	1,8	1	0	0,0%	2	2	1
258 R05D11.3	rnr-4	factor de transporte nuclear	61,54	172,2	1,50E-44	28	1,2	0	3,2	1,8	0	0,0%	3	1	0
260 C16D1.1	dla-1	dedo de cinc, tipo C2H2	72,22	112,1	3,00E-30	33	1	0	1,8	1	0,3	7,7%	1	0	5
261 M03F4.7	M03F4.7	proteína de unión a calcio	78,48	115,9	2,10E-28	29	1,2	1	0	1,8	0,3	7,3%	3	3	2
262 C09H10.3	nuo-1	NADH-ubiquinona	80	207,2	2,80E-34	41	1,8	0	1,8	0	0	0,0%	1	0	14
263 C58C10.3	C58C10.3	SMF7	59,82	82,8	4,90E-30	33	1,8	0	1,8	1	0	0,0%	3	0	0
264 H18M22.2	ter-805	fibronectina tipo III	55,02	241,5	1,10E-63	26	1,8	0	2,8	2	2	23,8%	2	0	1
265 C41D11.2	air-3.M	PF01398 (Mov34)MPN	53,82	218,8	8,30E-58	33	1	0	1,8	2,8	0	0,0%	6	5	6
268 F28E4.9	cco-1	citocromo C oxidasa	57,85	184,9	2,30E-42	26	1,2	0	3,2	2	0	0,0%	1	0	1
267 F37E3.1	F37E3.1	proteína de unión a CAP	34,88	78,34	8,70E-15	3	2,8	1	3	3,8	0	0,0%	1	0	0
268 F12F8.8	sec-24.1	YKS hipotética de levadura	44,59	118,2	1,90E-28	15	2	0	1,8	1	0	0,0%	0	0	27
269 R09B3.4	ubc-12	conjugación de ubiquitina	82,78	239,8	1,30E-64	28	0	1	2,2	2,2	0,3	5,3%	8	8	0
270 Y85B4BR.2	Y85B4BR.2	dominio UBA1TS-N	63,68	238,8	9,90E-84	28	0,8	1	3,8	4,4	0	0,0%	13	11	4
271 R07E5.10	R07E5.10	proteína de apoptosis RP-8	15,37	105,9	5,80E-24	10	2	0	3	1,8	0	0,0%	1	0	0
272 F32H2.1	gts-11	protooncogén C-MYB	38,59	81,3	4,00E-33	10	2	0	2,7	1	0	0,0%	1	0	0
273 ZC513.4	wsp-1	vallil-ARNi sintetasa	77,78	149,1	1,70E-36	26	1,3	0	2,8	1	0	0,0%	2	2	0
274 C27A2.8	dsh-2	dominio DIX, DEP	43,58	88,27	9,40E-18	18	1	1,8	2,7	2	0	0,0%	1	1	7
275 Y110A7A.13	chp-1	dos dominios CHORD	82,79	182,5	4,80E-41	26	1	0	2,2	1	0	0,0%	1	0	0
278 T08G11.4	T08G11.4	motivo de unión a SAM	84,71	88,98	8,20E-18	10	2,2	0	2,2	2,2	0	0,0%	1	1	2
277 C17E4.5	pab-3	proteína de unión a ARN	55,7	85,11	5,10E-18	10	3,8	0	3,8	4,2	0	0,0%	1	0	38
278 C15H11.9	C15H11.9	proteína HA0609 humana	54,8	178,5	3,80E-48	26	1,8	0	3	2	0,3	4,3%	5	3	0
278 T01C3.1	T01C3.1	dominio WD, G-beta	38,51	130,8	4,90E-31	30	0	1,8	1	3,2	0,3	4,9%	3	1	3
280 Y47D38.1	Y47D38.1	DUF23; similar a rodopsina	41,57	114	4,70E-73	37	2	0	0	0	1	33,3%	4	2	0
281 ZK430.1	ZK430.1	función desconocida	30	109,4	1,30E-23	15	2,2	0	1,8	3	0	0,0%	1	0	1
282 T23D8.3	T23D8.3	dominio - baja temperatura	38,23	88,29	5,40E-21	15	3,5	0	1	1	0	0,0%	1	1	1
283 C27A2.2	rps-22	proteína ribosómica L22	87,24	180,8	4,40E-41	28	1,3	0	3,3	1	0	0,0%	4	4	48
284 K02D10.5	K02D10.5	asociada a sinaptosoma	47,24	158,3	7,20E-40	26	1,7	0	4,2	1	0	0,0%	1	0	2
285 W01G7.3	W01G7.3	ARN polimerasa L / 1	75,58	158,4	7,20E-40	28	1	0	5,3	1,8	0	0,0%	12	10	0
288 T28A5.8	dla-1	tipo cadena ligera de dineína	84,59	178	5,10E-48	28	0	1	4,8	1,2	0	0,0%	7	7	22
287 F55C5.8	F55C5.8	partícula de reconocimiento de señales	45,43	141,4	2,30E-34	28	0,8	1	2,9	1	0	0,0%	0	0	0
288 C14A4.14	C14A4.14	función desconocida	75	251,1	1,30E-87	31	2,8	0	1,8	0	0	0,0%	4	4	0
288 B0035.11	B0035.11	similar a proteína LEO1 de levadura	53,88	75,9	1,00E-13	10	2,7	0	3,3	3,2	0	0,0%	1	0	1
290 T10F2.4	T10F2.4	dominio WD, G-beta	45,88	328,8	8,30E-91	38	0	2	4,3	0	0	0,0%	7	4	0
291 W08E11.1	W08E11.1	proteína similar a Sin conservada	41,48	72,4	1,00E-13	10	3,8	0	2	3	0,3	3,4%	1	0	0
292 F57B10.1	F57B10.1	factor de transcripción bZIP	73,33	70,9	1,40E-19	10	4,1	0	2,2	1,8	1	11,2%	1	1	10
293 K08H9.8	ltp-6	dominio Brix; Brix	31,2	197,8	2,50E-51	34	3,9	0	0	2	0	0,0%	1	0	0
294 M04B2.1	mep-1	proteína de dedo de cinc	73,81	87,1	3,40E-20	15	2	0	1	1,8	0,3	8,1%	1	0	0
295 C53A6.1	C53A6.1	función desconocida	57,14	75,48	2,10E-16	33	1,3	0	1,8	1	0	0,0%	3	2	0
296 Y71F9AM.4	Y71F9AM.4	familia similar a Sec34; Sec3	52,31	95,52	1,80E-20	16	1,2	1	2	2,2	0	0,0%	1	0	7
297 T05H4.12	T05H4.12	ATP mitocondrial	34,82	72,78	1,20E-14	26	1	0	2,8	1	0	0,0%	18	17	7
298 H43I07.2	H43I07.2	ARN polimerasa Rpb3	33,83	85,5	3,80E-17	15	2,8	0	1	1	0	0,0%	1	1	1
299 F57H12.1	arf-3	proteína de unión a GTP	87,57	318,3	1,30E-88	3	2,3	1	2,2	2,8	0	0,0%	2	2	39
300 C32F10.5	rmp-3	reconocimiento de hebra sencilla	54,55	145,2	8,50E-35	10	3,2	0	3,8	1	0	0,0%	19	17	1

FIG. 3D