

19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 660 018**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/82** (2006.01)

**C07K 14/435** (2006.01)

**A01H 5/00** (2006.01)

**A01H 5/10** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **20.04.2012 PCT/EP2012/057333**

87 Fecha y número de publicación internacional: **26.10.2012 WO12143543**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **20.04.2012 E 12722309 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **29.11.2017 EP 2699686**

54 Título: **Plantas resistentes a plagas de insectos**

30 Prioridad:

**20.04.2011 US 201161477371 P**  
**18.07.2011 US 201161508826 P**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:  
**20.03.2018**

73 Titular/es:

**DEVGEN NV (100.0%)**  
**Technologiepark 30**  
**9052 Gent-Zwijnaarde, BE**

72 Inventor/es:

**BEGHYN, MYRIAM;**  
**BOGAERT, THIERRY;**  
**FELDMANN, PASCALE y**  
**RAEMAEKERS, ROMAAN**

74 Agente/Representante:

**LEHMANN NOVO, María Isabel**

ES 2 660 018 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

Plantas resistentes a plagas de insectos

**Campo de la invención**

5 La presente invención se refiere, en general, al control genético de infestación por parte de especies de plagas de insectos, particularmente a la prevención y/o el control de infestación por parte de plagas de plantas. Más específicamente, la invención se refiere a la regulación por disminución de la expresión de genes diana en especies de plagas de insectos por parte de moléculas de ácido ribonucleico (ARN) interferente. También se proporcionan plantas transgénicas que (i) expresan o son capaces de expresar ARN interferentes de la invención y (ii) son resistentes a la infestación por parte de especies de plagas de insectos.

**Antecedentes de la invención**

10 Existe abundancia de especies de plagas de insectos que pueden infectar o infestar una amplia variedad de ambientes y organismos hospedadores. Las plagas de insectos incluyen una variedad de especies de los órdenes de insectos *Hemiptera* (chinchas de campo), *Coleoptera* (escarabajos), *Siphonaptera* (pulgas), *Dichyoptera* (cucarachas y mantis), *Lepidoptera* (polillas y mariposas), *Orthoptera* (por ejemplo, langostas) y *Diptera* (moscas). La infestación por parte de plagas puede dar lugar a daños significativos. Las plagas de insectos que infestan especies de plantas son particularmente problemáticas en la agricultura, ya que pueden causar daños serios a cultivos y reducir significativamente los rendimientos de las plantas. Una amplia gama de diferentes tipos de plantas son susceptibles a la infestación por parte de plagas, incluyendo cultivos comerciales tales como arroz, algodón, soja, patata y maíz.

20 Tradicionalmente, la infestación con plagas de insectos se ha prevenido o controlado mediante el uso de plaguicidas químicos. Sin embargo, estos químicos no siempre son adecuados para su uso en el tratamiento de cultivos, ya que pueden ser tóxicos para otras especies y pueden provocar daño significativo al medio ambiente. En las décadas más recientes, los investigadores han desarrollado métodos más ecológicos para controlar la infestación por parte de plagas. Por ejemplo, se han utilizado microorganismos tales como las bacterias *Bacillus thuringiensis* que expresan de forma natural proteínas tóxicas para plagas de insectos. Los científicos han aislado los genes que codifican estas proteínas insecticidas y las han utilizado para generar cultivos transgénicos resistentes a plagas de insectos, por ejemplo, plantas de maíz y algodón manipuladas genéticamente para producir proteínas de la familia Cry.

25 Si bien las toxinas bacterianas han sido sumamente exitosas para controlar ciertos tipos de plagas, no son eficaces contra todas las especies de plagas. Por lo tanto, los investigadores han buscado otras estrategias dirigidas para controlar las plagas y en particular para lograr una interferencia de ARN o "silenciamiento génico" como medio para controlar plagas a nivel genético.

30 La interferencia de ARN "iARN" es un proceso mediante el cual la expresión de genes en el contexto de una célula o todo un organismo se regula por disminución con especificidad de secuencia. La iARN actualmente es una técnica bien establecida en la técnica de inhibición o regulación por disminución de la expresión de genes en una amplia gama de organismos, incluyendo organismos de plagas tales como hongos, nematodos e insectos. Además, estudios previos han demostrado que la regulación por disminución de genes diana en especies de plagas de insectos puede utilizarse como medio para controlar la infestación por parte de plagas.

35 El documento WO2007/074405 describe métodos para inhibir la expresión de genes diana en plagas de invertebrados, incluyendo el escarabajo de la patata de Colorado. Además, el documento WO2009/091864 describe composiciones y métodos para la supresión de genes diana de especies de plagas de insectos, incluyendo plagas del género *Lygus*.

40 Si bien el uso de la iARN para regular por disminución la expresión de genes en especies de plagas es bien conocido en la técnica, el éxito de esta técnica como medida para controlar las plagas depende de la selección de los genes diana más apropiados, concretamente aquellos en los que la pérdida de función provoca una alteración significativa en un proceso biológico esencial y/o la muerte del organismo. La presente invención, por tanto, está dirigida a la regulación por disminución de genes diana particulares en plagas de insectos como medio para alcanzar una prevención y/o control más eficaces de la infestación por parte de plagas de insectos, particularmente de plantas.

**Sumario de la invención**

45 Los autores de la presente invención buscaron identificar medios mejorados para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de insectos utilizando estrategias genéticas. En particular, investigaron el uso de la iARN para regular por disminución genes de tal forma que se altere la capacidad de la plaga de insectos de sobrevivir, crecer, perdurar a lo largo de las diferentes etapas del ciclo vital de los insectos (por ejemplo, mediante la metamorfosis de crisálida a adulto), colonizar ambientes específicos y/o infestar organismos hospedadores y así limitar el daño causado por la plaga.

- Por lo tanto, de acuerdo con un aspecto de la invención, se proporciona una planta transgénica, o material reproductor o de propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada, que expresa o es capaz de expresar al menos un ácido ribonucleico (ARN o ARN bicatenario) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución un gen diana en dicha plaga de insectos,
- 5 donde el ARN comprende al menos un elemento silenciador donde el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% complementaria a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189.
- En un aspecto particular de la invención, las moléculas de ARN interferente expresadas por las plantas de la presente invención comprenden al menos una región bicatenaria, típicamente el elemento silenciador del ARN interferente, que comprende una hebra de ARN codificante hibridada mediante formación de pares de bases complementarias a una hebra de ARN no codificante, donde la hebra codificante de la molécula de ARNbc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana.
- 10 En una realización, la presente invención se refiere a una planta transgénica, o material reproductor o de propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada que expresa o es capaz de expresar una molécula de ARN interferente que comprende al menos una región bicatenaria, típicamente el elemento silenciador de la molécula de ARN interferente, que comprende una hebra de ARN codificante hibridada por formación de pares de bases complementarias con una hebra de ARN no codificante, donde la hebra codificante de la molécula de ARNbc comprende una secuencia de al menos 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 nucleótidos contiguos, que es al menos un 85%, 90%, 95%, 98%, 99% o 100% complementaria a una secuencia de nucleótidos localizada dentro del transcrito de ARN de un gen diana del complejo de troponina/miofilamento.
- 15 En una realización, el gen diana codifica una proteína wings up A - de alas levantadas - (troponina I) de insecto (por ejemplo, un ortólogo de insecto de la proteína CG7178 Dm), estando representado dicho gen diana por las SEQ ID NO: 1 y 2. En una realización preferida, el ortólogo de insecto tiene al menos un 85%, 90%, 92%, 94%, 96%, 98%, 99%, 100% de identidad con la SEQ ID NO: 79.
- De acuerdo con un aspecto adicional de la divulgación, se proporciona un polinucleótido aislado seleccionado del grupo que consiste en:
- 30 (i) un polinucleótido que comprende al menos 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 y donde dicho polinucleótido es no más largo de 10 000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.
- 35 En un aspecto particular de la divulgación, el polinucleótido aislado es parte de una molécula de ARN interferente, típicamente parte del elemento silenciador, que comprende al menos una región bicatenaria que comprende una hebra de ARN codificante hibridada por formación de pares de bases complementarias a una hebra de ARN no codificante, donde la hebra codificante de la molécula de ARNbc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos localizada dentro del transcrito de ARN del gen diana. Más particularmente, el polinucleótido aislado se clona en una construcción de ADN en una orientación codificante y no codificante de forma tal que al transcribirse el polinucleótido codificante y no codificante se forma una molécula de ARNbc, que funciona tras la captación por parte de una plaga inhibiendo o regulando por disminución la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga.
- 40 En un aspecto, la presente divulgación se refiere a un polinucleótido aislado que se clona en una construcción de ADN en una orientación codificante y no codificante de modo que tras la transcripción del polinucleótido codificante y no codificante se forme una molécula de ARNbc, que funciona tras la captación por un insecto inhibiendo o regulando por disminución la expresión de un gen diana dentro del complejo de troponina/miofilamento.
- 45 En un aspecto, el gen diana codifica una proteína wings up A (troponina I) de insecto (por ejemplo, un ortólogo de insecto de la proteína CG7178 Dm), estando representado dicho gen diana por las SEQ ID NO: 1 y 2. En un aspecto preferido, el ortólogo de insecto tiene al menos un 85%, 90%, 92%, 94%, 96%, 98%, 99%, 100% de identidad con la SEQ ID NO: 79. De acuerdo con otros aspectos, la presente divulgación se refiere a un polinucleótido aislado que se clona en una construcción de ADN en una orientación codificante y no codificante de modo que tras la transcripción del polinucleótido codificante y no codificante se forme una molécula de ARNbc, que funciona tras la captación por un insecto inhibiendo o regulando por disminución la expresión de un gen diana que codifica una proteína ribosómica de insecto.
- 50 Preferiblemente, los métodos de la invención tienen aplicación práctica en la prevención y/o el control de infestación por parte de plagas de insectos, en particular, control de infestación por parte de plagas de plantas de cultivo tales
- 55

como, aunque sin limitación, algodón, patata, arroz, fresas, alfalfa, soja, tomate, colza, girasol, sorgo, mijo, maíz, berenjena, pimiento y tabaco. Además, el ARN interferente de la invención puede introducirse en las plantas a proteger mediante técnicas de ingeniería genética de rutina.

5 Por lo tanto, de acuerdo con otro aspecto de la invención, se proporciona un método para generar una planta transgénica resistente a la infestación por parte de una especie de plaga de insectos que comprende:

(a) transformar una célula vegetal con una construcción de ADN que comprende una secuencia polinucleotídica que codifica un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga de insectos, donde el gen diana

10 (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189, o el complemento de las mismas, o que tienen una secuencia de nucleótidos que, cuando las dos secuencias se alinean de forma óptima y se comparan, son al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticas a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189;

(b) regenerar una planta a partir de la célula vegetal transformada; y

15 (c) cultivar la planta transformada en condiciones adecuadas para la expresión del ARN interferente de la construcción de ADN recombinante, siendo dicha planta, por tanto, resistente a dicha plaga en comparación con una planta sin transformar.

20 En un aspecto adicional, en este documento se proporciona un método para prevenir y/o controlar la infestación por una plaga de insectos en un campo de plantas de cultivo, comprendiendo dicho método expresar en dichas plantas una cantidad eficaz de un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga de insectos, donde el ARN comprende al menos un elemento silenciador donde el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85% idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189.

En todos los aspectos de la divulgación, en aspectos preferidos, el gen diana

30 (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189, o el complemento de las mismas, o que tienen una secuencia de nucleótidos tal que, cuando las dos secuencias se alinean de forma óptima y se comparan, son al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticas a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189.

En todos los aspectos de la divulgación, en aspectos preferidos, el gen diana

35 (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189, o el complemento de las mismas, o que tienen una secuencia de nucleótidos tal que, cuando las dos secuencias se alinean de forma óptima y se comparan, son al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticas a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189.

### **Breve descripción de las Tablas y las Figuras**

**Tabla 1** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* identificadas de la primera detección.

**Tabla 1B** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* en la ruta de Lh594.

**Tabla 1C** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* identificadas de la segunda ronda de detección.

40 **Tabla 2** Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en *Lygus hesperus*.

**Tabla 3** Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en *Lygus hesperus*.

**Tabla 4** ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) que corresponden a genes diana de *Lygus hesperus* y cebadores para producir los ARNbc.

45 **Tabla 5** Dianas de *Lygus hesperus* clasificadas de acuerdo con las curvas de respuesta a dosis (DRC) y comparadas con las dianas de referencia Lh423 y Lh105.

**Tabla 6** Dianas de *Lygus hesperus* de la clasificación de la segunda ronda de detección de acuerdo con las DRC y comparadas con las dianas de referencia Lh423 y Lh594.

**Tabla 7** Presentación de las pruebas de patata transgénica que tiene horquillas de *Lygus hesperus*.

**Tabla 8** Secuencia de amplicones para el gen diana y los dos genes constitutivos para qRT-PCR.

- Tabla 9** Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en el escarabajo de la patata de Colorado (CPB).
- Tabla 10** Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en CPB.
- Tabla 11** ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) que corresponde a genes diana de CPB y cebadores para producir los ARNbc.
- 5 **Tabla 12** Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en el saltamontes pardo del arroz (BPH).
- Tabla 13** Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en BPH.
- Tabla 14** ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) correspondientes a los genes diana de BPH y los cebadores para producir los ARNbc.
- 10 **Tabla 15** Cebadores utilizados para la amplificación de ADNc de áfidos, basados en la secuencia genómica de pulgón del guisante.
- Tabla 16** Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en áfidos.
- Tabla 17** Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en áfidos.
- Tabla 18** ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) correspondientes a los genes diana de áfidos y los cebadores para producir los ARNbc.
- 15 **Tabla 19** Cebadores degenerados utilizados para la amplificación de ADNc de Ld594 de CPB
- Tabla 20** Cebadores degenerados utilizados para la amplificación de ADNc de BPH
- Tabla 21:** Dianas novedosas de *Leptinotarsa decemlineata* de la detección.
- Tabla 22:** Diana novedosa identificada de *Nilaparvata lugens*.
- Tabla 23:** Dianas novedosas identificadas de *Acyrtosiphon pisum*.
- 20 **Figura 1:** Segundo ensayo de confirmación de las placas Lh001\_009. Barras oscuras: mortalidad en el día 3 a 6, barras claras: mortalidad en el día 6 a 8. Los clones candidatos se nombraron usando los códigos de cribado "Lygxxx" y los códigos de nomenclatura de dianas "Lhxxx".
- Figura 2:** Segundo ensayo de confirmación de las placas Lh010\_020. Barras oscuras: mortalidad en el día 3 a 6, barras claras: mortalidad en el día 6 a 8. Los clones candidatos se nombraron usando los códigos de cribado "Lygxxx" y los códigos de nomenclatura de dianas "Lhxxx".
- 25 **Figura 3:** Análisis de mortalidad de dianas novedosas de *Lygus* de las placas Lh001 a Lh009, expresado como % de mortalidad en un periodo de 10 días. Los controles se indican con líneas de puntos. Control positivo: ARNbc de Lh423 (RpL19). Controles negativos: ARNbc de GFP y dieta únicamente (Control).
- 30 **Figura 4:** Análisis de mortalidad de dianas novedosas de *Lygus* de las placas Lh010 a Lh020, expresado como % de mortalidad en un periodo de 10 días. Los controles se indican con líneas de puntos. Control positivo: Lh423 (RpL19). Controles negativos: GFP y dieta únicamente (Control).
- Figura 5** Representación esquemática del vector de expresión de plantas que aloja el casete de ARN<sub>h</sub> de *Lygus hesperus*. RB: límite derecho; LB: límite izquierdo; P35S: Promotor 35S del Virus del Mosaico de la Coliflor; T35S: terminador de 35S del virus del mosaico de la coliflor; TNOS: terminador de la nopalina sintasa; GFP: gen indicador fluorescente verde; NPT II: secuencia codificante del gen de la neomicina fosfotransferasa II; KmR: gen de resistencia a kanamicina; pBR322 ori: origen de replicación de pBR322; pBR322 bom: movilización de pBR322; pVS1 rep: replicón de pVS1; pVS1 sta: elemento de estabilidad de pVS1.
- 35 **Figura 6** Montaje del ensayo de patata-*Lygus in planta*. Las flechas blancas indican los daños por los insectos.
- Figuras 7 a 11** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* - curvas de respuesta a la dosis a concentraciones de ARNbc sintético purificado que varían de 0,4 a 0,025 µg/µl (en la figura, la unidad "µg/µl" no se muestra). Se usaron ARNbc de GFP y agua milliQ como controles negativos. Los ARNbc de las dianas se produjeron usando los cebadores como se describe en la sección 1.1 de ejemplos.
- 40 **Figura 12** Curva de respuesta a la dosis de Lh594, a concentraciones de ARNbc que varían de 0,05 a 0,001 µg/µl. Se usaron ARNbc de GFP y agua milliQ como controles negativos.
- 45 **Figura 13 A** Actividad de ARNbc en bioensayo de *Lygus hesperus* en ausencia de ARNt. Lh594 (5 µg/µl); control positivo: Lh423 (5 µg/µl); controles negativos: ARNbc de GFP (5 µg/µl) y agua milliQ; **B** Identificación del límite de

actividad de Lh594 usando una concentración decreciente de ARNbc (de 5 µg a 0,25 µg). Controles negativos: ARNbc de GFP (5 µg/µl) y agua milliQ.

5 **Figura 14** Segundo ensayo de confirmación de las placas Lh010 a Lh020 de las dianas de la segunda detección. Barras oscuras: mortalidad en el día 4 a 8, barras claras: mortalidad en el día 4 a 6. Los clones candidatos se nombraron usando los códigos de cribado "Lygxxx" y los códigos de nomenclatura de dianas "Lhxxx".

**Figura 15** Resultados del ensayo para las dianas de la ruta de troponina de *Lygus*, ensayadas a 0,5 µg/µl fijos.

**Figuras 16 A-B** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* de la ruta de troponina - curvas de respuesta a la dosis a concentraciones de ARNbc sintético purificado que varían de 0,4 a 0,025 µg/µl (en la figura, la unidad "µg/µl" no se muestra siempre). Se usaron ARNbc de GFP y agua milliQ como controles negativos.

10 **Figuras 17 A-D** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* de las dianas de la segunda detección - curvas de respuesta a dosis a concentraciones de ARNbc sintético purificado que varían de 0,5 a 0,05 µg/µl. Se usaron ARNbc de GFP y agua milliQ como controles negativos.

15 **Figuras 18 A-B** Pruebas y selección de eventos transgénicos de GUS. Se evaluaron ocho eventos independientes de la línea transgénica de horquilla de GUS (P001) en el ensayo de una sola maceta de *Lygus hesperus* y se compararon con plántulas WT. Todas las plántulas se sometieron al mismo tratamiento. Se agregaron a cada maceta ninfas de *Lygus hesperus* de un día de vida y se verificó la supervivencia a los 9 días.

20 **Figura 19** Pruebas de los eventos transgénicos de Lh423: Se evaluaron 28 eventos transgénicos independientes (línea P006) en el ensayo de una sola maceta de *Lygus hesperus*. Las plántulas transgénicas de Lh423 se compararon con las plántulas WT y con los eventos transgénicos de GUS (línea P001). Se agregaron a cada maceta ninfas de *Lygus hesperus* de un solo día de vida y se verificó la supervivencia a los 9 días.

**Figura 20** Pruebas de los eventos transgénicos de Lh423: se muestran 6 eventos transgénicos independientes (P006) que provocaron > 60% de supervivencia. Las plántulas transgénicas de Lh423 se compararon con las plántulas WT y con las líneas transgénicas de GUS (P001). Se agregaron a cada maceta ninfas de *Lygus hesperus* de un solo día de vida y se verificó la supervivencia a los 9 días.

25 **Figura 21** Pruebas de los eventos transgénicos de Lh594: se evaluaron 25 eventos transgénicos independientes (P007) en el ensayo de una sola maceta de *Lygus hesperus*. Las plántulas transgénicas de Lh594 se compararon con las plántulas WT y con los eventos transgénicos de GUS (P001). Se agregaron a cada maceta ninfas de *Lygus hesperus* de un solo día de vida y se verificó la supervivencia a los 11 días.

30 **Figura 22** Pruebas de los eventos transgénicos de Lh594: se muestran 6 eventos transgénicos independientes (P007) que provocaron un 60% de supervivencia. Las plántulas transgénicas de Lh594 se compararon con las plántulas WT y con las líneas transgénicas de GUS (P001). Se agregaron a cada maceta ninfas de *Lygus hesperus* de un solo día de vida y se verificó la supervivencia a los 11 días.

35 **Figura 23** Valor relativo de los niveles de ARNm de Lh423 en los insectos después de alimentarse durante 5 días en plantas transgénicas que contenían una horquilla de GUS o una horquilla de Lh423. Se analizaron las muestras con cebadores que amplifican Lh423. Los datos se normalizaron usando GeNorm, con 2 genes constitutivos, Lh425 y Lh427.

**Figura 24** Análisis de supervivencia de larvas de CPB tratadas con 1 µg de ARNbc de Ld594, Ld619 y Ld620. Los controles positivos incluyeron 1 µg de ARNbc de las dianas de referencia Ld513 y Ld049. Los controles negativos incluyeron agua milliQ y FP.

40 **Figura 25** Efectos de ARNbc de Ld594, Ld619 y Ld620 tras pupación de larvas de CPB de 4.º estadio, en comparación con el control sin tratar (UTC). Se alimentaron chinches con 1 µg de ARNbc dispensado en discos de hojas de patata, luego se dejaron alimentarse con hojas de patata sin tratar (A) durante 4 días antes de colocarse sobre vermiculita. Para evaluar el efecto del ARNbc, los insectos muertos se excavaron de la vermiculita (debido a los efectos fuertes inducidos por el ARNbc de Ld594, no se recuperaron pupas de la vermiculita y, por lo tanto, no hay ninguna imagen disponible para este ARNbc diana) (B).

**Figura 26** Efecto del ARNbc de Ld594, 619 y 620 de CPB en la supervivencia y estado físico de adultos de CPB. Las evaluaciones se realizaron en los días 4, 6, 7, 8, 11 y 13. Control MQ: agua milliQ.

50 **Figura 27** Actividad del ARNbc de la ruta de NI594 en saltamontes pardo del arroz. Los ARNbc se evaluaron a 0,5 µg/µl en presencia de un 0,1% de CHAPSO. Control positivo: ARNbc de NI537 (0,5 µg/µl), controles negativos: ARNbc de GFP (0,5 µg/µl) y dieta únicamente.

**Figure 28** Actividad del ARNbc de Ap594, Ap423, Ap537 y Ap560 en *A. pisum*. Los ARNbc se ensayaron a 0,5 µg/µl en presencia de 5 µg/µl de ARNt. Control negativo: ARNbc de GFP (0,5 µg/µl).

**Figura 29** Porcentajes de mortalidad de larvas de *L. decemlineata* con dieta tratadas con ARNbc. Ld583, Ld584, Ld586 y Ld588 representan clones diana. Control positivo: Ld513; control negativo: FP.

**Descripción detallada de la invención**

5 Los autores de la presente invención han descubierto que la regulación por disminución de la expresión de genes diana particulares en especies de plagas de insectos mediante iARN puede utilizarse para prevenir y/o controlar de modo eficaz la infestación por parte de dichas plagas de insectos. El uso de la iARN para regular por disminución la expresión de genes diana en especies de plagas de insectos se aplica en este documento a la generación de plantas resistentes a la infestación por parte de plagas de insectos.

10 Por lo tanto, en un primer aspecto, la presente invención proporciona plantas transgénicas resistentes a la infestación por parte de especies de plagas de insectos. En particular, en este documento se proporcionan plantas transgénicas que expresan o son capaces de expresar al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana como se describe en otras partes de este documento dentro de dicha plaga. El ARN interferente puede ser cualquiera de los divulgados más adelante en este documento. Preferiblemente, el ARN interferente comprende o consiste en al menos un elemento silenciador y dicho elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales (la hebra codificante) comprende una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana. La regulación por disminución de un gen diana de plaga puede utilizarse para alterar una función o proceso biológico esencial en la plaga, donde "esencial" se refiere al hecho de que la función o el proceso es necesario para iniciar o mantener la infestación por parte de la plaga.

20 Como se usa en este documento, el término "planta" puede incluir cualquier material reproductor o de propagación para una planta. Las referencias a una planta también pueden incluir células vegetales, protoplastos vegetales, cultivos de tejidos vegetales, callos vegetales, acúmulos vegetales y células vegetales que están intactas en plantas o partes de plantas, tales como embriones, polen, óvulos, semillas, hojas, flores, ramas, frutos, granos, espigas, mazorcas, cáscaras, tallos, raíces, puntas de raíces y similares. La descendencia, las variantes y los mutantes de cualquiera de las plantas transgénicas descritas en este documento se encuentran dentro del alcance de la presente invención. También se incluyen las semillas de cualquiera de dichas plantas transgénicas.

30 Como se usa en este documento, el término "control" de una infestación por plaga se refiere a cualquier efecto sobre una plaga que sirve para limitar y/o reducir los números de organismos de plagas y/o la lesión provocada por la plaga. Los genes diana preferidos son, por lo tanto, genes esenciales que controlan o regulan una o más funciones biológicas esenciales dentro de la plaga de insectos, por ejemplo, división celular, reproducción, metabolismo energético, digestión, función neurológica y similares. La regulación por disminución de estos genes esenciales mediante técnicas de iARN puede provocar la muerte del insecto o de otra forma, retardar de modo significativo el crecimiento y desarrollo o deteriorar la capacidad de la plaga de colonizar un ambiente o infestar organismos hospedadores.

35 Los autores de la presente invención ahora han identificado genes diana mejores de especies de plagas de insectos que pertenecen al género *Lygus*, *Leptinotarsa*, *Nilaparvata* y *Acyrtosiphum*, que son dianas concebidas para su uso individual o en combinación como un medio eficaz para el control mediado por iARN de la infestación de insectos de cultivos agrónomicamente importantes. Los ortólogos de estos genes diana recientemente identificados pueden utilizarse en otras especies de insectos para controlar la infestación por parte de plagas de los cultivos relevantes correspondientes.

40 Más específicamente, los autores de la presente invención describen en esta ocasión que los genes que codifican las proteínas del complejo de troponina/miofilamento forman excelentes genes diana para la supresión por parte de la maquinaria de inhibición de ARN. Uno de estos genes diana codificaba la proteína troponina I de insecto (wings up A) que es un ortólogo de la proteína de *Drosophila* CG7178. Esta proteína está implicada en la contracción muscular y pertenece a una ruta fisiológica que aún no había sido totalmente explorada para el control de plagas (insectos) mediante la inhibición de ARN. Además, dado que este complejo proteico es específico para animales, no se conocen homólogos u ortólogos de genes vegetales, lo que reduce el riesgo de fenotipos vegetales de tipo incorrecto al expresar el ARNbc diana en plantas. Adicionalmente, en *Drosophila*, la troponina I se describe como un gen haploinsuficiente que exhibe un fenotipo mutante en estado heterocigoto. Estos genes son particularmente susceptibles a los niveles de expresión de ARNm reducidos y, como tales, pueden considerarse dianas ideales de la iARN.

45 A continuación se enumeran genes diana adicionales interesantes en este complejo de troponina/miofilamento y están siendo adicionalmente evaluados para el control mediante iARN en *Lygus hesperus* y otras especies de plagas de insectos:

| ID anotación | Citología                             | Identificador de Dm |
|--------------|---------------------------------------|---------------------|
| up           | sostenida                             | CG7107              |
| Tm1          | tropomiosina 1                        | CG4898              |
| Tm2          | tropomiosina 2                        | CG4843              |
| Mhc          | cadena pesada de miosina              | CG17927             |
| Mlc-c        | cadena citoplásmica ligera de miosina | CG3201              |
| sqh          | calabacín                             | CG3595              |
| zip          | cremallera                            | CG15792             |

5 En una realización, la presente invención se refiere a una planta o material reproductor o de propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada, que expresa o es capaz de expresar un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución un gen diana en dicha plaga de insectos, donde el ARN comprende al menos un elemento silenciador donde el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 2 o el complemento de las mismas.

10 En una realización preferida, el gen diana codifica una proteína de insecto troponina I (por ejemplo, un ortólogo de insecto de la proteína CG7178 Dm).

15 En una realización, la presente invención se refiere a una planta o material reproductor o de propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada, que expresa o es capaz de expresar un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución un gen diana en dicha plaga de insectos, donde el ARN comprende al menos un elemento silenciador donde el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas.

20 Como se usa en este documento, un "gen diana" comprende cualquier gen en la plaga de insectos que se pretende regular por disminución. En una realización preferida, el gen diana se regula por disminución de forma tal que controla la infestación por parte de la plaga, por ejemplo, alterando un proceso biológico esencial de la plaga, o disminuyendo la patogenicidad de la plaga. Los genes diana preferidos incluyen, por lo tanto, aunque sin limitación, aquellos que tienen funciones clave en la regulación de la alimentación, supervivencia, crecimiento, desarrollo, reproducción, infestación e infectividad. De acuerdo con una realización, el gen diana es tal que cuando su expresión se regula por disminución o se inhibe, la plaga de insectos muere. De acuerdo con otra realización, el gen diana es tal que cuando su expresión se regula por disminución o se inhibe, se previene o retarda o atrofia o retrasa o impide el crecimiento de la plaga, se previene la reproducción de la plaga, o se previene la transición a través de ciclos vitales de la plaga. De acuerdo con otra realización de la invención, el gen diana es tal que cuando su expresión se regula por disminución o se inhibe, se reduce el daño causado por la plaga y/o la capacidad de la plaga de infectar o infestar ambientes, superficies y/o especies de plantas o cultivos; o la plaga deja de alimentarse de sus recursos alimenticios naturales tales como plantas y productos de las plantas. En general, los términos "infestar" e "infectar" o "infestación" e "infección" se utilizan indistintamente en todo el documento.

35 Los genes diana pueden expresarse en todas o algunas de las células de la plaga de insectos. Además, los genes diana pueden expresarse solamente por la plaga de insectos en una etapa particular de su ciclo vital, por ejemplo, la fase de adulto maduro, la fase de ninfa o larva inmadura o la etapa de huevos.

Como se usa en este documento, las especies de "plaga" son preferiblemente especies de insectos que causan infección o infestación, preferiblemente de plantas.

40 Los insectos patógenos de plantas preferidos de acuerdo con la invención son plagas de plantas que se seleccionan del grupo que consiste en *Leptinotarsa* spp. (por ejemplo, *L. decemlineata* (escarabajo de la patata de Colorado), *L. juncta* (falso escarabajo de la patata) o *L. texana* (falso escarabajo de la patata de Texas)); *Nilaparvata* spp. (por ejemplo, *N. lugens* (saltamontes pardo del arroz)); *Laodelphax* spp. (por ejemplo, *L. striatellus* (saltamontes pardo pequeño del arroz)); *Nephotettix* spp. (por ejemplo, *N. virescens* o *N. cincticeps* (saltahojas verde) o *N. nigropictus*

(saltahojas del arroz)); *Sogatella* spp. (por ejemplo, *S. furcifera* (saltaplantas de dorso blanco)); *Chilo* spp. (por ejemplo, *C. suppressalis* (barrenador bandeado de los tallos del arroz), *C. auricilius* (barrenador de franjas doradas de los tallos) o *C. polychrysus* (barrenador de cabeza oscura de los tallos)); *Sesamia* spp. (por ejemplo, *S. inferens* (barrenador rosa del arroz)); *Tryporyza* spp. (por ejemplo, *T. innotata* (barrenador blanco del arroz) o *T. incertulas* (barrenador amarillo del arroz)); *Anthonomus* spp. (por ejemplo, *A. grandis* (gorgojo del algodón)); *Phaedon* spp. (por ejemplo, *P. cochleariae* (escarabajo de las hojas de la mostaza)); *Epilachna* spp. (por ejemplo, *E. varivertis* (barrenador de las judías mexicano)); *Tribolium* spp. (por ejemplo, *T. castaneum* (escarabajo rojo del suelo)); *Diabrotica* spp. (por ejemplo, *D. virgifera virgifera* (gusano de la raíz del maíz occidental), *D. barberi* (gusano de la raíz del maíz norteamericano), *D. undecimpunctata howardi* (gusano de la raíz del maíz sureño), *D. virgifera zea* (gusano de la raíz del maíz mexicano)); *Ostrinia* spp. (por ejemplo, *O. nubilalis* (barrenador del maíz europeo)); *Anaphothrips* spp. (por ejemplo, *A. obscurus* (arañuela del césped)); *Pectinophora* spp. (por ejemplo, *P. gossypiella* (gusano cogollero rosa)); *Heliothis* spp. (por ejemplo, *H. virescens* (gusano de los brotes del tabaco)); *Trialeurodes* spp. (por ejemplo, *T. abutiloneus* (mosca blanca de alas bandeadas), *T. vaporariorum* (mosca blanca de invernadero)); *Bemisia* spp. (por ejemplo, *B. argentifolii* (mosca blanca de hojas plateadas)); *Aphis* spp. (por ejemplo, *A. gossypii* (pulgón del algodón)); *Lygus* spp. (por ejemplo, *L. lineolaris* (chinche manchada) o *L. hesperus* (chinche manchada del oeste)); *Euschistus* spp. (por ejemplo, *E. conspersus* (chinche hedionda moteada)); *Clorochroa* spp. (por ejemplo, *C. sayi* (chinche de las llanuras)); *Nezara* spp. (por ejemplo, *N. viridula* (chinche verde del sur)); *Thrips* spp. (por ejemplo, *T. tabaci* (arañuelas de la cebolla)); *Frankliniella* spp. (por ejemplo, *F. fusca* (arañuela del tabaco) o *F. occidentalis* (arañuela de las flores occidental)); *Acheta* spp. (por ejemplo, *A. domesticus* (grillo del hogar)); *Myzus* spp. (por ejemplo, *M. persicae* (pulgón verde del melocotonero)); *Macrosiphum* spp. (por ejemplo, *M. euphorbiae* (pulgón de la patata)); *Blissus* spp. (por ejemplo, *B. leucopterus leucopterus* (chinche de los cereales)); *Acrosternum* spp. (por ejemplo, *A. hilare* (chinche hedionda verde)); *Chilotranea* spp. (por ejemplo, *C. polychrysa* (barrenador de las cañas del arroz)); *Lissorhoptrus* spp. (por ejemplo, *L. oryzophilus* (gorgojo del agua del arroz)); *Rhopalosiphum* spp. (por ejemplo, *R. maidis* (pulgón de las hojas del maíz)); y *Anuraphis* spp. (por ejemplo, *A. maidiradicis* (pulgón de la raíz del maíz)).

De acuerdo con realizaciones más específicas, la invención es aplicable a especies que pertenecen a la familia de Chrysomelidae o galerucas. Escarabajos crisomélidos, tales como escarabajos de la patata de Colorado, pulguitas, gusanos de la raíz del maíz y curculiónidos tales como los gorgojos del arroz son plagas particularmente importantes. Especies Leptinotarsa específicas para controlar de acuerdo con la invención incluyen el escarabajo de la patata de Colorado (*Leptinotarsa decemlineata* (Say) y falso escarabajo de la patata (*Leptinotarsa juncta* (Say)). CPB es una plaga (grave) de nuestra patata nacional, otras especies de patata de tubérculo y sin tubérculo cultivadas y silvestres y otras especies de plantas solanáceas (solanos) incluyendo las especies de cultivo tomate, berenjena, pimientos, tabaco (especies *Nicotiana* incluyendo plantas ornamentales), alquequenje, arroz, maíz o algodón; y las especies de malezas/hierbas, ortiga de caballo, solano común, manzana espinosa, beleño y duraznillo. Los gusanos de la raíz del maíz incluyen especies encontradas en el género *Diabrotica* (por ejemplo, *D. undecimpunctata undecimpunctata*, *D. undecimpunctata howardii*, *D. longicornis*, *D. virgifera* y *D. balteata*). Los gusanos de la raíz del maíz provocan grandes daños al maíz y las cucurbitáceas.

De acuerdo con una realización más específica, la invención es aplicable a especies que pertenecen al orden de hemipteros (familia de Aphidoidea), tales como *Myzus persicae* (pulgón verde del melocotonero), *Aphis fabae* (pulgón de la judía negra), *Acyrtosiphum pisum* (pulgón del guisante), *Brevicoryne brassicae* (pulgón del repollo), *Sitobion avenae* (pulgón de los cereales), *Cavariella aegopodii* (pulgón de la zanahoria), *Aphis craccivora* (pulgón del cacahuete), *Aphis gossypii* (pulgón del algodón), *Toxoptera aurantii* (pulgón negro de los cítricos), *Cavariella spp* (pulgón del sauce), *Chaitophorus spp* (pulgones de las hojas del sauce), *Cinara spp.* (pulgones del pino negro), *Drepanosiphum platanoides* (pulgones del sicomoro) *Elatobium spp* (pulgones del abeto) que causan daño a plantas tales como árboles Prunus, particularmente melocotonero, albaricoquero y ciruelo; árboles que son principalmente cultivados para producción de madera tales como sauces y álamos, a cultivos en hileras tales como maíz, algodón, soja, trigo y arroz, a cultivos de hortalizas de las familias Solanaceae, Chenopodiaceae, Compositae, Cruciferae y Cucurbitaceae, incluyendo aunque sin limitación, alcachofa, espárrago, judías, remolachas, brécol, coles de Bruselas, repollo, zanahoria, coliflor, cantalupo, apio, maíz, pepino, hinojo, col rizada, colirrábano, nabo, berenjena, lechuga, mostaza, quingombó, perejil, chirivía, guisante, pimiento, patata, rábano, espinaca, calabacín, tomate, nabo, berro y sandía; o cultivos de campo tales como, aunque sin limitación, tabaco, remolacha azucarera y girasol; un cultivo de flores u otras plantas ornamentales tales como pinos y coníferas. Otros hemipteros pertenecen a *Nilaparvata ssp.* (por ejemplo, *N. lugens*, *Sogatella furcifera*) y causan daños a las plantas del arroz. Otros hemipteros pertenecen a *Lygus ssp.* (por ejemplo, *Lygus hesperus*, *Lygus rugulipennis*, *Lygus lineolaris*, *Lygus sully*) y otras especies de insectos que se alimentan de plantas en la familia de los Miridae, y causan daño a plantas de algodón, patatas, fresas, algodón, alfalfa, colza, melocotón, ciruelas, uva, lechuga, berenjena, cebolla y judías verdes. También varios árboles mediterráneos y varios árboles ornamentales tales como el olmo (*Ulmus spp.*), pino piñonero (*Pinus Pinea*), plátano de Londres (*Platanus Acerifolia*), pomera blanca (*Malus alba*). Otros hemipteros pertenecen a la familia de los Pentatomidae y son comúnmente conocidos como chinche de escudo y chinches hediondas (por ejemplo, la chinche hedionda marmórea marrón (*Halyomorpha halys*), la chinche hedionda moteada (*Euschistus conspersus*), chinche verde del sur (*Nezara viridula*), chinche del bosque (*Pentatoma rufipes*), chinche Arlequín (*Murgantia histrionica*) y chinche del arroz (*Oebalus pugnax*)) y causan daño a frutas, incluyendo manzanas, melocotones, higos, moras, frutas cítricas y caquis, mora, y hortalizas, incluyendo maíz dulce, tomates, semillas de soja, judías de Lima y pimientos verdes, repollo, coliflor, nabos, rábano picante, coles, mostaza, coles de

Bruselas, patata, berenjena, quingombó, judías, espárrago, remolachas, malezas, árboles frutales y cultivos de campo tales como campos de maíz y semillas de soja. Las chinches también son una plaga de céspedes, sorgo y arroz.

5 Una planta a usar en los métodos de la invención, o una planta transgénica de acuerdo con la invención, abarca cualquier planta, pero es preferiblemente una planta que es susceptible a ser infestada por parte de un insecto patógeno de planta.

Por consiguiente, la presente invención incluye plantas y métodos como se describe en este documento, donde la planta se elige del siguiente grupo de plantas (o cultivos): alfalfa, manzana, albaricoque, alcachofa, espárrago, aguacate, plátano, cebada, judías, remolacha, mora, arándano, brécol, coles de Bruselas, repollo, colza, zanahoria, 10 yuca, coliflor, un cereal, apio, cereza, cítrico, clementina, café, maíz, algodón, pepino, berenjena, escarola, eucalipto, higos, uvas, pomelo, cacahuetes, alquequenje, kiwi, lechuga, puerro, limón, lima, pino, maíz, mango, melón, mijo, champiñón, semillas de avena, quingombó, cebolla, naranja, una planta o flor o árbol ornamental, papaya, perejil, guisante, melocotón, cacahuete, turba, pimiento, caqui, piña, plátano grande, ciruela, granada, patata, calabaza, achicoria, rábano, semilla de colza, frambuesa, arroz, centeno, sorgo, soja, semilla de soja, espinacas, fresa, 15 remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, batata, mandarina, té, tabaco, tomate, una vid, sandía, trigo, ñames y calabacín.

En aspectos específicos, la presente divulgación proporciona genes diana que codifican proteínas implicadas en la función de una proteína wings up A (troponina I), una proteína mitocondrial citocromo c oxidasa subunidad II o una de las proteínas ribosómicas especificadas en la tabla 1.

20 En aspectos preferidos, la presente divulgación proporciona genes diana seleccionados del grupo de genes (i) que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189, o el complemento de las mismas, o que tienen una secuencia de nucleótidos tal que, cuando las dos secuencias se alinean de forma óptima y se comparan, son al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticas a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189, o el complemento de las mismas;

25 y donde la secuencia de nucleótidos de dicho gen no tiene más de 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos de longitud.

Como se usa en este documento, la expresión "que tiene" tiene el mismo significado que "que comprende".

Como se usa en este documento, la expresión "identidad de secuencia" se utiliza para describir la relación de secuencia entre dos o más nucleótidos o secuencias de aminoácidos. El porcentaje de "identidad de secuencia" 30 entre dos secuencias se determina comparando dos secuencias óptimamente alineadas en una ventana de comparación (un número definido de posiciones), donde la porción de la secuencia en la ventana de comparación puede comprender adiciones o eliminaciones (es decir, brechas) en comparación con la secuencia de referencia para lograr una alineación óptima. El porcentaje de identidad de secuencia se calcula determinando el número de posiciones en las que aparece la base nucleotídica o resto de aminoácido idéntico en ambas secuencias para 35 producir el número de posiciones "coincidentes", dividiendo el número de posiciones coincidentes por el número total de posiciones en la ventana de comparación y multiplicando el resultado por 100. Los métodos y programas informáticos para determinar la identidad de secuencia están disponibles en la técnica e incluyen el software Blast y el análisis GAP. Para ácidos nucleicos, el porcentaje de identidad se calcula preferiblemente mediante la herramienta de alineación BlastN, con la cual se calcula el porcentaje de identidad en la totalidad de la longitud de la 40 secuencia de nucleótidos de consulta.

Un experto en la materia reconocerá que pueden identificarse homólogos u ortólogos (homólogos que existen en diferentes especies) de los genes diana representados por cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189. También se divulgan estos homólogos y/u ortólogos de plagas. Los homólogos y/u ortólogos preferidos 45 son genes de secuencia de nucleótidos similar a un grado tal que cuando los dos genes se alinean de forma óptima y se comparan, el homólogo y/o el ortólogo tienen una secuencia que es al menos un 85%, más preferiblemente al menos un 90% o un 95%, y mucho más preferiblemente al menos aproximadamente un 99% idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas. De forma similar, los homólogos y/u ortólogos preferidos también son proteínas que son similares en la secuencia de aminoácidos al punto de que cuando las dos secuencias de aminoácidos se alinean y comparan de forma óptima, el homólogo y/u 50 ortólogo tiene una secuencia que es al menos un 75%, preferiblemente al menos un 80% o un 85%, más preferiblemente al menos un 90% o un 95%, y aún más preferiblemente al menos aproximadamente un 99% idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO: 79 a 91, 326-359, 390-395.

Otros homólogos son genes que son alelos de un gen que comprende una secuencia representada por cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189. Homólogos preferidos adicionales son genes que 55 comprenden al menos un polimorfismo de un único nucleótido (SNP) en comparación con un gen que comprende una secuencia representada por cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189.

El "ácido ribonucleico (ARN) interferente" de la presente divulgación es cualquier tipo de molécula de ARN capaz de regular por disminución o de "silenciar" la expresión de un gen diana incluyendo, aunque sin limitación, ARN

codificante, ARN no codificante, ARN interferente pequeño (ARNip), microARN (miARN), ARN bicatenario (ARNbc), ARN en horquilla (ARN) y similares. Los métodos para evaluar moléculas funcionales de ARN interferente son bien conocidos en la técnica y se describen en otras partes de este documento.

5 Las moléculas de ARN interferente de la presente invención producen la regulación por disminución específica de las secuencias de expresión de un gen diana mediante la unión a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana. La unión se produce como resultado de la formación de pares de bases entre regiones complementarias del ARN interferente y la secuencia de nucleótidos diana. Como se usa en este documento, la expresión "elemento silenciador" se refiere a la porción o región del ARN interferente que comprende o consiste en una secuencia de nucleótidos que es complementaria, o al menos parcialmente complementaria, a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana, y que funciona como la porción activa del ARN interferente para dirigir la regulación por disminución de la expresión de dicho gen diana. En un aspecto de la divulgación, el elemento silenciador comprende o consiste en una secuencia de al menos 17 nucleótidos contiguos, preferiblemente al menos 18 o 19 nucleótidos contiguos, más preferiblemente al menos 21 nucleótidos contiguos, incluso más preferiblemente al menos 22, 23, 24 o 25 nucleótidos contiguos complementarios a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana.

15 Como se usa en este documento, "expresión de un gen diana" se refiere a la transcripción y acumulación del transcrito de ARN codificado por un gen diana y/o la traducción del ARNm en proteína. La expresión "regular por disminución" pretende hacer referencia a cualquiera de los métodos conocidos en la técnica mediante los cuales las moléculas de ARN interferente reducen el nivel del transcrito primario de ARN, ARNm o proteína producida a partir de un gen diana. En ciertas realizaciones, la regulación por disminución se refiere a una situación en la que el nivel de ARN o proteína producida a partir de un gen se reduce al menos un 10%, preferiblemente al menos un 33%, más preferiblemente al menos un 50%, aún más preferiblemente al menos un 80%. En realizaciones particularmente preferidas, la regulación por disminución se refiere a una reducción en el nivel de ARN o proteína producida a partir de un gen al menos un 80%, preferiblemente al menos un 90%, más preferiblemente al menos un 95%, y aún más preferiblemente al menos un 99% dentro de las células de la plaga de insectos en comparación con una plaga de insectos de control apropiada que, por ejemplo, no se ha expuesto a un ARN interferente o se ha expuesto a una molécula de ARN interferente de control. En la técnica se conocen bien los métodos para detectar reducciones en los niveles de ARN o proteína e incluyen hibridación en solución de ARN, hibridación de tipo Northern, transcripción inversa (por ejemplo, análisis por RT-PCR cuantitativa), análisis de micromatrices, unión de anticuerpos, ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA) y transferencia de Western. En otra realización de la invención, la regulación por disminución se refiere a una reducción en los niveles de ARN o proteína suficiente para provocar un cambio detectable en un fenotipo de la plaga en comparación con un control de plaga apropiado, por ejemplo, muerte celular, detención del crecimiento o similares. La regulación por disminución puede medirse, por tanto, mediante análisis fenotípico de la plaga de insectos utilizando técnicas de rutina en la técnica.

35 En un aspecto preferido de la divulgación, el ARN interferente regula por disminución la expresión génica por interferencia de ARN o iARN. La iARN es un proceso de regulación génica específica de secuencia típicamente mediada por moléculas de ARN bicatenarias tales como ARN interferentes pequeños (ARNip). Los ARNip comprenden una hebra de ARN codificante hibridada por formación de pares de bases complementarias con una hebra de ARN no codificante. La hebra codificante o "hebra guía" de la molécula de ARNip comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana. La hebra codificante del ARNip es capaz, por lo tanto, de hibridar con el transcrito de ARN mediante formación de pares de bases de Watson-Crick y de dirigirse al ARN para su degradación dentro de un complejo celular conocido como el complejo del silenciamiento inducido por iARN o RISC. Por tanto, en el contexto de las moléculas preferidas de ARN interferente de la presente invención, el elemento silenciador como se menciona en este documento puede ser una región bicatenaria que comprende hebras complementarias hibridadas, de las cuales al menos una hebra comprende o consiste en una secuencia de nucleótidos que es complementaria o al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana. En una realización, la región bicatenaria tiene una longitud de al menos 30, 35, 40, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 125, 150, 175, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 pares de bases.

50 También se contemplan dentro del alcance de la presente invención moléculas de ARN bicatenarias (ARNbc) más largas que comprenden uno o más elementos silenciadores bicatenarios funcionales como se describe en otras partes en este documento y capaces de lograr el silenciamiento de genes mediado por iARN. Dichas moléculas de ARNbc más largas comprenden al menos 80, 200, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 pares de bases. Estas moléculas de ARNbc pueden servir como precursores para las moléculas de ARNip activas que dirigen el transcrito de ARN al complejo RISC para la posterior degradación. Las moléculas de ARNbc presentes en el entorno que rodea a un organismo o las células del mismo pueden captarse por el organismo y procesarse por una enzima llamada Dicer para producir moléculas de ARNip. De forma alternativa, el ARNbc puede producirse *in vivo*, es decir, transcribirse de un polinucleótido o polinucleótidos que codifican el mismo, presente dentro de una célula, por ejemplo, una célula bacteriana o célula vegetal, y a continuación procesarse mediante Dicer dentro de la célula hospedadora o preferiblemente dentro de las células de la plaga de insectos tras la captación del precursor de ARNbc más largo. El ARNbc puede estar formado por dos hebras de ARN (codificante y no codificante) separadas que hibridan en virtud de la formación de pares bases complementarias. De forma alternativa, el ARNbc puede ser de una sola hebra que es capaz de plegarse sobre sí misma para formar un ARN en horquilla (ARN) o estructura de tallo-bucle. En el caso de un ARN, la región

bicatenaria o "tallo" se forma a partir de dos regiones o segmentos del ARN que son esencialmente repeticiones invertidas del otro y presentan complementariedad suficiente para permitir la formación de una región bicatenaria. Uno o más elementos silenciadores bicatenarios funcionales pueden estar presentes en esta región de "tallo" de la molécula. Las regiones de repeticiones invertidas están típicamente separadas mediante una región o segmento del ARN conocido como la región de "bucle". Esta región puede comprender cualquier secuencia de nucleótidos que confiera flexibilidad suficiente para permitir que se produzca el autoemparejamiento entre las regiones complementarias flanqueadoras del ARN. En general, la región de bucle es básicamente monocatenaria y actúa como un elemento separador entre las repeticiones invertidas.

Todas las moléculas de ARN interferente de la invención producen la regulación por disminución específica de las secuencias de expresión de un gen diana mediante la unión a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana. La unión se produce como resultado de la formación de pares de bases complementarias entre el elemento silenciador del ARN interferente y la secuencia de nucleótidos diana. Las moléculas de ARN interferente de la invención comprenden al menos uno o al menos dos elementos silenciadores. En una realización de la presente invención, la secuencia de nucleótidos diana comprende una secuencia de nucleótidos representada por el transcrito de ARN del gen diana, o un fragmento del mismo, donde el fragmento es preferiblemente de al menos 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 nucleótidos. En un aspecto preferido de la presente divulgación, la secuencia de nucleótidos diana comprende una secuencia de nucleótidos equivalente al transcrito de ARN codificado por cualquiera de los polinucleótidos seleccionados del grupo que consiste en (i) un polinucleótido que comprende al menos 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas. En un aspecto más preferido de lo anterior, dicho polinucleótido no es más largo de 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.

Preferiblemente, las moléculas de ARN interferente de la presente invención comprenden al menos una región bicatenaria, típicamente el elemento silenciador del ARN interferente, que comprende una hebra de ADN codificante hibridada por formación de pares de bases complementarias con una hebra de ARN no codificante, donde la hebra codificante de la molécula de ARNbc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos localizada dentro del transcrito de ARN del gen diana.

El elemento silenciador, o al menos una hebra del mismo donde el elemento silenciador es bicatenario, puede ser totalmente complementario o parcialmente complementario a la secuencia de nucleótidos diana del gen diana. Como se usa en este documento, la expresión "totalmente complementario" significa que todas las bases de la secuencia de nucleótidos del elemento silenciador son complementarias o "coinciden" con las bases de la secuencia de nucleótidos diana. La expresión "al menos parcialmente complementario" significa que hay una coincidencia menor a un 100% entre las bases del elemento silenciador y las bases de la secuencia de nucleótidos diana. El experto en la materia comprenderá que el elemento silenciador necesita ser solo al menos parcialmente complementario a la secuencia de nucleótidos diana para mediar la regulación por disminución de la expresión del gen diana. En la técnica existe constancia de que las secuencias de ARN con inserciones, eliminación y emparejamientos incorrectos con respecto a la secuencia diana pueden seguir siendo eficaces para la iARN. De acuerdo con la presente invención, se prefiere que el elemento silenciador y la secuencia de nucleótidos diana del gen diana compartan al menos un 85% de identidad de secuencia, preferiblemente al menos un 90% o 95% de identidad de secuencia, o más preferiblemente al menos un 97% o 98% de identidad de secuencia y aún más preferiblemente al menos un 99% de identidad de secuencia. De forma alternativa, el elemento silenciador puede comprender 1, 2 o 3 emparejamientos incorrectos en comparación con la secuencia de nucleótidos diana en cada extensión de 24 nucleótidos parcialmente complementarios.

El experto en la materia apreciará que el grado de complementariedad compartido entre el elemento silenciador y la secuencia de nucleótidos diana puede variar dependiendo del gen diana a regularse por disminución o dependiendo de la especie de plaga de insectos cuya expresión de genes se tiene que controlar.

En otra realización de la presente invención, el elemento silenciador comprende una secuencia de nucleótidos que es el ARN equivalente de cualquiera de los polinucleótidos seleccionados del grupo que consiste en un polinucleótido que comprende al menos 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100 o 1115 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas, o (ii) un polinucleótido que comprende al menos 21, preferiblemente al menos 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 125, 150, 175, 200, 225, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 700, 800, 900, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada en cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas, de modo que, cuando las dos secuencias se alinean de forma óptima y se comparan, dicho polinucleótido es al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas. Se apreciará que en dichas realizaciones el elemento silenciador puede comprender o consistir en una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, de las cuales una hebra, la

hebra codificante, comprende una secuencia de nucleótidos al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana.

5 La secuencia de nucleótidos diana se puede seleccionar de cualquier región o secuencia de nucleótidos adecuada del gen diana o transcrito de ARN de la misma. Por ejemplo, la secuencia de nucleótidos diana puede estar ubicada dentro de la 5'UTR o 3'UTR del gen diana o transcrito de ARN o dentro de regiones exónicas o intrónicas del gen.

10 El experto en la materia conocerá métodos para identificar las secuencias de nucleótidos diana más adecuadas dentro del contexto del gen diana completo. Por ejemplo, pueden sintetizarse y evaluarse múltiples elementos silenciadores dirigidos a diferentes regiones del gen diana. Como alternativa, se puede utilizar la digestión del transcrito de ARN con enzimas tales como ARNasa H para determinar sitios en el ARN que se encuentran en una conformación susceptible al silenciamiento génico. Los sitios diana también pueden identificarse utilizando estrategias informáticas, por ejemplo, el uso de algoritmos informáticos diseñados para predecir la eficacia del silenciamiento génico en función del direccionamiento a diferentes sitios dentro del gen completo.

15 Los ARN interferentes de la presente invención pueden comprender un elemento silenciador o múltiples elementos silenciadores, donde cada elemento silenciador comprende o consiste en una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana y que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de dicho gen diana. Las construcciones concatémicas de ARN de este tipo se describen en el documento WO2006/046148. En el contexto de la presente invención, el término "múltiple" significa al menos dos, al menos tres, al menos cuatro, etc. y hasta al menos 10, 15, 20 o al menos 30. En una realización, el ARN interferente comprende múltiples copias de un único elemento silenciador, es decir, repeticiones de un elemento silenciador que se une a una secuencia de nucleótidos diana particular dentro de un gen diana específico. En otra realización, los elementos silenciadores dentro del ARN interferente comprenden o consisten en diferentes secuencias de nucleótidos complementarias a diferentes secuencias de nucleótidos diana. Debe estar claro que las combinaciones de múltiples copias del mismo elemento silenciador combinadas con elementos silenciadores que se unen a secuencias de nucleótidos diana diferentes se encuentran dentro del alcance de la presente invención.

20

25

Las diferentes secuencias de nucleótidos diana pueden originarse a partir de un solo gen diana en una especie de plaga de insectos para alcanzar una regulación por disminución mejorada de un gen diana específico en una especie de plaga de insectos. En ese caso, los elementos silenciadores pueden combinarse en el ARN interferente en el orden original en el que las secuencias de nucleótidos diana se encuentra en el gen diana, o los elementos silenciadores pueden mezclarse y combinarse aleatoriamente en cualquier orden de importancia en el contexto del ARN interferente en comparación con el orden de las secuencias de nucleótidos diana en el gen diana.

30

De forma alternativa, las diferentes secuencias de nucleótidos diana representan un solo gen diana pero se originan de diferentes especies de plagas de insectos.

35 De forma alternativa, las diferentes secuencias de nucleótidos diana pueden originarse de diferentes genes diana. Si el ARN interferente es para utilizarse en la prevención y/o el control de infestación por parte de plagas, se prefiere que los diferentes genes diana se seleccionen del grupo de genes que regulan las funciones biológicas esenciales de las especies de plagas de insectos, incluyendo, aunque sin limitación, supervivencia, crecimiento, desarrollo, reproducción y patogenicidad. Los genes diana pueden regular las mismas o diferentes rutas biológicas o procesos. En una realización, al menos uno de los elementos silenciadores comprende o consiste en una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana donde el gen diana se selecciona del grupo de genes como se describe anteriormente.

40

45 En una realización adicional de la invención, los diferentes genes diana de los diferentes elementos silenciadores se originan de la misma especie de plaga de insectos. Esta estrategia está diseñada para lograr un ataque mejorado contra una sola especie de plaga de insectos. En particular, los diferentes genes diana pueden expresarse diferencialmente en las diferentes etapas del ciclo de vida del insecto, por ejemplo, las etapas de adulto maduro, larva inmadura y huevos. El ARN interferente de la invención, por tanto, puede utilizarse para prevenir y/o controlar una infestación por parte de plagas de insectos en más de una etapa del ciclo de vida del insecto.

50 En una realización alternativa de la invención, los diferentes genes diana de los diferentes elementos silenciadores se originan de diferentes especies de plagas de insectos. El ARN interferente de la invención, por tanto, puede utilizarse para prevenir y/o controlar una infestación por parte de más de una especie de plaga de insectos simultáneamente.

55 Los elementos silenciadores pueden disponerse como una región contigua del ARN interferente o pueden separarse mediante la presencia de secuencias conectoras. La secuencia conectora puede comprender una secuencia de nucleótidos aleatoria corta que no sea complementaria a ninguna secuencia de nucleótidos diana o genes diana. En una realización, el conector es una secuencia de ARN que es autoescindible de manera condicional, preferentemente un conector sensible al pH o un conector sensible a la hidrofobicidad. En una realización, el conector comprende una secuencia de nucleótidos equivalente a una secuencia intrónica. Las secuencias conectoras de la presente invención pueden tener una longitud de aproximadamente 1 par de bases a

aproximadamente 10 000 pares de bases, siempre que el conector no altere la capacidad del ARN interferente de reducir la expresión del gen o los genes diana.

Además del o los elementos silenciadores y cualquier secuencia conectora, el ARN interferente de la invención puede comprender al menos una secuencia polinucleotídica adicional. En diferentes realizaciones de la invención, la secuencia adicional se selecciona de (i) una secuencia capaz de proteger el ARN interferente del procesamiento del ARN, (ii) una secuencia que afecta a la estabilidad del ARN interferente, (iii) una secuencia que permite la unión a la proteína, por ejemplo, para facilitar la captación del ARN interferente por parte de las células de la especie de la plaga de insectos, (iv) una secuencia que facilita la producción a gran escala del ARN interferente, (v) una secuencia que es un aptámero que se une a un receptor o a una molécula en la superficie de las células de la plaga de insectos para facilitar la captación, o (v) una secuencia que cataliza el procesamiento del ARN interferente dentro de las células de la plaga de insectos y mejora de esta forma la eficacia del ARN interferente. Las estructuras para potenciar la estabilidad de las moléculas de ARN son bien conocidas en la técnica y se describen adicionalmente en el documento WO2006/046148.

La longitud del ARN interferente de la invención necesita ser suficiente para la captación por parte de las células de una especie de plaga de insectos y la regulación por disminución de genes diana dentro de la plaga como se describe en otras partes de este documento. Sin embargo, el límite superior de longitud puede depender de (i) la necesidad de que el ARN interferente sea captado por las células de la plaga y (ii) la necesidad de que el ARN interferente sea procesado en las células de la plaga para mediar el silenciamiento de genes mediante la ruta de iARN. La longitud también puede determinarse por el método de producción y la formulación para la liberación del ARN interferente a células. Preferiblemente, el ARN interferente de la presente invención será entre 21 y 10000 nucleótidos de longitud, preferiblemente entre 50 y 5000 nucleótidos o entre 100 y 2500 nucleótidos, más preferiblemente entre 80 y 2000 nucleótidos de longitud.

El ARN interferente puede contener bases de ADN, bases no naturales o uniones del esqueleto o modificaciones del esqueleto de azúcar-fosfato no naturales, por ejemplo, para mejorar la estabilidad durante el almacenamiento o mejorar la resistencia a la degradación por parte de las nucleasas. Además, el experto en la materia puede producir el ARN interferente química o enzimáticamente mediante reacciones manuales o automatizadas. Como alternativa, el ARN interferente se puede transcribir a partir de un polinucleótido que lo codifique. Por lo tanto, en este documento se proporciona un polinucleótido aislado que codifica cualquiera de los ARN interferentes de la presente invención.

En realizaciones preferidas, el polinucleótido aislado es parte de una molécula de ARN interferente, típicamente parte del elemento silenciador, que comprende al menos una región bicatenaria que comprende una hebra de ARN codificante hibridada por formación de pares de bases complementarias a una hebra de ARN no codificante, donde la hebra codificante de la molécula de ARNbc comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana. La hebra codificante del ARNbc, por lo tanto, es capaz de hibridar con el transcrito de ARN y de dirigirse al ARN para su degradación dentro del complejo del silenciamiento inducido por iARN o RISC.

Los polinucleótidos de la invención pueden insertarse mediante técnicas de clonación molecular de rutina en vectores o construcciones de ADN conocidos en la técnica. Por lo tanto, de acuerdo con una realización, se proporciona una construcción de ADN que comprende cualquiera de los polinucleótidos de la presente invención. Preferiblemente, en este documento se proporciona una construcción de ADN que comprende un polinucleótido que codifica al menos uno de los ARN interferentes de la presente invención. La construcción de ADN puede ser un vector de ADN recombinante, por ejemplo un vector bacteriano o de levadura o un vector de plantas. En una realización preferida de la invención, la construcción de ADN es una construcción de expresión y el polinucleótido se encuentra unido de forma funcional a al menos una secuencia reguladora capaz de dirigir la expresión de la secuencia polinucleotídica. La expresión "secuencia reguladora" debe considerarse en un contexto amplio y pretende hacer referencia a cualquier secuencia de nucleótidos capaz de lograr la expresión de los polinucleótidos a los cuales está unido de forma funcional incluyendo, aunque sin limitación, promotores, potenciadores y otros elementos activadores de la transcripción sintéticos o naturales. La secuencia reguladora puede ubicarse en el extremo 5' o 3' de la secuencia polinucleotídica. La expresión "unido de forma funcional" se refiere a una unión funcional entre la secuencia reguladora y la secuencia polinucleotídica de tal forma que la secuencia reguladora dirige la expresión del polinucleótido. Los elementos unidos de forma funcional pueden ser contiguos o no contiguos.

Preferiblemente, la secuencia reguladora es un promotor que se selecciona del grupo que comprende, aunque sin limitación, promotores constitutivos, promotores inducibles, promotores específicos de tejido y promotores específicos de etapa de crecimiento/desarrollo. En una realización, el polinucleótido se coloca bajo el control de un promotor constitutivo fuerte tal como cualquiera seleccionado del grupo que comprende el promotor CaMV35S, promotor CaMV35S doble, promotor de ubiquitina, promotor de actina, promotor de rubisco, promotor GOS2, promotor 34S del virus del mosaico de la escrofularia. En otra realización, la secuencia reguladora es un promotor de plantas para su uso en la regulación de la expresión del polinucleótido en plantas. Los promotores de plantas, en particular, los promotores específicos de tejido vegetal abarcados por el alcance de la presente invención se describen más detalladamente en otras partes de este documento.

Opcionalmente, una o más secuencias de terminación de transcripción pueden incorporarse en la construcción de expresión de la invención. La expresión "secuencia de terminación de la transcripción" abarca una secuencia de control al final de una unidad de transcripción, que señala la terminación de la transcripción, el procesamiento en 3' y la poliadenilación de un transcrito primario. Las secuencias reguladoras adicionales incluyendo, aunque sin limitación, potenciadores de la traducción o la transcripción, pueden incorporarse en la construcción de expresión, por ejemplo, como con el promotor CaMV35S doble potenciado.

La presente invención también abarca un método para generar cualquiera de los ARN interferentes de la invención que comprende las etapas de (i) poner en contacto un polinucleótido que codifica dicho ARN interferente o una construcción de ADN que lo comprende con componentes sin células; o (ii) introducir (por ejemplo, mediante transformación, transfección o inyección) un polinucleótido que codifica dicho ARN interferente o una construcción de ADN que lo comprende dentro de una célula.

La invención también, por tanto, se refiere a cualquier ribonucleótido bicatenario producido a partir de la expresión de un polinucleótido descrito en este documento.

Por consiguiente, en este documento también se proporciona una célula hospedadora transformada con cualquiera de los polinucleótidos descritos en este documento. También se abarcan por las presentes células hospedadoras que comprenden cualquiera de los ARN interferentes de la presente invención, cualquiera de los polinucleótidos de la presente invención o una construcción de ADN que los comprende. La célula hospedadora puede ser una célula procariota incluyendo, aunque sin limitación, células bacterianas gram-positivas y gram-negativas, o una célula eucariota incluyendo, aunque sin limitación, células de levadura o células vegetales. Preferiblemente, dicha célula hospedadora es una célula bacteriana o una célula vegetal. La célula bacteriana puede elegirse del grupo que comprende, aunque sin limitación, células Gram positivas y Gram negativas que comprenden *Escherichia* spp. (por ejemplo, *E. coli*), *Bacillus* spp. (por ejemplo, *B. thuringiensis*), *Rhizobium* spp., *Lactobacillus* spp., *Lactococcus* spp., *Pseudomonas* spp. y *Agrobacterium* spp. El polinucleótido o construcción de ADN de la invención puede existir o mantenerse en la célula hospedadora como un elemento extracromosómico o puede incorporarse de forma estable en el genoma de la célula hospedadora. Las características de interés particular en la selección de una célula hospedadora para los propósitos de la presente invención incluyen la facilidad con la que el polinucleótido o la construcción de ADN que codifica el ARN interferente puede introducirse en el hospedador, la disponibilidad de los sistemas de expresión compatibles, la eficacia de la expresión y la estabilidad del ARN interferente en el hospedador.

Preferiblemente, los ARN interferentes de la invención se expresan en una célula hospedadora de una planta. Las plantas de interés preferidas incluyen, aunque sin limitación, algodón, patata, arroz, tomate, colza, soja, girasol, sorgo, mijo, maíz, alfalfa, fresas, berenjena, pimiento y tabaco.

En situaciones en las que el ARN interferente se expresa dentro de una célula hospedadora y/o se utiliza para prevenir y/o controlar una infestación por parte de plagas de un organismo hospedador, se prefiere que el ARN interferente no exhiba efectos inesperados significativos, es decir, el ARN interferente no afecte a la expresión de los genes dentro del hospedador. Preferiblemente, el elemento silenciador no exhibe complementariedad significativa con secuencias de nucleótidos que no sean la secuencia de nucleótidos diana pretendida del gen diana. En una realización de la invención, el elemento silenciador muestra menos de un 30%, más preferiblemente menos de un 20%, más preferiblemente menos de un 10% y aún más preferiblemente menos de un 5% de identidad de secuencia con cualquier gen de la célula u organismo hospedador. Si los datos de la secuencia genómica están disponibles para el organismo hospedador, es posible verificar de forma cruzada la identidad con el elemento silenciador utilizando herramientas bioinformáticas convencionales. En una realización, no hay identidad de secuencia entre el elemento silenciador y un gen de la célula hospedadora u organismo hospedador en una región de 17, más preferiblemente en una región de 18 o 19 y aún más preferiblemente en una región de 20 o 21 nucleótidos contiguos.

En la aplicación práctica de la invención, los ARN interferentes de la invención pueden utilizarse para prevenir y/o controlar cualquier plaga de insectos pertenecientes a los órdenes *Coleoptera*, *Lepidoptera*, *Diptera*, *Dichyoptera*, *Orthoptera*, *Hemiptera* y *Siphonaptera*.

En este documento también se proporciona un método para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas, que comprende poner en contacto una especie de plaga de insectos con una cantidad eficaz de al menos un ARN en donde el ARN funciona tras captarse por dicha plaga regulando por disminución la expresión de un gen diana esencial de la plaga. El gen diana esencial puede ser cualquier gen de la plaga implicado en la regulación de un proceso biológico esencial necesario para que la plaga inicie o mantenga la infestación incluyendo, aunque sin limitación, supervivencia, crecimiento, desarrollo, reproducción y patogenicidad. En particular, el gen diana puede ser cualquier gen de la plaga como se describe en otras partes de este documento.

Además, en este documento se proporciona un método para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de insectos en un campo de plantas de cultivo, comprendiendo dicho método expresar en dichas plantas una cantidad eficaz de un ARN interferente como se describe en este documento.

5 Cuando el método es para el control de infestación por parte de plagas, la expresión "cantidad eficaz" abarca la cantidad o concentración de ARN interferente que se necesita para producir un efecto fenotípico en la plaga de tal forma que se reduzcan las cantidades de organismos de la plaga que infestan un organismo hospedador y/o se reduzca el daño causado por la plaga. En una realización, el efecto fenotípico es la muerte de la plaga y el ARN interferente se utiliza para alcanzar al menos un 20%, 30%, 40%, preferiblemente al menos un 50%, 60%, 70%, más preferiblemente al menos un 80% o 90% de mortalidad de la plaga en comparación con plagas de insectos de control. En una realización adicional, los efectos fenotípicos incluyen, aunque sin limitación, atrofia en el crecimiento de la plaga, cese de la alimentación y puesta de huevos reducida. Las cantidades totales de organismos de la plaga que infestan un organismo hospedador pueden reducirse, por tanto, al menos un 20%, 30%, 40%, preferiblemente al menos un 50%, 60%, 70%, más preferiblemente al menos un 80% o 90% en comparación con plagas de control. De forma alternativa, el daño causado por la plaga de insectos puede reducirse al menos un 20%, 30%, 40%, preferiblemente al menos un 50%, 60%, 70%, más preferiblemente al menos un 80% o 90% en comparación con plagas de insectos de control. Por lo tanto, el método de la invención puede utilizarse para alcanzar al menos un 20%, 30%, 40%, preferiblemente al menos un 50%, 60%, 70%, más preferiblemente al menos un 80% o 90% de control de la plaga.

20 En los métodos descritos en este documento para regular por disminución la expresión de un gen diana en una especie de plaga de insectos, las moléculas de ARN bicatenarias que comprenden al menos 21 pb, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos de cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas, pueden usarse para regular por disminución la expresión del gen diana ortólogo en un insecto coleóptero, hemíptero, lepidóptero o díptero elegido del grupo que comprende, aunque sin limitación, *Leptinotarsa* spp. (por ejemplo, *L. decemlineata* (escarabajo de la patata de Colorado), *L. juncta* (falso escarabajo de la patata) o *L. texana* (falso escarabajo de la patata de Texas)); *Nilaparvata* spp. (por ejemplo, *N. lugens* (saltamontes pardo del arroz)); *Lygus* spp. (por ejemplo, *L. lineolaris* (chinche manchada) o *L. hesperus* (chinche manchada del oeste)); *Myzus* spp. (por ejemplo, *M. persicae* (pulgón verde del melocotonero)); *Diabrotica* spp. (por ejemplo, *D. virgifera virgifera* (gusano de la raíz del maíz occidental), *D. barberi* (gusano de la raíz del maíz norteño), *D. undecimpunctata howardi* (gusano de la raíz del maíz sureño) o *D. virgifera zaeae* (gusano de la raíz del maíz mexicano).

30 En una realización, la planta a tratarse se manipula para que exprese el ARN interferente de intracelular mediante la transcripción de un polinucleótido incorporado en la misma. Dado que las plagas se alimentan de los tejidos de la planta, las células que contienen el ARN interferente se desintegrarán dentro del tracto digestivo del insecto y el ARN interferente se distribuirá de esta forma dentro del cuerpo del insecto, provocando la regulación por disminución de los genes diana.

35 Por tanto, de acuerdo con otro aspecto de la presente invención se proporciona un método para generar una planta transgénica resistente a la infestación por parte de una especie de plaga de insectos que comprende las etapas de (a) transformar una célula vegetal con una construcción de ADN que comprende una secuencia polinucleotídica que codifica un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga de insectos, (b) regenerar una planta a partir de la célula vegetal transformada; y (c) cultivar la planta transformada en condiciones adecuadas para la expresión del ARN interferente a partir de la construcción de ADN recombinante, siendo así dicha planta resistente a dicha plaga en comparación con una planta sin transformar.

45 El ARN interferente expresado por la planta o parte de la misma puede ser cualquiera de los descritos en otras partes de este documento. Preferiblemente, el ARN interferente comprende o consiste en al menos un elemento silenciador y dicho elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales (la hebra codificante) comprende una secuencia de nucleótidos que es al menos parcialmente complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana. Cuando parte del ARN interferente es bicatenario, las dos hebras de la molécula pueden expresarse a partir de al menos dos polinucleótidos separados o pueden estar codificadas mediante un solo polinucleótido que codifica un ARN interferente con, por ejemplo, una estructura de tallo-bucle o una estructura denominada de horquilla como se describe en otras partes de este documento.

50 En un aspecto, el gen diana

55 (i) se selecciona del grupo de genes que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189, o el complemento de las mismas, o que tienen una secuencia de nucleótidos tal que, cuando las dos secuencias se alinean de forma óptima y se comparan, son al menos un 85%, 90%, 95%, 98% o 99% idénticas a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas.

Preferiblemente, la secuencia de nucleótidos de dicho gen diana no tiene más de 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos de longitud. Además, es importante que el ARN interferente no altere la expresión de ningún gen del hospedador vegetal.

Como se usa en este documento, la expresión "planta transgénica" o "célula vegetal transgénica" se refiere a cualquier planta o célula vegetal que se ha manipulado genéticamente o que descende de una planta que se ha manipulado genéticamente para presentar una secuencia polinucleotídica exógena. "Exógeno" se refiere al hecho de que el polinucleótido se origina fuera de la célula vegetal. Típicamente, el polinucleótido exógeno no es nativo de la planta transgénica, es decir, no se encuentra de forma natural dentro del genoma de la planta.

Como se usa en este documento, la expresión "transformación" se refiere a la introducción de moléculas polinucleotídicas exógenas en una planta o célula de la misma. En la técnica se conocen técnicas para introducir polinucleótidos en plantas. En una realización de la presente invención, las plantas se "transforman de forma estable" con un polinucleótido o construcción de ADN que lo comprende, es decir, el polinucleótido o construcción de ADN introducido en la célula vegetal se integra en el genoma de la planta y tiene capacidad hereditaria por la descendencia de la misma. Los protocolos de transformación para introducir polinucleótidos o construcciones de ADN en las células de plantas pueden variar dependiendo del tipo de planta en cuestión. Los métodos de transformación adecuados incluyen, aunque sin limitación, microinyección, electroporación, transformación mediada por *Agrobacterium* y aceleración de partículas balísticas. En la técnica también se conocen métodos para la inserción dirigida de un polinucleótido o construcción de ADN en una ubicación específica en el genoma de la planta utilizando sistemas de recombinación específica de sitio.

La construcción de ADN que comprende el polinucleótido que codifica la molécula activa de ARN interferente puede ser cualquier vector adecuado para la transformación de células vegetales. Los vectores adecuados incluyen, aunque sin limitación, plásmidos bacterianos, por ejemplo, el plásmido Ti de *Agrobacterium tumefaciens*, y sistemas de vectores víricos. La construcción de ADN introducida en las células de una planta no debe ser dañina ni tóxica para la planta y/o no debe ser dañina ni tóxica para ningún organismo más alto en la cadena alimenticia que se alimenta de dichas plantas.

En una realización, la construcción de ADN es una construcción de expresión que comprende un polinucleótido que codifica un ARN interferente unido de forma funcional a una secuencia reguladora capaz de dirigir la expresión de la secuencia polinucleotídica en plantas tal como cualquiera seleccionada del grupo que comprende el promotor CaMV35S, promotor CaMV35S doble, promotor de ubiquitina, promotor de actina, promotor de rubisco, promotor GOS2, promotor 34S del virus del mosaico de la escrofularia y el promotor CaMV35S doble potenciado. Preferiblemente, la secuencia reguladora es un promotor de plantas que se selecciona de los conocidos en la técnica. En algunas realizaciones, puede preferirse que la planta produzca moléculas de ARN interferente únicamente en las partes de la planta que entrarán en contacto con y/o se verán dañadas por la especie de plaga de insectos, por ejemplo, las partes aéreas de la planta, las raíces, etc. Este efecto puede conseguirse mediante el uso de promotores de plantas específicos de tejido incluyendo, aunque sin limitación, promotores específicos de las hojas, promotores específicos de la raíz, promotores específicos del tallo, promotores específicos de la flor y promotores específicos del fruto conocidos en la técnica. Ejemplos adecuados de un promotor específico de raíz son los promotores PsMTA y de la quitinasa de clase III. Ejemplos de promotores específicos de tejido fotosintético o específicos de hoja y tallo que también son fotoactivados son promotores de dos proteínas de unión a clorofila (cab1 y cab2) de remolacha azucarera, ribulosa-bisfosfato carboxilasa (Rubisco), codificada por rbcS, las subunidades A (gapA) y B (gapB) de la gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa de cloroplastos, promotor del gen de *Solanum tuberosum* que codifica la proteína específica para hojas y tallos (ST-LS1), genes inducibles por defensa y regulados por el tallo, tales como los promotores JAS, promotores específicos de flor tales como el promotor de la chalcona sintasa y promotores específicos de frutos tales como el RJ39 de la fresa.

En otras realizaciones, puede preferirse que la planta produzca moléculas de ARN interferente solamente en una etapa particular de su crecimiento. Este efecto puede alcanzarse mediante el uso de promotores específicos del desarrollo de plantas que dirigen la expresión solamente durante ciertos periodos del desarrollo de la planta. En particular, es importante proteger a las plantas de la infestación por parte de plagas durante las etapas más tempranas del crecimiento de las plantas o durante la floración (por ejemplo, en el caso del arroz) o durante la fructificación o maduración del fruto o el llenado de la semilla, ya que estos son los momentos en los que la planta puede verse más severamente dañada.

La construcción de ADN para su uso en la transformación de una planta de acuerdo con el presente método puede comprender más de un polinucleótido que codifica una molécula de ARN interferente de la presente invención. En una realización, los diferentes polinucleótidos pueden codificar moléculas de ARN interferente dirigidas a diferentes secuencias de nucleótidos dentro del mismo gen diana. En una realización adicional, los diferentes polinucleótidos pueden codificar moléculas de ARN interferente dirigidas a diferentes secuencias de nucleótidos dentro de diferentes genes diana, donde los diferentes genes diana se originan de la misma o diferentes especies de plaga de insectos. Cuando la construcción de ADN codifica más de un ARN interferente, estos ARN pueden expresarse de forma diferencial dentro de diferentes tejidos de la planta, ya que se encuentran bajo el control de diferentes secuencias promotoras específicas de tejido, como se describe en otras partes de este documento. En una realización, la planta se manipula para que exprese un ARN interferente en las hojas que regula por disminución la expresión de un gen diana en un insecto que se alimenta de las hojas, y para expresar adicionalmente un ARN interferente en las raíces que regula por disminución la expresión de un gen diana en un insecto que coloniza el suelo y se alimenta de las raíces de la planta.

La construcción de ADN también puede comprender al menos otro polinucleótido de interés, por ejemplo, un polinucleótido que codifica una molécula de ARN reguladora adicional, un polinucleótido que codifica una proteína tóxica para especies de plagas de insectos y/o un polinucleótido que codifica una proteína que confiere resistencia o tolerancia a herbicidas.

5 De acuerdo con el presente método, una planta se regenera a partir de una célula vegetal transformada utilizando técnicas conocidas en la técnica. Una de dichas técnicas comprende la digestión enzimática de la pared celular vegetal para producir un protoplasto vegetal, que posteriormente puede sufrir múltiples rondas de división y diferenciación celular para producir una planta adulta. Las plantas adultas generadas de esa forma pueden evaluarse posteriormente para determinar su resistencia a la infestación por parte de plagas. "Resistente", como se  
10 usa en este documento, debe interpretarse ampliamente y se refiere a la habilidad de la planta para defenderse contra el ataque de una plaga que típicamente es capaz de infringir daño o pérdida a la planta. Resistente puede significar que la planta ya no es susceptible a la infestación por parte de plagas o que cualquier síntoma de enfermedad que resulte de la infestación por parte de plagas se reduce al menos aproximadamente un 20%, preferiblemente al menos un 30%, 40% o 50%, más preferiblemente al menos un 60%, 70% o 80% y aún más preferiblemente al menos un 90%. En la técnica son comúnmente conocidas técnicas para medir la resistencia de  
15 una planta a especies de plagas de insectos e incluyen, aunque sin limitación, medir en el transcurso del tiempo el diámetro promedio de la lesión, el peso o la biomasa de la plaga, la supervivencia y/o mortalidad de la plaga y/o el porcentaje general de tejidos vegetales descompuestos.

En una realización, el presente método para producir una planta transgénica también incluye la etapa de generar descendencia o descendientes de la planta transgénica y evaluar la resistencia de la descendencia a la plaga de  
20 insectos. Pueden producirse dos o más generaciones para asegurarse de que la expresión del rasgo de resistencia se mantiene y hereda de forma estable. Las semillas también pueden cosecharse de la planta transgénica progenitora y/o su descendencia para evaluar la resistencia a una plaga de insectos.

La presente invención también abarca un método para generar plantas transgénicas resistentes a la infestación por parte de una especie de plaga de insectos que comprende las etapas de cruzar una primera planta transgénica que porta una construcción de ADN que codifica un ARN interferente que funciona regulando por disminución la expresión de un gen diana de la plaga, con una segunda planta que carezca de dicha construcción de ADN, y seleccionar la descendencia resistente a dicha plaga. El cruce puede llevarse a cabo mediante cualquier método utilizado de forma rutinaria en el contexto de la reproducción de plantas. La descendencia seleccionada para la  
25 resistencia a las plagas adicionalmente puede autopolinizarse para producir una posterior generación de descendencia resistente a las plagas. En una realización, pueden llevarse a cabo múltiples rondas de autopolinización para generar 2, 3, 4, 5 o más generaciones de descendencia. La descendencia resultante puede evaluarse para determinar su resistencia a las plagas para asegurarse de que la expresión del rasgo de resistencia se mantiene y hereda de forma estable.

35 En una realización adicional, cualquier planta de descendencia resistente a las plagas derivada de un cruce entre una primera planta transgénica progenitora que porta una construcción de ADN de interés y una segunda planta progenitora que carezca de dicha construcción de ADN puede cruzarse nuevamente con la segunda planta progenitora y evaluarse la posterior descendencia para determinar su resistencia a la infestación por parte de plagas. Las plantas o su descendencia pueden evaluarse para determinar su resistencia a la infestación por parte de  
40 plagas mediante análisis fenotípicos como se describe en otras partes de este documento o mediante técnicas moleculares convencionales. Por ejemplo, las plantas resistentes a plagas pueden identificarse mediante la detección de la presencia de una secuencia polinucleotídica que codifica un ARN interferente que funciona tras la captación por parte de una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana. En la técnica se conocen técnicas para detectar la presencia de secuencias polinucleotídicas específicas dentro de  
45 células e incluyen PCR, digestión enzimática y análisis de SNP.

Los métodos de la invención pueden utilizarse para generar plantas "transgénicas acumuladas" que son resistentes a especies de plaga de insectos y que opcionalmente tienen al menos otro rasgo deseado. Como se usa en este documento, una planta transgénica "acumulada" se refiere a una planta que porta más de una secuencia polinucleotídica exógena. La expresión "más de una" se refiere a la posibilidad de una planta de portar al menos 2, al  
50 menos 3, al menos 4 polinucleótidos exógenos. En una realización, la célula vegetal transformada con la construcción de ADN que codifica el ARN interferente dirigido a un gen de plaga se puede haber manipulado genéticamente previamente para portar un polinucleótido exógeno separado. De forma alternativa, el método para generar una planta transgénica a partir de una célula vegetal como se describe en este documento puede comprender un protocolo de transformación conjunta cuando la construcción de ADN que codifica un ARN interferente de la invención se proporciona a una célula de planta simultánea o secuencialmente con un polinucleótido exógeno separado.

Las plantas transgénicas acumuladas que muestran resistencia a plagas también pueden generarse mediante técnicas de reproducción de plantas convencionales. En una realización, una primera planta transgénica resistente a las plagas se cruza con una segunda planta manipulada genéticamente para expresar un polinucleótido exógeno o gen heterólogo que confiere un rasgo deseado de la planta. Cualquier descendencia producida puede evaluarse para determinar su resistencia a plagas y adquisición del rasgo deseado adicional. De forma alternativa o  
60

adicionalmente, cualquier descendencia resistente a las plagas producida a partir del cruce puede cruzarse nuevamente con la segunda progenitora para generar más descendencia que pueda seleccionarse para heredar el gen heterólogo portado por la segunda progenitora y así el rasgo deseado adicional de la planta. Los polinucleótidos exógenos que porta una planta transgénica acumulada de la invención pueden expresarse en las mismas partes de la planta o pueden expresarse de forma diferencial en virtud del hecho de que la expresión de cada uno está controlada por un promotor específico de tejido diferente.

En una realización, el polinucleótido exógeno o gen heterólogo que confiere un rasgo deseable adicional codifica otro ARN interferente dirigido la misma o diferentes especies de plaga de insectos. En una realización adicional, el gen heterólogo codifica una proteína dañina o tóxica para una especie de plaga de insectos de las plantas, por ejemplo, una proteína insecticida seleccionada del grupo que incluye, aunque sin limitación, proteínas insecticidas de *Bacillus thuringiensis*, proteínas insecticidas de *Xenorhabdus*, proteínas insecticidas de *Photorhabdus*, proteínas insecticidas de *Bacillus laterosporous*, proteína insecticidas de *Bacillus sphaericus* y proteína insecticidas de VIP, tales como una proteína seleccionada del grupo que incluye, aunque sin limitación, las proteínas insecticidas Cry1Ab, Cry1C, Cry2Aa, Cry3, CryET70, Cry22, CryET33, CryET34, CryET80, CryET76, TIC100, TIC101, TIC851, TIC900, TIC901, TIC1201, TIC407, TIC417 y PS149B1. En otra realización adicional, el gen heterólogo codifica una proteína que confiere resistencia o tolerancia a herbicidas. Los ejemplos de genes que confieren resistencia o tolerancia a herbicidas incluyen *Bar*, *EPSPS* que confiere resistencia al glifosato, *ALS* que confiere resistencia a la imidazolinona y sulfonilurea y *bxn* que confiere resistencia al bromoxinilo.

En este documento también se proporciona un método para producir semillas híbridas a partir de cualquiera de las plantas transgénicas generadas mediante los métodos de la presente invención, comprendiendo dicho método las etapas de (i) plantar la semilla obtenida de una primera planta endogámica y la semilla obtenida de una segunda planta endogámica, donde al menos una de las plantas endogámicas es una planta transgénica resistente a la infestación por parte de plagas, (ii) cultivar las semillas en plantas que dan flores, (iii) evitar la autopolinización de al menos una de la primera o segunda planta adulta, (iv) permitir que ocurra la polinización cruzada entre la primera y la segunda planta; y (v) cosechar las semillas que resultan de la polinización cruzada. La semilla híbrida producida mediante este método y las plantas híbridas producidas mediante el cultivo de dicha semilla se encuentran dentro del alcance de la presente invención. Las plantas híbridas producidas mediante este método típicamente serán genéticamente uniformes y probablemente exhiban heterosis o vigor híbrido. Por tanto, pueden generarse cultivos con el potencial de aumentar el rendimiento mediante dicho método.

Incluidas en el grupo de plantas transgénicas de la presente invención se encuentran las plantas transgénicas producidas por cualquiera de los métodos descritos en este documento. Por tanto, en una realización de la invención las plantas transgénicas comprenden rasgos transgénicos acumulados que portan un primer polinucleótido exógeno que confiere resistencia a plagas y al menos otro polinucleótido exógeno o gen heterólogo que confiere un rasgo deseado adicional de la planta. Los genes heterólogos adicionales pueden comprender genes que codifican agentes plaguicidas adicionales, genes que codifican proteínas tóxicas o dañinas para especies de plagas de insectos y/o genes que codifican proteínas que confieren resistencia a herbicidas como se describe en otras partes de este documento.

Las plantas transgénicas preferidas de acuerdo con la invención incluyen, aunque sin limitación, algodón, patata, arroz, tomate, colza, soja, girasol, sorgo, mijo, maíz, alfalfa, fresas, berenjena, pimienta y tabaco.

En este documento también se proporciona el uso del ácido ribonucleico (ARN) interferente como se describe en este documento o la construcción de ADN como se describe en este documento para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de insectos, preferiblemente infestación por parte de plagas de insectos de plantas.

La invención se comprenderá además con referencia a los siguientes ejemplos no limitantes.

## Ejemplos

### Ejemplo 1 Identificación de genes diana en especies de plagas de insectos

#### 1.1. Biblioteca de ADNc normalizado de *Lygus hesperus* y preparación de ARNbc en placas de múltiples pocillos para ensayos de detección

5 Se aislaron ácidos nucleicos de ninfas de *Lygus hesperus* de diferentes etapas de vida, incluidas ninfas recién eclosionadas de 2, 4, 6 y 9 días de edad y adultas. Se preparó una biblioteca de ADNc usando el kit de síntesis de ADNc por PCR SMARTer™, siguiendo las instrucciones del fabricante (Clontech Cat. n.º 634925). La biblioteca de ADNc se normalizó usando el kit Trimmer (Evrogen Cat. n.º NK001) y se clonó en el vector PCR4-TOPO (Invitrogen). La normalización de los clones introdujo adaptadores M2 (Trimmer Kit, Evrogen, SEQ ID NO 92: AAGCAGTGGTATCAACGCAG) orientados en dirección opuesta en cada extremo de los clones. Las construcciones del vector recombinante se transformaron en células de la cepa TOP10 de *Escherichia coli* (Invitrogen). Posteriormente se diluyeron las células transformadas y se sembraron en placa para obtener colonias individuales o clones. Los clones se revisaron para asegurarse de que la redundancia de clones para la biblioteca no excediera un 5%. Se recogieron clones únicos en medios de LB (caldo Luria) líquido, en placas de 96 pocillos profundos y se cultivaron durante una noche a 37°C. Las placas también incluyeron clones de control positivo (Lh423) y negativo (FP).

Para generar el ARNbc, se generaron mediante PCR fragmentos de ADN codificantes y no codificantes que contenían la secuencia promotora T7. En resumen, por clon, se distribuyó 1 µl de suspensión bacteriana en placas de PCR de múltiples pocillos que contienen REDTaq® (Sigma Cat. n.º D4309) y los cebadores oGCC2738 (SEQ ID NO 93: AAGCAGTGGTATCAACGCAG) y oGCC2739 (SEQ ID NO 94: GCGTAATACGACTCACTATAGGAAGCAGTGGTATCAACGCAG) basados en las secuencias M2 y T7-M2, respectivamente. La reacción de PCR estuvo seguida por transcripción *in vitro*, donde por clon, se añadieron 6 µl de producto de PCR a 9 µl del sistema de producción de ARN a gran escala-T7 RiboMAX™ (Promega Cat. n.º P1300) y se incubaron durante una noche a 37°C. La solución final de ARNbc se diluyó 2 veces en dieta de sacarosa de *L. hesperus*, que contenía sacarosa a un 15% y 5 µg/µl de ARNt de levadura (Invitrogen Cat. n.º 15401-029) y se usó para la detección. El ARNbc correspondiente al clon de control positivo Lh423 es la SEQ ID NO 101 y al clon de control negativo FP es la SEQ ID NO 104 (véase la Tabla 4).

#### 1.2. Detección de genes diana de *Lygus hesperus* novedosos y potentes usando una biblioteca de ADNc de expresión de ARNbc

30 Se ha desarrollado un nuevo ensayo de detección de dianas de *Lygus hesperus*. La configuración del ensayo fue la siguiente: cada pocillo de una placa de 96 pocillos aloja una ninfa de *L. hesperus* de un día de vida expuesta a un bolsita de parafilm que contiene dieta de sacarosa que incluye el ARNbc de ensayo o el ARNbc de control en presencia de ARNt. Cada placa contenía ARNbc de 90 clones diferentes, 3 x Lh423 (control positivo) y 3 x FP (proteína fluorescente; control negativo). Cada clon (ARNbc de prueba) se replicó en tres placas. Después de tres días de exposición, se registró el número de supervivencia de las ninfas y la dieta se reemplazó con una dieta (compleja) de cultivos frescos en ausencia de ARNbc. La mortalidad se evaluó en los días 4, 6 y 8. Se usó una configuración idéntica para los ensayos de confirmación de primera y segunda ronda, con 8 y 20 insectos respectivamente, con una ninfa por pocillo.

El sistema de ensayo se validó usando ARNbc correspondiente a la diana Lh423 como control positivo y un ARNbc de proteína fluorescente como control negativo: más de un 90% fueron verdaderos positivos y menos de un 5% fueron falsos positivos, respectivamente.

Se evaluaron veinte placas de 96 pocillos, denominadas Lh001 a Lh020 (véase la línea inferior en las Figuras 1 y 2), que contenían 1800 clones individuales. Se identificaron 205 candidatos y se evaluaron en un primer ensayo de confirmación. Al fijar el umbral para que muestre  $\geq 50\%$  de mortalidad, se identificaron 41 clones independientes y evolucionaron hasta una segunda ronda de confirmación. En el ensayo, los clones se compararon con los controles positivos Lh423 (RpL19) y Lh105.2 (Sec23) y el control negativo Pt (que codifica una proteína fluorescente de coral). El ARNbc correspondiente al clon de control positivo (Lh423) es la SEQ ID NO 101, al clon de control positivo Lh105.2 es la SEQ ID NO 102 y al clon de control negativo (Pt) es la SEQ ID NO 104 (véase la Tabla 4).

La segunda ronda de ensayos de confirmación, que evaluó 20 insectos / ARNbc de prueba, se inició para todos los ARNbc de prueba que exhibieron  $\geq 50\%$  de mortalidad en la primera confirmación (Figuras 1 y 2). Las dianas candidatas correspondientes a los ARNbc de ensayo confirmados se nombraron con un "número Lhxxx" (véase la Tabla 1). Usando el mismo corte a  $\geq 50\%$  de mortalidad, se confirmaron 15 dianas en la primera detección.

Se realizó una segunda detección para identificar más dianas de *Lygus hesperus*. Los resultados de los ensayos de confirmación de segunda ronda se representan en la Figura 14. Usando el mismo corte a  $\geq 50\%$  de mortalidad, se confirmaron varias dianas en la segunda detección (véase la Tabla 1C).

#### 1.3. Identificación de dianas de *Lygus*

En paralelo a los ensayos de confirmación de insectos, se secuenciaron los insertos que correspondían a los clones positivos y se utilizaron búsquedas de BlastX en bases de datos de proteínas de *Drosophila* y *Tribolium* para confirmar la identidad de las dianas. La Tabla 1 proporciona un resumen del análisis bioinformático y la anotación actual de las novedosas secuencias diana de *L. hesperus* identificadas.

- 5 Se identificaron quince novedosas dianas de *L. hesperus* en la primera detección y se identificaron 11 novedosas dianas de *L. hesperus* en la segunda detección. Todas las dianas muestran alta potencia contra ninfas de *L. hesperus*, lo que indica que los ADNc que codifican los ARN bicatenarios contenidos en los mismos son esenciales para la supervivencia de la plaga y, por tanto, representan genes diana de interés con fines de control de plagas. Las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana se determinaron, por lo tanto, y se proporcionan en las Tablas 2 y 3 respectivamente.

15 Lh594, el ortólogo de *Lygus hesperus* de troponina I de *Drosophila*, que participa en la contracción muscular y, por lo tanto, está ausente en las plantas, representa una novedosa clase de diana que pertenece a una ruta fisiológica específica de animales en la que aún no se ha explorado el GM-iARN. En la mosca de la fruta, la troponina I se describe como un gen haploinsuficiente que exhibe un fenotipo mutante en estado heterocigoto. Dichos genes pueden ser particularmente susceptibles a niveles de expresión de ARNm reducidos y de esa forma pueden considerarse dianas de iARN ideales.

20 En esta ruta de Lh594, se seleccionaron ocho dianas (véase la Tabla 1B). Para cada diana, se diseñaron hasta 4 pares de cebadores de PCR degenerados basados en las alineaciones de las secuencias de varios insectos, incluidos abeja, *Tribolium* y áfido. Los cebadores se utilizan para amplificar los segmentos de dianas de *Lygus hesperus*. Las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana se determinaron y se proporcionan en las Tablas 2 y 3 respectivamente.

**Tabla 1:** Las novedosas dianas de *Lygus hesperus* se clasificaron en % de mortalidad de acuerdo con los resultados del segundo ensayo de confirmación (primera detección).

| ID de la diana | confirmación de 2.º categoría | Mejor coincidencia con <i>Drosophila</i> | NOMBRE   | SÍMBOLO |
|----------------|-------------------------------|--|--|---------|
| Lh594          | 1                             | CG7178                                   | wings up A (troponina I)   | wupA    |
| Lh618          | 2                             | CG2168                                   | proteína ribosómica S3A  | RpS3A   |
| Lh609          | 3                             | CG4087                                   | proteína ribosómica LP1  | RpLP1   |
| Lh595          | 4                             | -  | no se encontró coincidencia con <i>Drosophila</i> , diana/secuencia específica de <i>Lygus</i> |         |
| Lh611          | 5                             | CG6779                                   | proteína ribosómica S3   | RpS3    |
| Lh560          | 6                             | CG10423                                  | proteína ribosómica S27  | RpS27   |
| Lh596          | 7                             | -  | no se encontró coincidencia con <i>Drosophila</i> , diana/secuencia específica de <i>Lygus</i> | RpL34b  |
| Lh615          | 8                             | CG11522                                  | proteína ribosómica L6   | RpL6    |
| Lh617          | 9                             | CG7283                                   | proteína ribosómica L10Ab  | RpL10Ab |
| Lh612          | 10                            | CG13389                                  | proteína ribosómica S13  | RpS13   |
| Lh246          | 11                            | CG3195                                   | proteína ribosómica L12  | RpL12   |
| Lh429          | 12                            | CG8900                                   | proteína ribosómica S18  | RpS18   |
| Lh610          | 13                            | CG5502                                   | proteína ribosómica L4   | RpL4    |
| Lh597          | 14                            | no se encontró coincidencia              |  |         |
| Lh598          | 15                            | CG34069                                  | subunidad II de citocromo c oxidasa  | mt:Coll |

|       |   |        |                         |          |
|-------|---|--------|-------------------------|----------|
|       |   |        | mitocondrial            |          |
| Lh614 | - | CG7610 | cadena de ATP sintasa-γ | ATPsyn-γ |

**Tabla 1B:** Dianas novedosas de *Lygus hesperus* en la ruta de Lh594

| ID de la diana | Mejor(es) coincidencia(s) con <i>Drosophila</i> | NOMBRE                                | SÍMBOLO |
|----------------|---|---------------------------------------|---------|
| Lh619          | CG7107  | troponina T (sostenida)               | up      |
| Lh620          | CG17927   | cadena pesada de miosina              | Mhc     |
| Lh621          | CG4843  | tropomiosina 2 (Tm2)                  | Tm2     |
| Lh622          | CG3201  | cadena citoplásmica ligera de miosina | Mlc-c   |
| Lh623          | CG3595  | calabacín                             | sqh     |
| Lh624          | CG15792   | cremallera                            | zip     |
| Lh625          | *CG2981,CG7930,CG9073,CG6514,CG12408            | troponina C                           |         |
| Lh626          | *CG9073,CG7930,CG2981,CG12408,CG6514            | troponina C                           |         |

\*incierto: múltiples coincidencias en la familia - clasificadas de acuerdo con el valor e

**Tabla 1C:** Las novedosas dianas de *Lygus hesperus* se clasificaron en % de mortalidad de acuerdo con los resultados del segundo ensayo de confirmación (segunda detección).

| ID de la diana | confirmación de 2.º clasificación | Mejor coincidencia con <i>Drosophila</i> | NOMBRE                    | SÍMBOLO |
|----------------|-----------------------------------|--|---------------------------|---------|
| Lh631          | 1                                 | CG6846                                   | Proteína ribosómica L26   | RpL26   |
| Lh634.2        | 2                                 | CG12775                                  | Proteína ribosómica L21   | RpL21   |
| Lh634.1        | 3                                 | CG12775                                  | Proteína ribosómica L21   | RpL21   |
| Lh630          | 4                                 | CG11271                                  | Proteína ribosómica S12   | RpS12   |
| Lh632          | 5                                 | CG2998                                   | Proteína ribosómica S28b  | RpS28b  |
| Lh618.2        | 6                                 | CG2168                                   | Proteína ribosómica S3A   | RpS3A   |
| Lh629          | 7                                 | CG4651                                   | Proteína ribosómica L13   | RpL13   |
| Lh633.2        | 8                                 | CG17521                                  | Proteína ribosómica L10   | RpL10   |
| Lh628          | 9                                 | CG17489                                  | Proteína ribosómica L5    | RpL5    |
| Lh633          | 10                                | CG17521                                  | Proteína ribosómica L10   | RpL10   |
| Lh627          | 11                                | CG2033                                   | Proteína ribosómica S15Aa | RpS15A  |

5 **1.4. Clonación de ADNc de longitud completa por RACE (amplificación rápida de los extremos de ADNc)**

10 Para clonar el ADNc de longitud completa, empezando desde un clon conocido del fragmento interno de las dianas más potentes, se usó el kit de RACE de 5'/3' (Roche, Cat. n.º 1 734 792; basado en Sambrook, J. y Russell, D.M). Se siguió el protocolo convencional, descrito en el Manual de Instrucciones. En resumen, para una RACE de 5', se diseñó un cebador no codificante específico de la secuencia diana en la secuencia conocida y se utilizó para una primera síntesis de ADNc de primera hebra, usando ARN de *Lygus* como molde. Se agregó una cola al ADNc de primera hebra y se utilizó como ancla para la síntesis de la segunda hebra y amplificación de una porción del extremo desconocida del transcrito. Para una RACE de 3', se utilizó un cebador de ancla oligo dT para la síntesis de ADNc de primera hebra. Para las RACE de 5' y 3', se utilizaron cebadores anidados, específicos para la secuencia

diana en una segunda reacción de PCR. Los fragmentos de PCR se analizaron sobre gel de agarosa, se purificaron, se clonaron y se secuenciaron para confirmación.

Las secuencias de ADNc de longitud completa que corresponden a las dianas se ensamblaron en VectorNTi, un paquete de software de análisis de secuencias completamente integrado para análisis de secuencia de ADN (Invitrogen).

### **Ejemplo 2 producción *in vitro* de ARN bicatenario para el silenciamiento de genes**

#### **2.2. Producción de ARNbc que corresponde a las secuencias parciales de los genes diana de *Lygus hesperus***

Se sintetizó ARN bicatenario en cantidades de miligramos. Primero se generaron mediante PCR dos moldes separados de promotor de polimerasa de ARN 5' T7 (un molde codificante y un molde no codificante). Se diseñaron y se llevaron a cabo PCR para producir polinucleótidos de molde codificante y no codificante, que tenía cada uno el promotor T7 en una orientación diferente con respecto a la secuencia diana a transcribir.

Para cada uno de los genes diana, el molde codificante se generó usando un cebador directo T7 específico de diana y un cebador inverso específico de diana. Los moldes no codificantes se generaron usando los cebadores directos específicos de diana y los cebadores inversos T7 específicos de diana. Las secuencias de los cebadores respectivos para amplificar los moldes codificante y no codificante mediante PCR para cada uno de los genes diana se proporcionan en la Tabla 4. Los productos de PCR se analizaron por electroforesis en gel de agarosa y se purificaron. Los moldes T7 codificante y no codificante resultantes se mezclaron y se transcribieron mediante la adición de la ARN polimerasa T7. Los ARN monocatenarios producidos mediante transcripción a partir de los moldes se dejaron hibridar, se trataron con DNasa y RNasa y se purificaron mediante precipitación. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de cada uno de los genes diana se proporciona en la Tabla 4.

#### **2.2. Ensayos de análisis de supervivencia para novedosas dianas de *Lygus hesperus***

Para posibilitar la clasificación de acuerdo con la potencia, los ARNbc *in vitro* correspondientes a las novedosas dianas se sintetizaron y aplicaron a *L. hesperus* en bioensayos de análisis de supervivencia de 10 días. En resumen, se colocaron ninfas de *L. hesperus* de un día de vida en placas de 96 pocillos con sellos de sacarosa que contenían 0,5 µg/µl del ARNbc diana, enriquecido con 5 µg/µl de ARNt de levadura. Las placas se incubaron durante 3 días en condiciones de cultivo de *Lygus* convencionales. El día 3, 6 y 8, los sellos de dieta se renovaron con sellos que contenían dieta de *Lygus* únicamente. Se utilizó Lh423 (RpL19) como control positivo y se utilizó ARNbc de GFP y dieta de sacarosa como controles negativos.

Los resultados de los análisis de supervivencia confirmaron los datos del primer y el segundo ensayo de confirmación. Se estableció Lh594 como una diana muy potente, con actividad y velocidad hasta destrucción más fuerte que el control fuerte Lh423.

Hasta ahora, la detección de *Lygus* en busca de novedosas dianas identificó nuevas dianas con actividades mayores o en el intervalo del control positivo Lh423; estos incluyen Lh429, Lh594, Lh609, Lh610, Lh611, Lh617 y Lh618. La mortalidad inducida por estas dianas se muestra en las **Figuras 3 y 4**.

Para obtener una clasificación más precisa de las dianas de acuerdo con su actividad, se realizaron análisis de concentración de respuesta a la dosis. Las novedosas dianas se ensayaron en ensayos *in vitro*, con concentraciones que varían de 0,4 a 0,025 µg/µl. Por condición, se evaluaron ninfas de 24 horas de vida en la configuración de placas de 96 pocillos, en dieta de sacarosa enriquecida con vehículo de ARNbc y ARNt. Los resultados se presentan como % de supervivencia en un experimento de 10 días (**Figuras 7 a 11**) y se resumen en la **Tabla 5**.

Basándose en los análisis de la curva de concentración, las dianas se clasificaron por comparación con los controles de referencia Lh423 y Lh105 (**Tabla 5**).

**Tabla 5:** Clasificación de novedosas dianas de *Lygus* de acuerdo con DRC y comparadas con las dianas de referencia Lh423 y Lh105.

| ID de la diana | Potencia expresada como $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ de ARNbc necesaria para alcanzar un 90% de destrucción en el día 7 |
|----------------|--|
| Lh594          | 0.025 (en el día 6)  |
| Lh618          | 0.05-0.1   |
| Lh612          | 0.05   |
| Lh615          | 0.05   |
| Lh423          | 0.1  |
| Lh595          | 0.1  |
| Lh560          | 0.1  |
| Lh610          | 0.1  |
| Lh617          | 0.1  |
| Lh105          | 0.2  |
| Lh614          | 0.2 (en el día 6)  |
| Lh611          | 0.2  |
| Lh596          | 0.3  |
| Lh609          | ND   |
| Lh429          | ND   |

La potencia de Lh594 se confirmó adicionalmente. El efecto de esta diana se observa claramente al menos un día antes que las otras dianas y el control positivo de referencia Lh105 y Lh423. Dado que Lh594 era muy potente, la LD50 no se alcanzó en el experimento de DRC convencional, con una concentración en el intervalo de 0,4 a 0,025  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  de ARNbc (**Figura 8**), el experimento de Lh594 por lo tanto se repitió, incluidas concentraciones más bajas en el intervalo de 0,05 a 0,001  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  de ARNbc (**Figura 12**). En conclusión, la actividad de Lh594 se observó a una concentración de 0,0025  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  y aproximadamente un 90% de destrucción (correspondiente a aproximadamente un 10% de supervivencia) se obtuvo en el día 6 con 0,025  $\mu\text{g}$  de ARNbc.

Para explorar más la potencia de Lh594 y la función del vehículo de ARNt en la respuesta de la iARN en *Lygus hesperus*, se configuraron ensayos de alimentación *in vitro* adicionales en ausencia del ARNt portador. Se produjeron ARNbc de Lh594, Lh423 (control de referencia) y GFP (control negativo) *in vitro*, usando el método convencional. Los ARNbc se purificaron y se evaluaron a 5  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  en ausencia de ARNt (**Figura 13 A**).

En ausencia de ARNt, las dianas Lh594 y Lh423 indujeron una letalidad alta en ninfas de *Lygus*. Los resultados de este experimento se han reproducido desde entonces. El ARNbc diana fue capaz de inducir efectos de iARN por alimentación en ninfas de *Lygus* en ausencia de ARNt.

Para investigar la actividad de ARNbc a concentraciones más bajas en ausencia del ARNt portador, se configuraron experimentos adicionales, usando cantidades decrecientes de ARNbc (**Figura 13 B**).

Se siguió una estrategia similar para las dianas de *Lygus* que se identificaron en la segunda detección. Para obtener una clasificación de las dianas de acuerdo con su actividad, se realizaron análisis de concentración de respuesta a la dosis. Las novedosas dianas se ensayaron en ensayos *in vitro*, con concentraciones que varían de 0,5 a 0,05  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ . Por condición, se evaluaron ninfas de 24 horas de vida en la configuración de placas de 96 pocillos, en dieta de sacarosa enriquecida con vehículo de ARNbc y ARNt. Los resultados se presentan como % de supervivencia en un experimento de 9 días (**Figuras 17 A-D**). Lh594 y Lh423 se han incluido en el ensayo como dianas de referencia. Los resultados se resumen en la **Tabla 6**. Basándose en los análisis de curvas de concentración, las dianas se clasificaron por comparación con el control de referencia Lh423.

**Tabla 6:** Dianas novedosas de *Lygus* de la clasificación de la segunda detección de acuerdo con DRC y comparados con las dianas de referencia Lh423 y Lh594.

| ID de la diana | Potencia expresada como $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ de ARNbc necesaria para alcanzar un 90% de destrucción en el día 7 |
|----------------|--|
| Lh594          | 0.025 (en el día 6)  |
| Lh634          | 0.1  |
| Lh423          | 0.1  |
| Lh631          | 0.4  |
| Lh633          | 0.4  |
| Lh627          | 0.5  |
| Lh628          | 0.5  |
| Lh630          | 0.5  |
| Lh632          | 0.5  |
| Lh629          | ND   |

### **Ejemplo 3 Detección de la ruta de troponina**

Para posibilitar el ensayo de las dianas de la ruta de Troponina, los ARNbc producidos *in vitro* correspondientes a Lh619, Lh620, Lh621, Lh622, Lh622, Lh623, Lh624, Lh625 y Lh626 se sintetizaron y aplicaron a *L. hesperus* en bioensayos de análisis de supervivencia de 10 días. En resumen, se colocaron ninfas de *L. hesperus* de un día de vida en placas de 96 pocillos con sellos de sacarosa que contenían 0,5  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  del ARNbc diana, enriquecido con 5  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  de ARNt de levadura. Las placas se incubaron durante 3 días en condiciones de cultivo de *Lygus* convencionales. El día 3, 6 y 8, los sellos de dieta se renovaron con sellos que contenían dieta de *Lygus* únicamente. Se utilizó Lh594 (Troponina I) como control positivo y se utilizó ARNbc de GFP y dieta de sacarosa como controles negativos (**Figura 15**). Luego se incluyeron cuatro dianas en análisis de curvas de respuesta a la dosis en un ensayo *in vitro*, con concentraciones en el intervalo de 0,4 a 0,025  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ . Por condición, se evaluaron ninfas de 24 horas de vida en la configuración de placas de 96 pocillos, en dieta de sacarosa enriquecida con vehículo de ARNbc y ARNt. Los resultados se presentan como % de supervivencia en un experimento de 10 días (**Figuras 16 A-B**).

### **Ejemplo 4 Generación de plantas resistentes a especies de plagas de insectos**

#### **15 4.1. Montaje de vectores de expresión de plantas que comprenden una secuencia de horquilla de *Lygus hesperus* para la transformación de patata o algodón**

Dado que el mecanismo de interferencia de ARN funciona a través de los fragmentos de ARNbc, las secuencias polinucleotídicas diana se clonaron en una orientación no codificante y codificante, separadas por un separador (SEQ ID NO 98:

20 CTCGAGCCTGAGAGAAAAGCATGAAGTATACCCATAACTAACCATTAGTTATGCATTTATGTTATATCTATTCAT  
GCTTCTACTTTAGATAATCAATCACCACCAATGAGAATCTCAACGGTGCACAAATGTTTCATGAAAATGTAGTGT  
GTACACTTACCTTCTAGA, o

SEQ ID NO 385:

25 TCTAGAAGGTAAGTGTACACACTACATTTTCATGAACATTATTGCCACCGTTGAGATTCTCATTGTTTGGTGATTG  
ATTATCTAAAGTAGAAGCATGAATAGATATAACATAAACTAGTAACTAATGGGTTAGTTATGGGTATACTTCATGCT  
TTTCTCTCAGGCTCGAG), para formar una construcción de horquilla de ARNbc. Las construcciones de horquilla de  
ARNbc que codifican las moléculas de ARNbc de *L. hesperus* derivadas de los genes diana mencionados en este  
documento se subclonaron en un vector de expresión de plantas. De manera similar, una construcción de control de  
horquilla de ARNbc de GUS, donde la secuencia polinucleotídica codificante que codifica GUS (SEQ ID NO 97:  
30 CCAGCGTATCGTGCTGCGTTTTGATGCGGTCACTCATTACGGCAAAGTGTGATGGAGCATCAGGGCGGCTATAC  
GCCATTTGAAGCCGATGTCACGCCGTATGTTATTGCCGGGAAAAGTGTACGTATCTGAAATCAAAAACTCGACG  
GCCTGTGGGCATTTCAGTCTGGATCGCGAAAAGTGTGGAATTGATCCAGCGCCGTCGTCGGTGAACAGGTATGG  
AATTCGCCGATTTTGCACCTCGCAAGGCATATTCGGGTGAAGTTATCTCTATGAACTGTGCGTACAGCCAA  
AAGCCAGACAGAGT) se clonó en orientación no codificante y codificante, separada por el mismo intrón (SEQ ID  
35 NO 98 o SEQ ID NO 385), se subclonó en un vector de expresión de plantas.

El vector de expresión de plantas comprende también elementos necesarios para el mantenimiento del plásmido en una célula bacteriana. La construcción de la horquilla de ARNbc se ubica entre el borde izquierdo (BI) y el borde derecho (BD), 3' posterior al promotor 35S del Virus del Mosaico de la Coliflor (P35S) y 5' anterior al terminador de TNOS. Se subclonó un casete de expresión del indicador GFP que comprende la secuencia de GFP flanqueada por el promotor y el terminador P35S en el vector de transformación de plantas que alberga el casete de horquilla de *L. hesperus*. Un casete de expresión de NPT II que comprende la secuencia de NPT II flanqueada por el promotor y terminador P35S se utiliza para seleccionar las plantas que se han transformado eficazmente. Un montaje correcto de los fragmentos genéticos en el vector de expresión de plantas se confirmó mediante secuenciación (Figura 5).

Los vectores de expresión de plantas que comprenden las horquillas de las dianas de *L. hesperus* individuales se transformaron posteriormente en *Agrobacterium tumefaciens*. Para todos los genes diana de *L. hesperus* mencionados en este documento, los fragmentos pueden seleccionarse y clonarse como horquillas de una manera similar.

#### 4.2. Transformación de patata con un vector de expresión de plantas que comprende una secuencia de horquilla de *Lygus hesperus* y ensayo de las plantas de patata transformadas para la resistencia contra *L. hesperus*

El ejemplo que se proporciona a continuación es una ejemplificación del hallazgo de que las plantas de patata transgénica que expresan los ARN de horquilla específicos de genes diana afectan adversamente a la supervivencia y/o el desarrollo de las especies de plagas de insectos.

##### ¡ARN por alimentación de *Lygus hesperus* in planta

Después de los resultados positivos obtenidos en los experimentos de alimentación de ARNbc en *L. hesperus*, se realizaron experimentos de viabilidad *in planta*.

El ensayo *in planta* se desarrolló con plántulas de patata *in vitro* que pueden soportar la supervivencia de los insectos al menos 8 días, manteniendo la mortalidad de fondo baja. Las ninfas de *L. hesperus* sobreviven y se alimentan en plántulas de patata de tipo silvestre. Esto está respaldado por el daño visual causado por insectos que puede observarse en las hojas y yemas (Figura 6).

En el ensayo, *L. hesperus* se alimenta con patata transgénica, que expresa el ARNbc de horquilla dirigido a las dianas de *L. hesperus* identificadas en este documento. Se generaron plásmidos que contienen construcciones de horquilla y un control de GUS.

Las plántulas se analizaron mediante PCR para confirmar la integración del ADN-T y la presencia de la horquilla, antes de que se propagara. Se produjeron explantas en exceso con el fin de obtener al menos 30 eventos independientes para cada construcción.

##### Transformación de patata

Plantas de patata transformadas de forma estable se obtuvieron usando un protocolo adaptado recibido por Julie Gilbert en el Proyecto de Genoma de Patata NSF (<http://www.potatogenome.org/nsf5>). Las explantas de internodo de tallo de la "Línea V" de patata (obtenidas originalmente del Laboratorio de Reproducción Vegetal en PRI Wageningen, Países Bajos) que deriva del diploide susceptible *Solanum tuberosum* 6487-9 se utilizaron como material de partida para la transformación. Las explantas derivadas *in vitro* se inocularon con C58C<sub>1</sub>Rif<sup>R</sup> de *Agrobacterium tumefaciens* que contenía las construcciones de horquilla. Después de tres días de cocultivo, las explantas se colocaron en un medio selectivo que contenía 100 mg/l de kanamicina y 300 mg/l de timentina. Después de 6 semanas tras la transformación, los primeros brotes putativos se retiraron y se arraigaron en un medio selectivo. Los brotes que se originaron de diferentes explantas se trataron como eventos independientes, los brotes que se originaron del mismo callo se denominaron "hermanos" hasta que su estado clonal pudiera verificarse mediante transferencia de Southern, y los cortes nodales de un brote se denominaron "clones".

El estado transgénico de los brotes de enraizamiento se revisó mediante fluorescencia de GFP o mediante PCR más/menos para la secuencia diana insertada. Los brotes positivos luego se propagaron por clonación en cultivo tisular para asegurar que estuvieran disponibles suficientes repeticiones para los ensayos de *Lygus hesperus*. Estos brotes se mantuvieron en medio de cultivo tisular o se transfirieron al suelo, lo que permite una mayor flexibilidad para ensayar la resistencia contra ninfas/adultos de *L. hesperus*. Las primeras plantas estuvieron disponibles para pruebas catorce semanas tras la transformación.

##### Bioensayo

Las plantas de patata transgénica jóvenes se mantuvieron en medio de cultivo tisular o se cultivaron en suelo en una cámara de cuarto de crecimiento de plantas con las siguientes condiciones: 25 ± 1°C, 50 ± 5% de humedad relativa, fotoperiodo de 16:8 horas de luz:oscuridad. Por construcción, varios eventos (por ejemplo, veinte) se generaron con una cantidad adecuada de clones (por ejemplo, diez) por evento. Se colocaron varias ninfas/adultos de *Lygus* jóvenes en plantas de patata jóvenes (por ejemplo, en la etapa de hojas 4-5 desplegadas) confinadas

individualmente y se dejaron durante al menos siete días antes de evaluar la resistencia contra *Lygus hesperus* en términos de supervivencia de ninfas/larvas/adultos, desarrollo retrasado y crecimiento atrofiado y/o daño por alimentación sobre la planta reducido.

5 La viabilidad de iARN *in planta* para la protección de cultivos contra *Lygus* se evaluó en un ensayo usando patatas transgénicas que expresaban horquillas que correspondían a genes diana de *Lygus*. La **Tabla 7** resume los números de patatas transgénicas generadas y evaluadas. Los eventos transgénicos se generaron con horquillas que correspondían a dianas Lh423 de *Lygus* (la secuencia de horquilla para Lh423 está representada en la SEQ ID NO 402; la secuencia codificante de la diana Lh423 está representada en la SEQ ID NO 101) y Lh594 (la secuencia de horquilla para Lh594 está representada en la SEQ ID NO 401; la secuencia codificante de la diana Lh594 está representada en la SEQ ID NO 2) y GUS como control (la secuencia de horquilla para GUS está representada en la SEQ ID NO 403; la secuencia codificante de GUS está representada en la SEQ ID NO 97). En este ensayo se utilizó como intrón la SEQ ID NO 385.

**Tabla 7**

| Gen            | Construcción | N.º de eventos | N.º de plántulas | Línea de transformación | de |
|----------------|--------------|----------------|------------------|-------------------------|----|
| GUS            | pGCC121      | 46             | 20x2             | P001                    |    |
| Lh423          | pGCC133      | 28             | 20x30            | P006                    |    |
| Lh594          | pGCC135      | 25             | 20x30            | P007                    |    |
| Tipo silvestre | -            |                | 20               |                         |    |

15 Las plántulas se propagaron primero en cajas, luego en macetas individuales, que contenían medio de enraizamiento de MS (4,4 g/l de sales de MS y vitaminas, 30 g/l de sacarosa, 10 g/l de Gelrite, pH 5,7), en preparación para los ensayos de alimentación de *Lygus*. Dos eventos independientes de GUS se seleccionaron de 8 eventos independientes evaluados en 2 experimentos independientes (**Figura 18 A-B**). En el ensayo, se evaluaron 20-30 plantas transgénicas del mismo evento, cada una plantada en una maceta separada, y se compararon con plántulas WT. Para las líneas transgénicas que tienen las horquillas Lh423 y Lh594, 28 y 25 eventos independientes se evaluaron respectivamente y para cada evento transgénico independiente se evaluaron 20 a 30 plántulas, cada una plantada en una maceta separada (**Figura 6**).

20 Como se esperaba en transformantes primarios, se observó un intervalo de actividad para los 28 eventos transgénicos de Lh423 independientes (**Figura 19**); 6 eventos de P006 independientes indujeron más de un 60% de letalidad en el día 9 y en un evento, la letalidad alcanzó un 80% en el día 9 (**Figura 20**).

25 Como se esperaba en transformantes primarios y como se observa para los transformantes primarios de Lh423, se observó un intervalo de actividad también para los 25 eventos transgénicos de Lh594 (**Figura 21**); 6 eventos de P007 independientes indujeron más de un 60% de letalidad en el día 9 y en un evento, la letalidad alcanzó un 80% en el día 9 (**Figura 22**). Además, se observaron claramente retrasos de crecimiento y atrofia en los insectos supervivientes.

### 30 Resultados de qRT-PCR en *Lygus* alimentados con plantas

35 Para demostrar que la reducción observada en la supervivencia de *Lygus* alimentados con plántulas de patata transgénicas que expresan horquillas dirigidas contra genes endógenos fue una verdadera respuesta de iARN, el nivel de regulación por disminución del ARNm diana (Lh423) se midió mediante PCR en tiempo real cuantitativa (qRT-PCR). Los insectos se dejaron alimentar con 3 eventos que tienen la horquilla de Lh423 (P006/59, /22 y /29) y de un evento que tiene el control de horquilla de GUS (P001/28) como control. Los insectos se recogieron después de 5 días y se congelaron inmediatamente en nitrógeno líquido. El ARN total se extrajo de 5 grupos de 5 insectos usando reactivo de TRI y de acuerdo con las instrucciones del fabricante (SIGMA). Después del tratamiento con DNasa I (Promega) para quitar el ADN genómico seguido por extracción en fenol-cloroformo y precipitación en etanol, los ARN precipitados se disolvieron en agua. Para cada muestra, se transcribió de forma inversa 1 µg de ARN con una mezcla de hexámeros aleatorios y cebadores oligo dT anclados. Se realizó PCR de tipo qRT-PCR en el BioRad I-Cycler, usando iQ SYBR Green Supermix (Biorad) y usando las condiciones recomendadas por el fabricante. Los cebadores de qRT-PCR (**Tabla 8**) se diseñaron usando BeaconDesign; para evitar accidentes de PCR previsible en presencia del ARNbc expresado en plantas ingerido por los insectos, las secuencias de cebador estaban ubicadas en la posición 3' de la secuencia de ARNbc. Se utilizó el algoritmo GeNorm para normalizar el nivel de ARNm diana usando 2 genes de constitutivos, Lh425 (SDHA) y Lh427 (rpl 11).

En el control, se observaron transgénicos de GUS y no se observó regulación por disminución del ARNm diana endógeno de Lh423. Pero los resultados claramente demostraron una regulación por disminución del ARNm de

Lh423 de *Lygus* endógeno que corresponde al ARNbc ingerido por los animales alimentados con 3 eventos diferentes de plantas transgénicas de Lh423 (**Figura 23**).

#### 4.3. Transformación de algodón con un vector de expresión de plantas que comprende una secuencia de horquilla de *Lygus hesperus* y ensayo del material calloso o plantas de algodón transformadas para la resistencia contra *L. hesperus*

El ejemplo que se proporciona a continuación es una ejemplificación del hallazgo de que las plantas o callo de algodón transgénico que expresan los ARN de horquilla específicos de genes diana afectan adversamente a la supervivencia y/o el desarrollo de las especies de plagas de insectos.

##### Transformación de algodón

La superficie de la semilla de Coker 312 se esteriliza usando primero un lavado de 5 minutos en un 70% de etanol y agitando luego en un 20% de una solución blanqueadora (Clorox Co. Estados Unidos, 1% de cloro disponible) más 10 gotas del detergente no iónico, Tween® 20, por litro. La semilla se enjuaga luego 3 veces en agua destilada estéril antes de secarse mediante transferencia por adsorción en papeles de filtro estériles. La semilla estéril se germina sobre un medio de Germinación (SG) durante 4-6 días, y en este punto los hipocótilos se cosechan y se cortan en longitudes de 0,5 cm listos para inoculación de *Agrobacterium*. Las secciones de corte se colocan en papeles de filtro estériles superponiendo un medio basado en Murashige y Skoog que no contiene fitohormonas. Las explantas se incuban en un ciclo de 16:8 horas de día: noche a 28°C +/- 2°C durante 3 días antes de la inoculación.

Para la inoculación, se cultiva durante toda la noche un cultivo de LB líquido de *Agrobacterium tumefaciens* (10 ml), cepa GV3101 (pMP90) Gent<sup>R</sup> o cepa LBA4404 que contiene la diana de horquilla de ARN seleccionada y un casete de selección de plantas que codifica resistencia a higromicina, y se utilizan 5 ml para inocular un cultivo de 100 ml la noche antes de la inoculación. El cultivo se centrifuga, se resuspende y se diluye hasta una OD600 de 0,15 en el medio de dilución bacteriano.

Los segmentos de hipocótilos se inoculan con la suspensión de *Agrobacterium* durante 5 minutos. Después de esto, las explantas se transfieren por adsorción a un papel de filtro estéril para quitar el exceso de suspensión bacteriana. Las explantas se inoculan en la oscuridad sobre Medio de Cocultivo de Algodón (CCM) durante 48 horas. Las explantas entonces se ubicaron en medio de inducción de callos selectivo (SCIM) que contenía 10 mg/l de higromicina y 500 mg/l de Cefotaxima y que incluye las fitohormonas ácido 2,4-diclorofenoxiacético (0,1 µg/ml) y cinetina (0,1 µg/ml). Después de 4-6 semanas, se observan los primeros callos resistentes, y estos pueden retirarse a SCIM fresco y amplificarse adicionalmente para evaluación molecular y bioensayos de insectos. Las placas se renuevan cada 4-6 semanas para mantener los nutrientes y la selección de antibióticos.

Los callos que muestran proporcionar un resultado positivo en el bioensayo de alimentación de insectos se eligen para la regeneración y el callo se transfiere a medio no selectivo para la maduración de los embriones somáticos, la fórmula se basa en la publicación de Trolinder y Goodin, 1986. Una vez que los embriones han alcanzado 4 mm de longitud y han diferenciado los cotiledones y las radículas (2-3 meses después de la transferencia a medio de maduración), pueden transferirse a medio de enraizamiento de elongación. Este consiste en vermiculita esterilizada en grandes tubos de ensayo impregnada con un medio líquido basado en Stewart y Hsu (1977) enriquecido con cinetina, ácido giberélico ambos añadidos a la concentración final de 0,1 mg/l. Los embriones se incuban a 28°C en un ciclo de 16:8 día/noche, y una vez alcanzan la fase de 2-3 hojas, las plántulas pueden fortalecerse en macetas de vermiculita encerradas en un propagador para mantener la humedad. Una vez que las plantas se habían endurecido por completo (etapa de 4-6 hojas verdaderas), pueden colocarse en macetas en una mezcla 50:50 de turba:marga y se cultivaron en un ciclo de luz 14:10 a 30/20°C de día/noche.

##### Bioensayo

Se colocan ninfas de *L. hesperus* en una placa Petri que contiene tejido calloso de algodón indiferenciado que expresa el ARN de horquilla diana. Por construcción, se generan varios callos de algodón transformados y se evalúan en un bioensayo de alimentación para supervivencia reducida de ninfas/adultos y/o desarrollo retrasado y crecimiento atrofiado. Los callos transgénicos que no expresan el fragmento génico del ARN de horquilla diana de *L. hesperus* sirven como control negativo. Asimismo, las plantas de algodón regeneradas jóvenes de callos transgénicos se cultivan en suelo en una cámara de cultivo de plantas con las siguientes condiciones: 30/20°C de día/noche, 50 ± 5% de humedad relativa, fotoperiodo de 14:10 horas de luz:oscuridad. Por construcción, se generan varios eventos (por ejemplo, veinte). Varias ninfas/adultos jóvenes de *L. hesperus* se colocan en las plantas jóvenes (por ejemplo, en la fase de 4-5 hojas desplegadas) confinadas individualmente y se dejan durante al menos siete días antes de evaluar la resistencia contra *L. hesperus* en términos de reducción de la supervivencia de las ninfas/adultos, retardo en el desarrollo y crecimiento atrofiado, y/o disminución en los daños por alimentación sobre la planta. Las plantas de algodón no transformadas con el fragmento génico del ARN de horquilla diana de *L. hesperus* sirven como control negativo.

##### Ejemplo 5 Identificación de genes diana en *Leptinotarsa decemlineata*

### 5.1. Biblioteca de ADNc normalizado de *Leptinotarsa decemlineata* y preparación de ARNbc en placas de múltiples pocillos para ensayos de detección

Se aislaron ácidos nucleicos de larvas de *Leptinotarsa decemlineata* de diferentes etapas. Se preparó una biblioteca de ADNc usando el kit de síntesis de ADNc por PCR SMARTer™, siguiendo las instrucciones del fabricante (Clontech Cat. n.º 634925). La biblioteca de ADNc se normalizó usando el kit Trimmer (Evrogen Cat. n.º NK001) y se clonó en el vector PCR®-BLUNTII-TOPO® (Invitrogen). La normalización de los clones introdujo adaptadores M2 (Trimmer Kit, Evrogen, SEQ ID NO 92: AAGCAGTGGTATCAACGCAG) orientados en dirección opuesta en cada extremo de los clones. Las construcciones del vector recombinante se transformaron en células de la cepa TOP10 de *Escherichia coli* (Invitrogen). Posteriormente se diluyeron las células transformadas y se sembraron en placa para obtener colonias individuales o clones. Los clones se revisaron para asegurarse de que la redundancia de clones para la biblioteca no excediera un 5%. Se inocularon clones únicos en medios de LB (caldo Luria) líquido, en placas de 96 pocillos y se cultivaron durante una noche a 37°C. Las placas también incluyeron clones control positivos (Ld513) y negativos (FP).

Para generar el ARNbc, se generaron mediante PCR fragmentos de ADN codificantes y no codificantes que contenían la secuencia promotora T7. En resumen, por clon, se distribuyó 1 µl de suspensión bacteriana en placas de PCR de múltiples pocillos que contienen REDTaq® (Sigma Cat. n.º D4309) y los cebadores oGCC2738 (SEQ ID NO 93: AAGCAGTGGTATCAACGCAG) y oGCC2739 (SEQ ID NO 94: GCGTAATACGACTCACTATAGGAAGCAGTGGTATCAACGCAG) basados en las secuencias M2 y la T7-M2, respectivamente. La reacción de PCR estuvo seguida de una transcripción *in vitro*, donde, por clon, se utilizaron 6 µl de producto de PCR en un volumen de reacción de 20 µl que contenía los reactivos de transcripción proporcionados por el Sistema de Producción de ARN a Gran Escala RiboMAX™ - kit T7 (Promega Cat. n.º P1300) y se incubaron durante toda la noche a 37°C. La solución de ARNbc final se diluyó en agua Milli-Q estéril y se utilizó para la detección. El ARNbc que corresponde al clon de control de Ld513 positivo es la SEQ ID NO 400 (véase la **Tabla 11**) y al clon de control de FP negativo es la SEQ ID NO 104 (véase la **Tabla 4**).

### 5.2. Detección de genes diana novedosos y potentes de *Leptinotarsa decemlineata* usando una biblioteca de ADNc de expresión de ARNbc

Cada pocillo de una placa de 48 pocillos contenía 0,5 ml de dieta artificial pretratada con una capa tópica de 25 µl (o 1 µg) del ARNbc de prueba o control. Una larva L2 se colocó en cada pocillo y se evaluaron 3 larvas por clon. Los números de supervivencia de CPB se evaluaron los días 4, 7 y 10.

En un segundo bioensayo, las larvas de CPB se alimentaron con dieta y se trataron con un ARNbc de prueba aplicado tópicamente generado a partir de clones derivados de una biblioteca de ADNc normalizado. Una larva se colocó en un pocillo de una placa de 48 pocillos que contenía una dieta de 0,5 ml pretratada con una capa de 25 µl de una solución de 40 ng/µl de ARNbc. Se evaluó un total de veinticuatro larvas por tratamiento (clon). El número de insectos supervivientes se evaluó en los días 4, 5, 6, 7, 8 y 11. El porcentaje de mortalidad larvaria se calculó respecto al día 0 (inicio del ensayo) (véase la **Figura 29**).

### 5.3. Identificación de dianas del escarabajo *L. decemlineata*

Las nuevas secuencias diana de la detección de 5.2. y las secuencias diana correspondientes a las dianas de la ruta de troponina, ortólogas a las secuencias Lh594, Lh619 y Lh620 de *Lygus*, se han identificado en *L. decemlineata*. Los cebadores que proporcionaron fragmento de ADNc relevante para Ld594 se enumeran en la **Tabla 19**. Las secuencias de ADNc y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana se determinaron y se proporcionan en las **Tablas 9 y 10** respectivamente.

### 5.4. Producción de ARNbc correspondientes a las secuencias parciales de los genes diana de *L. decemlineata*

El ARNbc se sintetizó usando los cebadores proporcionados en la **Tabla 11**. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de los genes diana se proporciona en la **Tabla 11**.

### 5.5. Ensayos de análisis de supervivencia para novedosas dianas de *L. decemlineata*

#### Ensayo de larvas tempranas

Se produjeron ARNbc sintéticos para las 3 dianas, Ld594, Ld619 y Ld620, y se evaluaron en un ensayo de alimentación con las larvas de CPB (véase la **Figura 24**). Se llevó a cabo un ensayo de 10 días en placas de 48 pocillos, con dieta artificial (basada en Gelman *et al*, J Ins Sc, 1:7, 1-10: Artificial diets for rearing the Colorado Potato Beetle), enriquecida con 1 µg de ARNbc/pocillo, con 12 larvas por condición.

Pudo observarse un claro efecto en el desarrollo de las larvas. Se configuró un segundo ensayo para investigar el efecto de estos ARNbc durante el transcurso de la pupación y la metamorfosis (véase el ensayo de pupación más abajo).

### **Ensayo de pupación**

Se configuró un ensayo de pupación de CPB para investigar el efecto de la desactivación por iARN de Ld594, Ld619 y Ld620 durante la pupación y la metamorfosis. Las larvas de cuarto estadio se alimentaron con 1 µg de ARNbc sintetizado *in vitro* dispensado en un disco de hoja de patata y luego se transfirieron a un caja que contenía hojas de patata frescas sin tratar. Cuatro días después los insectos que sobrevivieron se colocaron en vermiculita para permitir la pupación. Los insectos tratados con Lh594 fueron lentos, más pequeños y en mayor medida fueron incapaces de superar la pupación. La eclosión de la pupa se evaluó al final del experimento. Para el control sin tratar, puparon 24 larvas y todas eclosionaron en adultos saludables. Para Ld620, se observó una disminución del número de larvas que evolucionaron hasta pupación. Para las tres dianas evaluadas, ninguna larva evolucionó en pupas saludables y ninguna emergió como adulto. Los insectos muertos recuperados de la vermiculita mostraron varios grados de malformaciones (**Figura 25**).

Ld594, Ld619 y Ld620 primero aparecieron como dianas no letales en el ensayos de larvas de CPB, a pesar de que se observó claramente una reducción de la vitalidad en los insectos tratados con ARNbc. Por otro lado, en el ensayo de pupación, las 3 dianas indujeron efectos importantes e inhibieron la entrada en pupación y/o metamorfosis.

### **Ensayo de adultos**

Para evaluar la actividad de Ld594, Ld619 y Ld620 en adultos de CPB, se configuró un ensayo de disco de hojas. Un disco de hoja de patata (1,7 cm de diámetro) se recubrió con ARNbc o controles y se colocó en una placa Petri de 3,5 cm con un escarabajo adulto. Al día siguiente se proporcionó un disco nuevo de hojas tratadas a los insectos. El tercer día, los adultos se transfirieron a una caja que contenía suficientes hojas de patata frescas sin tratar para soportar la supervivencia de los controles sin tratar. Por tratamiento, se ensayaron 6 adultos y se contaron los números de supervivientes y de insectos moribundos a intervalos regulares desde el día 6 hasta el día 13. Los insectos se consideraban moribundos si eran incapaces de erguirse por sí mismos tras colocarlos sobre el dorso.

A pesar del nivel relativamente alto de fondo en el control negativo en este ensayo particular, se observaron claros efectos para los insectos que se habían expuesto a ARNbc de Ld594 o Ld619 (**Figura 26**).

### **Ejemplo 6 Identificación de genes diana en *Nilaparvata lugens***

#### **6.1. Identificación de dianas de *Nilaparvata lugens***

Se han identificado en saltamontes pardo del arroz, *Nilaparvata lugens*, nuevas secuencias diana, que corresponden a las dianas de la ruta de Troponina y nombrados como NI594 (Troponina I), NI619 (Troponina T) y NI626 (Troponina C). Las secuencias ortólogas de los genes de *Lygus*, nombrados como NI594 (Troponina I), NI619 (Troponina T) y NI625/626 (Troponina C), se clonaron a través de PCR con cebador degenerado, usando ADNc de BPH como molde. Además, el ADNc de longitud completa se identificó para NI594, usando RACE (véase el método anteriormente). Se utilizó el sistema de PCR AmpliTaq Gold (Applied Biosystems) siguiendo las instrucciones del fabricante y con condiciones convencionales para las reacciones de PCR con cebador degenerado, normalmente de la siguiente forma: 1 ciclo con 10 minutos a 95°C, posteriormente 40 ciclos con 30 segundos a 95°C, 1 minuto a 50°C y 1 minuto a 72°C y posteriormente 10 minutos a 72°C. Para aumentar la tasa de éxito, se diseñaron hasta 10 cebadores degenerados diferentes, directos e inversos, basándose en alineaciones de secuencias ortólogas en otras especies, y se utilizaron en varias combinaciones. Los fragmentos de PCR obtenidos se purificaron a partir del gel mediante el kit de extracción de gel (Qiagen Cat. n.º 28706) y se clonaron en un vector TOPO TA (Invitrogen). Se secuenciaron los clones y se utilizaron las secuencias de consenso en búsquedas Blast en bases de datos de secuencias de insectos disponibles para confirmar la relevancia del inserto. Los cebadores degenerados que resultaron en una amplificación exitosa se enumeran en la **Tabla 20**.

Se determinaron las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana y otro gen diana (NI537) y se proporcionan en las **Tablas 12 y 13**, respectivamente.

#### **6.2. Producción de ARNbc que corresponde a las secuencias parciales de los genes diana de *Nilaparvata lugens***

El ARNbc se sintetizó usando los cebadores proporcionados en la **Tabla 14**. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de cada uno de los genes diana se proporciona en la **Tabla 14**.

#### **6.3. Ensayos de análisis de supervivencia para novedosas dianas de *Nilaparvata lugens***

Los ARNbc se sintetizaron y se evaluaron en ensayos de iARN por alimentación de BPH previamente optimizados, en presencia del detergente zwitteriónico, CHAPSO, a un 0,1% de concentración final. Los ARNbc se evaluaron a 0,5 µg/µl de concentración final. Se utilizó NI537, una diana potente en los ensayos de BPH como una diana de referencia en el ensayo. La supervivencia de los insectos se evaluó en el trascurso de 9 días.

Los resultados del bioensayo mostraron que en BPH, NI594, NI619 y NI626 también fueron dianas de iARN potentes en BPH (**Figura 27**).

**Ejemplo 7 Identificación de genes diana en *Acyrtosiphon pisum*****7.1. Identificación de dianas de *Acyrtosiphon pisum***

Se han identificado nuevas secuencias diana en áfidos y se nombraron como Ap423, Ap537, Ap560 y Ap594, siguiendo la misma nomenclatura: "Apxxx", donde "Ap" corresponde a *Acyrtosiphon pisum* y "xxx" a la ID de la diana. Los cebadores se diseñaron basándose en la predicción de genes de dominio público de AphidBase (ref: <http://www.aphidbase.com/>) (**Tabla 15**).

Las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana se determinaron y se proporcionan en las **Tablas 16 y 17** respectivamente.

**7.2. Producción de ARNbc que corresponde a las secuencias parciales de los genes diana de áfidos**

El ARNbc se sintetizó usando los cebadores proporcionados en la **Tabla 18**. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de cada uno de los genes diana se proporciona en la **Tabla 18**.

**7.3. Ensayos de análisis de supervivencia para novedosas dianas de áfidos**

Se evaluó la iARN por alimentación en *Acyrtosiphon pisum* (pulgón del guisante) con 4 dianas: Ap594, Ap423, Ap560, Ap537. Las secuencias se amplificaron mediante PCR usando cebadores, diseñados sobre la información de secuencias de dominio público (<http://www.aphidbase.com>) y se preparó ADNc de áfidos. Se prepararon y se evaluaron ARNbc sintéticos a una concentración final de 0,5 µg/µl en presencia de 5 µg/µl de ARNt de levadura en una dieta de sacarosa. Diez ninfas de pulgón del guisante recién nacidas se colocaron en una placa Petri (32 mm). Se colocaron en una pipeta cincuenta µl de dieta (con ARNt y ARNbc) sobre la primera capa de parafilm. Una segunda capa de parafilm cubrió la dieta y creó una bolsita de alimentación donde los áfidos pudieron alimentarse. Por diana se configuraron cinco repeticiones de diana de 10 ninfas recién nacidas. El ARNbc de GFP se utilizó como control negativo. La dieta se renovó el día 4 y 7 de los ensayos y se evaluó la supervivencia (**Figura 28**).

**Tabla 2**

| ID de la diana | Secuencia de ADNc (hebra codificante) 5' → 3' |
|----------------|---|
| Lh594          | SEQ ID NO 1                                   |
| Lh609          | SEQ ID NO 3                                   |
| Lh610          | SEQ ID NO 5                                   |
| Lh610 (b)      | SEQ ID NO 139                                 |
| Lh611          | SEQ ID NO 7                                   |
| Lh611 (b)      | SEQ ID NO 140                                 |
| Lh617          | SEQ ID NO 9                                   |
| Lh618          | SEQ ID NO 11                                  |
| Lh618 (b)      | SEQ ID NO 141                                 |
| Lh429          | SEQ ID NO 13                                  |
| Lh423          | SEQ ID NO 95                                  |
| Lh105.2        | SEQ ID NO 96                                  |
| Lh560          | SEQ ID NO 15                                  |
| Lh615          | SEQ ID NO 17                                  |
| Lh612          | SEQ ID NO 19                                  |
| Lh246          | SEQ ID NO 21                                  |
| Lh597          | SEQ ID NO 23                                  |
| Lh598          | SEQ ID NO 25                                  |

|           |               |
|-----------|---------------|
| Lh619     | SEQ ID NO 121 |
| Lh619 (b) | SEQ ID NO 142 |
| Lh619 (c) | SEQ ID NO 143 |
| Lh620     | SEQ ID NO 122 |
| Lh620 (b) | SEQ ID NO 144 |
| Lh620 (c) | SEQ ID NO 145 |
| Lh621     | SEQ ID NO 123 |
| Lh622     | SEQ ID NO 124 |
| Lh623     | SEQ ID NO 125 |
| Lh623 (b) | SEQ ID NO 146 |
| Lh624     | SEQ ID NO 126 |
| Lh624 (b) | SEQ ID NO 147 |
| Lh625     | SEQ ID NO 127 |
| Lh625 (b) | SEQ ID NO 148 |
| Lh626     | SEQ ID NO 128 |
| Lh626 (b) | SEQ ID NO 149 |
| Lh614     | SEQ ID NO 129 |
| Lh627     | SEQ ID NO 150 |
| Lh628     | SEQ ID NO 152 |
| Lh629     | SEQ ID NO 154 |
| Lh630     | SEQ ID NO 156 |
| Lh631     | SEQ ID NO 158 |
| Lh632     | SEQ ID NO 160 |
| Lh633.1   | SEQ ID NO 162 |
| Lh633.2   | SEQ ID NO 163 |
| Lh634.1   | SEQ ID NO 165 |
| Lh634.2   | SEQ ID NO 167 |
| Lh595.1   | SEQ ID NO 168 |
| Lh595.2   | SEQ ID NO 170 |
| Lh596     | SEQ ID NO 172 |

**Tabla 3**

| <b>ID de la diana</b> | <b>Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 2</b> |
|-----------------------|--|
| Lh594                 | SEQ ID NO 79   |
| Lh609                 | SEQ ID NO 80   |
| Lh610                 | SEQ ID NO 81   |

|              |               |
|--------------|---------------|
| Lh610 (b)    | SEQ ID NO 326 |
| Lh611        | SEQ ID NO 82  |
| Lh611 (b)    | SEQ ID NO 327 |
| Lh617        | SEQ ID NO 83  |
| Lh618        | SEQ ID NO 84  |
| Lh618 (b)    | SEQ ID NO 328 |
| Lh429        | SEQ ID NO 85  |
| Lh429 (b)    | SEQ ID NO 329 |
| Lh423        | SEQ ID NO 99  |
| Lh105.2      | SEQ ID NO 100 |
| Lh560        | SEQ ID NO 86  |
| Lh615        | SEQ ID NO 87  |
| Lh612        | SEQ ID NO 88  |
| Lh246        | SEQ ID NO 89  |
| Lh597        | SEQ ID NO 90  |
| Lh598        | SEQ ID NO 91  |
| <b>Lh619</b> | SEQ ID NO 330 |
| <b>Lh620</b> | SEQ ID NO 331 |
| <b>Lh621</b> | SEQ ID NO 332 |
| <b>Lh622</b> | SEQ ID NO 333 |
| <b>Lh623</b> | SEQ ID NO 334 |
| <b>Lh624</b> | SEQ ID NO 335 |
| <b>Lh625</b> | SEQ ID NO 336 |
| <b>Lh626</b> | SEQ ID NO 337 |
| <b>Lh614</b> | SEQ ID NO 338 |
| <b>Lh627</b> | SEQ ID NO 339 |
| Lh628        | SEQ ID NO 340 |
| Lh629        | SEQ ID NO 341 |
| Lh630        | SEQ ID NO 342 |
| Lh631        | SEQ ID NO 343 |
| Lh632        | SEQ ID NO 344 |
| Lh633.1      | SEQ ID NO 345 |
| Lh633.2      | SEQ ID NO 346 |
| Lh634.1      | SEQ ID NO 347 |
| Lh634.2      | SEQ ID NO 348 |

Tabla 4

ES 2 660 018 T3

| <b>ID de la diana</b> | <b>Cebadores directos<br/>5' → 3'</b> | <b>Cebadores inversos<br/>5' → 3'</b> | <b>ARNbc: hebra codificante<br/>representada por la secuencia de<br/>ADN equivalente<br/>5' → 3'</b> |
|-----------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--|
| Lh594                 | SEQ ID NO 27<br>SEQ ID NO 29          | SEQ ID NO 28<br>SEQ ID NO 30          | SEQ ID NO 2  |
| Lh609                 | SEQ ID NO 31<br>SEQ ID NO 33          | SEQ ID NO 32<br>SEQ ID NO 34          | SEQ ID NO 4  |
| Lh610                 | SEQ ID NO 35<br>SEQ ID NO 37          | SEQ ID NO 36<br>SEQ ID NO 38          | SEQ ID NO 6  |
| Lh611                 | SEQ ID NO 39<br>SEQ ID NO 41          | SEQ ID NO 40<br>SEQ ID NO 42          | SEQ ID NO 8  |
| Lh617                 | SEQ ID NO 43<br>SEQ ID NO 45          | SEQ ID NO 44<br>SEQ ID NO 46          | SEQ ID NO 10   |
| Lh618                 | SEQ ID NO 47<br>SEQ ID NO 49          | SEQ ID NO 48<br>SEQ ID NO 50          | SEQ ID NO 12   |
| Lh429                 | SEQ ID NO 51<br>SEQ ID NO 53          | SEQ ID NO 52<br>SEQ ID NO 54          | SEQ ID NO 14   |
| Lh423                 | SEQ ID NO 105<br>SEQ ID NO 107        | SEQ ID NO 106<br>SEQ ID NO 108        | SEQ ID NO 101  |
| Lh105.2               | SEQ ID NO 109<br>SEQ ID NO 111        | SEQ ID NO 110<br>SEQ ID NO 112        | SEQ ID NO 102  |
| GFP                   | SEQ ID NO 113<br>SEQ ID NO 115        | SEQ ID NO 114<br>SEQ ID NO 116        | SEQ ID NO 103  |
| Pt                    | SEQ ID NO 117<br>SEQ ID NO 119        | SEQ ID NO 118<br>SEQ ID NO 120        | SEQ ID NO 104  |
| Lh560                 | SEQ ID NO 55<br>SEQ ID NO 57          | SEQ ID NO 56<br>SEQ ID NO 58          | SEQ ID NO 16   |
| Lh615                 | SEQ ID NO 59<br>SEQ ID NO 61          | SEQ ID NO 60<br>SEQ ID NO 62          | SEQ ID NO 18   |
| Lh612                 | SEQ ID NO 63<br>SEQ ID NO 65          | SEQ ID NO 64<br>SEQ ID NO 66          | SEQ ID NO 20   |
| Lh246                 | SEQ ID NO 67<br>SEQ ID NO 69          | SEQ ID NO 68<br>SEQ ID NO 70          | SEQ ID NO 22   |
| Lh597                 | SEQ ID NO 71<br>SEQ ID NO 73          | SEQ ID NO 72<br>SEQ ID NO 74          | SEQ ID NO 24   |

ES 2 660 018 T3

|         |                                |                                |               |
|---------|--------------------------------|--------------------------------|---------------|
| Lh598   | SEQ ID NO 75<br>SEQ ID NO 77   | SEQ ID NO 76<br>SEQ ID NO 78   | SEQ ID NO 26  |
| Lh619   | SEQ ID NO 206<br>SEQ ID NO 208 | SEQ ID NO 207<br>SEQ ID NO 209 | SEQ ID NO 130 |
| Lh620   | SEQ ID NO 210<br>SEQ ID NO 212 | SEQ ID NO 211<br>SEQ ID NO 213 | SEQ ID NO 131 |
| Lh621   | SEQ ID NO 214<br>SEQ ID NO 216 | SEQ ID NO 215<br>SEQ ID NO 217 | SEQ ID NO 132 |
| Lh622   | SEQ ID NO 218<br>SEQ ID NO 220 | SEQ ID NO 219<br>SEQ ID NO 221 | SEQ ID NO 133 |
| Lh623   | SEQ ID NO 222<br>SEQ ID NO 224 | SEQ ID NO 223<br>SEQ ID NO 225 | SEQ ID NO 134 |
| Lh624   | SEQ ID NO 226<br>SEQ ID NO 228 | SEQ ID NO 227<br>SEQ ID NO 229 | SEQ ID NO 135 |
| Lh625   | SEQ ID NO 230<br>SEQ ID NO 232 | SEQ ID NO 231<br>SEQ ID NO 233 | SEQ ID NO 136 |
| Lh626   | SEQ ID NO 234<br>SEQ ID NO 236 | SEQ ID NO 235<br>SEQ ID NO 237 | SEQ ID NO 137 |
| Lh614   | SEQ ID NO 238<br>SEQ ID NO 240 | SEQ ID NO 239<br>SEQ ID NO 241 | SEQ ID NO 138 |
| Lh627   | SEQ ID NO 242<br>SEQ ID NO 244 | SEQ ID NO 243<br>SEQ ID NO 245 | SEQ ID NO 151 |
| Lh628   | SEQ ID NO 246<br>SEQ ID NO 248 | SEQ ID NO 247<br>SEQ ID NO 249 | SEQ ID NO 153 |
| Lh629   | SEQ ID NO 250<br>SEQ ID NO 25  | SEQ ID NO 251<br>SEQ ID NO 253 | SEQ ID NO 155 |
| Lh630   | SEQ ID NO 254<br>SEQ ID NO 256 | SEQ ID NO 255<br>SEQ ID NO 257 | SEQ ID NO 157 |
| Lh631   | SEQ ID NO 258<br>SEQ ID NO 260 | SEQ ID NO 259<br>SEQ ID NO 261 | SEQ ID NO 159 |
| Lh632   | SEQ ID NO 262 SEQ<br>ID NO 264 | SEQ ID NO 263<br>SEQ ID NO 265 | SEQ ID NO 161 |
| Lh633.2 | SEQ ID NO 266 SEQ<br>ID NO 268 | SEQ ID NO 267<br>SEQ ID NO 269 | SEQ ID NO 164 |
| Lh634.1 | SEQ ID NO 270<br>SEQ ID NO 272 | SEQ ID NO 271<br>SEQ ID NO 273 | SEQ ID NO 166 |

|       |                                |                                |               |
|-------|--------------------------------|--------------------------------|---------------|
| Lh595 | SEQ ID NO 274<br>SEQ ID NO 276 | SEQ ID NO 275<br>SEQ ID NO 277 | SEQ ID NO 169 |
| Lh596 | SEQ ID NO 278<br>SEQ ID NO 280 | SEQ ID NO 279<br>SEQ ID NO 281 | SEQ ID NO 173 |

**Tabla 8**

| ID de la diana | Cebadores directos<br>5' → 3' | Cebadores inversos<br>5' → 3' | Amplicón de qRT-PCR<br>5' → 3' |
|----------------|-------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|
| Lh423          | SEQ ID NO 360                 | SEQ ID NO 361                 | SEQ ID 362                     |
| Lh425          | SEQ ID 363                    | SEQ ID 364                    | SEQ ID 365                     |
| Lh427          | SEQ ID 366                    | SEQ ID 367                    | SEQ ID 368                     |

**Tabla 9**

| ID de la diana | Secuencia de ADNc (hebra codificante)<br>5' → 3' |
|----------------|--|
| Ld594          | SEQ ID NO 174                                    |
| Ld619          | SEQ ID NO 176                                    |
| Ld620          | SEQ ID NO 178                                    |
| Ld583          | SEQ ID NO 386                                    |
| Ld584          | SEQ ID NO 387                                    |
| Ld586          | SEQ ID NO 388                                    |
| Ld588          | SEQ ID NO 389                                    |
| Ld513          | SEQ ID NO 394                                    |

**Tabla 10**

| ID de la diana | Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 9 |
|----------------|---|
| Ld594          | SEQ ID NO 349   |
| Ld619          | SEQ ID NO 350   |
| Ld620          | SEQ ID NO 351   |
| Ld583          | SEQ ID NO 390   |
| Ld584          | SEQ ID NO 391   |
| Ld586          | SEQ ID NO 392   |
| Ld588          | SEQ ID NO 393   |
| Ld513          | SEQ ID NO 395   |

**Tabla 11**

| ID de la diana | Cebadores directos<br>5' → 3' | Cebadores inversos<br>5' → 3' | ARNbc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente<br>5' → 3' |
|----------------|-------------------------------|-------------------------------|--|
|----------------|-------------------------------|-------------------------------|--|

ES 2 660 018 T3

|       |                                |                                |               |
|-------|--------------------------------|--------------------------------|---------------|
| Ld594 | SEQ ID NO 282<br>SEQ ID NO 284 | SEQ ID NO 283<br>SEQ ID NO 285 | SEQ ID NO 175 |
| Ld619 | SEQ ID NO 286<br>SEQ ID NO 288 | SEQ ID NO 287<br>SEQ ID NO 289 | SEQ ID NO 177 |
| Ld620 | SEQ ID NO 290<br>SEQ ID NO 292 | SEQ ID NO 291<br>SEQ ID NO 293 | SEQ ID NO 179 |
| Ld513 | SEQ ID NO 396<br>SEQ ID NO 398 | SEQ ID NO 397<br>SEQ ID NO 399 | SEQ ID NO 400 |

**Tabla 12**

| ID de la diana | Secuencia de ADNc (hebra codificante) 5' → 3' |
|----------------|---|
| NI594          | SEQ ID NO 180                                 |
| NI619          | SEQ ID NO 182                                 |
| NI626          | SEQ ID NO 184                                 |
| NI537          | SEQ ID NO 186                                 |

**Tabla 13**

| ID de la diana | Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 12 |
|----------------|--|
| NI594          | SEQ ID NO 352  |
| NI619          | SEQ ID NO 353  |
| NI626          | SEQ ID NO 354  |
| NI537          | SEQ ID NO 355  |

**Tabla 14**

| ID de la diana | Cebadores directos<br>5' → 3'  | Cebadores inversos<br>5' → 3'  | ARNbc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente<br>5' → 3' |
|----------------|--------------------------------|--------------------------------|--|
| NI594          | SEQ ID NO 294<br>SEQ ID NO 296 | SEQ ID NO 295<br>SEQ ID NO 297 | SEQ ID NO 181  |
| NI619          | SEQ ID NO 298<br>SEQ ID NO 300 | SEQ ID NO 299<br>SEQ ID NO 301 | SEQ ID NO 183  |
| NI626          | SEQ ID NO 302<br>SEQ ID NO 304 | SEQ ID NO 303<br>SEQ ID NO 305 | SEQ ID NO 185  |
| NI537          | SEQ ID NO 306<br>SEQ ID NO 308 | SEQ ID NO 307<br>SEQ ID NO 309 | SEQ ID NO 187  |

**Tabla 15**

| Diana | Secuencia de cebador directo | Secuencia de cebador inverso |
|-------|------------------------------|------------------------------|
| Ap594 | SEQ ID NO 369                | SEQ ID NO 370                |
| Ap423 | SEQ ID NO 371                | SEQ ID NO 372                |
| Ap537 | SEQ ID NO 373                | SEQ ID NO 374                |
| Ap560 | SEQ ID NO 375                | SEQ ID NO 376                |

**Tabla 16**

| ID de la diana | Secuencia de ADNc (hebra codificante) 5' → 3' |
|----------------|---|
| Ap594          | SEQ ID NO 188                                 |
| Ap423          | SEQ ID NO 200                                 |
| Ap537          | SEQ ID NO 202                                 |
| Ap560          | SEQ ID NO 204                                 |

**Tabla 17**

| ID de la diana | Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 16 |
|----------------|--|
| Ap594          | SEQ ID NO 356  |
| Ap423          | SEQ ID NO 357  |
| Ap537          | SEQ ID NO 358  |
| Ap560          | SEQ ID NO 359  |

**Tabla 18**

| ID de la diana | Cebadores directos<br>5' → 3'  | Cebadores inversos<br>5' → 3'  | ARNbc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente<br>5' → 3' |
|----------------|--------------------------------|--------------------------------|--|
| Ap594          | SEQ ID NO 310<br>SEQ ID NO 312 | SEQ ID NO 311<br>SEQ ID NO 313 | SEQ ID NO 189  |
| Ap423          | SEQ ID NO 314<br>SEQ ID NO 316 | SEQ ID NO 315<br>SEQ ID NO 317 | SEQ ID NO 201  |
| Ap537          | SEQ ID NO 318<br>SEQ ID NO 320 | SEQ ID NO 319<br>SEQ ID NO 321 | SEQ ID NO 203  |
| Ap560          | SEQ ID NO 322<br>SEQ ID NO 324 | SEQ ID NO 323<br>SEQ ID NO 325 | SEQ ID NO 205  |

5 **Tabla 19**

| Diana | Cebador directo | Cebador inverso |
|-------|-----------------|-----------------|
| Ld594 | SEQ ID NO 377   | SEQ ID NO 378   |

**Tabla 20**

| Diana | Cebador directo | Cebador inverso |
|-------|-----------------|-----------------|
| NI594 | seq id no 379   | seq id no 380   |
| NI619 | seq id no 381   | seq id no 382   |
| NI626 | seq id no 383   | seq id no 384   |

Tabla 21

| ID de la diana | Mejor coincidencia con <i>Drosophila</i> | NOMBRE                          | SÍMBOLO |
|----------------|--|---------------------------------|---------|
| Ld583          | CG4759                                   | Proteína ribosómica L27         | RpL27   |
| Ld584          | CG 17331                                 | Proteasoma, subunidad tipo beta |         |
| Ld586          | CG13704                                  | desconocido                     |         |
| Ld588          | CG4157                                   | Rpn12                           |         |

Tabla 22

| ID de la diana | Mejor coincidencia con <i>Drosophila</i>  | NOMBRE   | SÍMBOLO |
|----------------|---|--|---------|
| NI594          | CG7178  | wings up A (troponina I)                           | wupA    |
| NI619          | CG7107  | troponina T (sostenida)                            | up      |
| NI626          | *CG9073, CG7930, CG2981, CG12408, CG6514, CG2981, CG7930, CG9073, CG6514, CG12408 | troponina C  |         |
| NI537          | CG32744   | Ubiquitina-5E; proceso de modificación de proteína |         |

\*incierto: múltiples coincidencias en la familia

Tabla 23

| ID de la diana | Mejor coincidencia con <i>Drosophila</i> | NOMBRE   | SÍMBOLO |
|----------------|--|--|---------|
| Ap594          | CG7178                                   | wings up A (troponina I)                           | wupA    |
| Ap423          | CG2746                                   | proteína ribosómica L19                            | RpL19   |
| Ap537          | CG32744                                  | Ubiquitina-5E; proceso de modificación de proteína |         |
| Ap560          | CG10423                                  | proteína ribosómica S27                            | RpS27   |

- 5 Los expertos en la materia apreciarán que pueden hacerse numerosas variaciones y/o modificaciones a los ensayos mencionados anteriormente. Los expertos en la materia reconocerán, o serán capaces de averiguar, usando poco más que la experimentación rutinaria, muchos equivalentes a los ejemplos específicos. El presente ejemplo, por lo tanto, debe considerarse en todos los aspectos como ilustrativo y no restrictivo.

LISTA DE SECUENCIAS

<110> DEVGEM NV

<120> Plantas resistentes a plagos de insectos

<130> NLW/P122427W000

5 <160> 403

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 1096

<212> ADN

10 <213> Lygus hesperus

<400> 1

ES 2 660 018 T3

gcgatctaag gcaggtggca gacagctcga tgacggcagt gggccaagca ataatggata 60  
gtcattcata gcaccccagc ttactaagc tctgccgtag tgttggattg ggagcggata 120  
caattcacca cagaacagct atgacatgat acgcagtccg aataccctca taaaggacta 180  
gtctgcaggt ttaacgatcg cgtagcagtg tatcacgcag agtacatggg gagtgactgt 240  
gtgaacctgc tgggtacatc atcacccctc tccttcttca gttatataag acacagtccc 300  
taaaggacac cagcaaaaat ggcggatgat gaggcgaaga aggcacaaca ggccgaaatc 360  
gagaggaagc gcgctgaagt gcgcaagagg atggaggaag cctctaaggc gaagaaagcc 420  
aagaagggtt tcatgacccc ggaaaggaag aagaaactcc gactcctgct gaggaaaaaa 480  
gccgctgagg aactgaagaa ggagcaggaa cgcaaagcag ctgagaggag gcgaacgatt 540  
gaggagcgct gcgggcaaat tgccgacgtc gacaacgcca atgaagcaac cttgaagaaa 600  
ctctgcacag actaccataa gogaattgac gctctggaga ggagtaaaat tgacatcgaa 660  
ttcgaagtgg agagacgtga ccttgagatc gccgacctca acagccaggt caacgacctc 720  
cgtggtaaat tcgtcaaacc taccttgaaa aaggtttcca agtacgaaaa caaattcgcc 780  
aagctccaga agaaggctgc cgagttcaac ttcagaaacc aactcaaggt cgtcaaaaag 840  
aaagaattca ccctggaaga agaagacaaa gagccgaaga aatcggaaaa ggccggagtgg 900  
cagaagaaat gaagggaaaa caagcacacc atctcacaaa ataaaataaa cgaaaatctt 960  
tcacacgttt accaatttta taacacggtc ctcaaaatt atgttcctta aataatttgt 1020  
ataatccatc ctgcgactac aatcaatatt aatatttaaa tacaaaacca aaaaaaaaaa 1080  
aaaaaaaaaa aaaaaa 1096

<210> 2

<211> 491

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 2

ES 2 660 018 T3

caaacaggcc gaaatcgaga ggaagcgcgc tgaagtgcgc aagaggatgg aggaagcctc 60  
 taaggcgaag aaagccaaga agggtttcat gaccccgga aggaagaaga aactccgact 120  
 cctgctgagg aaaaaagccg ctgaggaact gaagaaggag caggaacgca aagcagctga 180  
 gaggaggcga acgattgagg agcgctgcgg gcaaattgcc gacgtcgaca acgccaatga 240  
 agcaaccttg aagaaactct gcacagacta ccataagcga attgacgctc tggagaggag 300  
 taaaattgac atcgaattcg aagtggagag acgtgacctt gagatcgccg acctcaacag 360  
 ccaggccaac gacctccgtg gtaaattcgt caaacctacc ttgaaaaggg tttccaagta 420  
 cgaaaacaaa ttcgccaagc tccagaagaa ggctgcccag ttcaacttca gaaaccaact 480  
 caaggtcgtc a 491

<210> 3

<211> 431

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 3

atgggcatca tgtcgaaagc tgaactcgct tgtgtttact ccgctctcat cctcatcgac 60  
 gacgatgtcg ccgtgacggg tgagaagatt caaacctacc tgaaggctgc cagtgtcgac 120  
 atcgagccgt actggcccgg tctgttcgcc aaggccctcg agggatcaa ccccaaagac 180  
 ctcatctcct ccattggaag cggagttggt gctggagcgc cggctgtcgg tggagctgca 240  
 cctgccgccg ctgctgcccc tgccgctgag gctaagaagg aagagaagaa gaaggtcgaa 300  
 agcgatccag aatccgatga tgacatgggc ttcggtcttt tcgactaaga gcattccaca 360  
 gcggttctct atttgttttt aagattttct tttaaaaaat aaaacttcca aaaaaaaaaa 420  
 aaaaaaaaaa g 431

<210> 4

<211> 332

10 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 4

ES 2 660 018 T3

gggcatcatg tggaaagctg aactcgcttg tgttactcc gctctcatcc tcatcgacga 60  
 cgatgtcgcc gtgacgggtg agaagattca aaccatcctg aaggctgcca gtgtcgacat 120  
 cgagccgtac tggcccggtc tgttcgcaa gccctcgag ggtatcaacc ccaaagacct 180  
 catctcctcc attggaagcg gagttggtgc tggagcgcg gctgtcggtg gagctgcacc 240  
 tgcccgcgct gctgccctg ccgctgagc taagaaggaa gagaagaaga aggtcgaaa 300  
 cgatccagaa tccgatgatg acatgggctt cg 332

<210> 5

<211> 468

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 5

atgggggcag gtcttctcca taaccataga ttatcttctg gtatcgtgtc gggctttcgg 60  
 ctgaggtcct aattagtaaa taatgattcc gcctacgtcg cggcctcagg tcaactgtcta 120  
 cagtgacaaa aatgaggcca cgggactct cctcaacctc ccggctgtct tcaacgcccc 180  
 cattcgcccc gatgttgtga acttcgttca ccaaaatgtc gctaaaaacc acaggcagcc 240  
 ctactgtgtc tccgctcaag ctggcatca gacttcagct gagtcctggg gtaccggtcg 300  
 tgctgtggct cgtatcccc gtgttcgagg aggtggact caccgctcag gtcagggtgc 360  
 ttttgccaac atgtgtcgcg gcggtaggat gttcgtccc actcgcccat ggcgtcgttg 420  
 gcaccgcaaa atcaacgtta accaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaa 468

<210> 6

<211> 429

10 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 6

ES 2 660 018 T3

gggcaggctct tctccataac catagattat cttcgtgtat cgtgtcgggc tttcggctga 60  
 ggtcctaatt agtaaataat gattccgcct acgtcgcggc ctcaggtcac tgtctacagt 120  
 gacaaaaatg aggccaccgg gactctcctc aacctcccgg ctgtcttcaa cgccccatt 180  
 cgccccgatg ttgtgaactt cgttcaccaa aatgtcgcta aaaaccacag gcagccctac 240  
 tgtgtctccg ctcaagctgg tcatcagact tcagctgagt cctggggtac cggtcgtgct 300  
 gtggctcgta tccccgtgt tcgcgagggt ggtactcacc gctcaggcca gggctgtttt 360  
 ggcaacatgt gtcgcggcgg taggatgttc gctcccactc gcccatggcg tcgttggcac 420  
 cgcaaaatc 429

<210> 7

<211> 523

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 7

atgggatctc tatgctgaaa aggtcgccac cagaggtttg tgtgctattg cacaagctga 60  
 atccctcogt tacaaactca ttggcggctc tgctgtccga ggggcttgct atggtgtcct 120  
 tcgcttcate atggaaaatg gtgccaaggg ttgcgaagtc gtagtatctg gaaaactcgg 180  
 tggtcagaga gccaaagtcaa tgaagttcgt ggatggtttg atgatccaca gtggggatcc 240  
 ctgtaacgaa tatgttgata ctgctaccog acatgtgctc cttagacaag gtgtcctggg 300  
 aataaagggtg aagattatgt tgccgtggga cgttaccggc aaaaatgggc cgaagaaccc 360  
 tcttcccgac cacgtcagcg ttctcttacc taaggaggag ctaccaaat tggccgttag 420  
  
 tgtgcctgga tccgacatca aaccaaagcc tgaagtacca gcaccgctt tgtgaatata 480  
 aacttctttt ttgtaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 523

10 <210> 8

<211> 431

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 8

ES 2 660 018 T3

attgcacaag ctgaatccct ccgttacaaa ctcatggcg gtcttgctgt ccgaggggct 60  
 tgctatgggtg tccttcgctt catcatggaa aatgggtgcca agggttgcga agtcgtagta 120  
 tctgaaaac tgcgtggca gagagccaag tcaatgaagt tgcgtgatgg tttgatgatc 180  
 cacagtgggg atccctgtaa cgaatatggt gatactgcta cccgacatgt gctccttaga 240  
 caaggtgtcc tgggaataaa ggtgaagatt atgttgccgt gggacgttac cggcaaaaat 300  
 gggccgaaga accctcttcc cgaccacgtc agcgttctct tacctaagga ggagctacca 360  
 aatttgccg ttagtggtcc tggatccgac atcaaaccaa agcctgaagt accagcacco 420  
 gctttgtgaa t 431

<210> 9

<211> 823

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 9

catggggaca ctctcttttt ctcatcgcg tggctcgcg ccggtgtggtt agggagtttc 60  
 ctactttaat ttttagtggt aattcatctt caaaatgacg tcgaaggttt ctctgagac 120  
 cctctacgag tgcataaatg gagtcatcca gtcctcccag gagaagaaga ggaacttcgt 180  
 ggagactgtg gagatccaga tcggctgtaa gaactacgat ccccagaag acaagcgttt 240  
 ctcggaact gtcaagctga agcacattcc aaggcctaaa atgcaggttt gcatcctcgg 300  
 agatcaacag cattgcgacg aggccaaaag caacaacgtg ccctacatgg acgtcgaggc 360  
 tctgaagaag ctcaacaaaa acaagaagct cgtcaagaaa ttggccaaga aatacgacgc 420  
 tttcctcgcg tcagaagccc tcatcaagca gatccccagg ctctcggac ccggtctcaa 480  
 caaggcgggc aagttccctg gtctcctctc tcaccaggag tccatgatga tgaagatoga 540  
 cgaagtcaag gccaccatca agttccaaat gaagaaggtg ttgtgcctct cagtggctgt 600  
 cggtcacgtc ggcatgactg ctgatgagct cgtccagaac gtgcacttgt cggccaactt 660  
 cctcgtttcg ctctcaaga agcactggca gaacgtcagg tctctccacg tcaaatccac 720  
 gatgggacct cccagaggc ttactaaac atcttgttt ttacttttga cgaataaaat 780  
 tcgttttatt ctcgaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 823

<210> 10

<211> 607

10 <212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 10

```

ccctctacga gtgcatcaat ggagtcaccc agtcctocca ggagaagaag aggaacttgc      60
tggagactgt ggagatccag atcggctctga agaactacga tccccagaag gacaagcgtt     120
tctcgggaac tgtcaagctg aagcacattc caaggcctaa aatgcaggtt tgcacacctg     180
gagatcaaca gcattgcgac gaggccaaag ccaacaacgt gccctacatg gacgtcgagg     240
ctctgaagaa gctcaacaaa aacaagaagc tcgtcaagaa attggccaag aaatacgacg     300
ctttcctcgc ctcagaagcc ctcatcaagc agatccccag gtcctcggga cccggtctca     360
acaaggcggg caagttccct ggtctcctct ctcaccagga gtccatgatg atgaagatcg     420
acgaagtcaa ggccaccatc aagttccaaa tgaagaaggt gttgtgcctc tcagtggctg     480
tcggtcacgt cggcatgact gctgatgagc tcgtccagaa cgtgcacttg tcggtcaact     540
tcctcgtttc gtcctcaag aagcactggc agaacgtcag gtctctccac gtcaaatcca     600
cgatggg                                           607
    
```

<210> 11

5 <211> 435

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 11

```

atgggaccaa taaagatcaa ctttcccaga gaaagacttg ctatgccag cataatcagg      60
tccgagaaat ccgcaaaaag atggttaaaa acatcagtga cagcatttcc agctgtgatt     120
tgaggagtgt tgtgaacaag ctgatcccag actccatcgc taaagatata gaaaagaatt     180
gccaaaggaat ctaccactc cacgatgtgt acattcggaa ggtgaaggtg ttgaagaagc     240
cgaggttcga gtcagcaag ctccttgagc ttcacgtcga tggcaaaggg atcgacgaac     300
ccggcgcgaa agtgacgagg actgacgctt acgagcctcc agttcaagag tctgtctaag     360
taaacatttt atataaagtt aacaaaaaat aaaggtgtct cgctgacta aaaaaaaaaa     420
aaaaaaaaaa aaaaa                                           435
    
```

10 <210> 12

<211> 353

<212> ADN

ES 2 660 018 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 12

ccaataaaga tcaactttcc cagagaaaga cttgctatgc ccagcataat caggtccgag 60  
 aaatccgcaa aaagatgggt aaaaacatca gtgacagcat ttccagctgt gatttgagga 120

gtgtttgtaa caagctgatc ccagactcca tcgctaaaga tatagaaaag aattgccaag 180  
 gaatctacc actccacgat gtgtacattc ggaaggtgaa ggtggtgaag aagccgaggt 240  
 tcgagctcag caagctcctt gagcttcacg tcgatggcaa agggatcgac gaacccggcg 300  
 5 cgaaagtgac gaggactgac gcttacgagc ctccagttca agagtctgtc taa 353

<210> 13

<211> 474

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 13

catgggtacg aatatcgacg gtaaaagaaa ggtgatgttc gccatgaccg ccatcaaagg 60  
 tgtcggcaga cggtagcca acattgtcct caagaaggcc gatgtcaact tggacaagag 120  
 ggccggcgaa tgctccgaag aagaagtga aaagatcggt accatcatgc aaaaccctag 180  
 gcaatacaaaa attcccaact ggttcctcaa cagacaaaaa gacaccgtcg agggcaata 240  
 ctctcagttg acttctccc tgctggattc caagctcctg gacgacctg agcgactcaa 300  
 gaagatcagg gccacagag gcatgaggca ctactggggt ttgaggggtc gtggtcaaca 360  
 cacgaagacc accggaagga gaggacgaac tgttggtgtg tccaagaaga agtaatttta 420  
 atttcctaat aatttggttt tttcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 474

<210> 14

<211> 332

<212> ADN

15 <213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 14

|  |     |
|--|-----|
| gaaagtgat gttcgccatg accgccatca aagtggtcgg cagacggtac gccaacattg   | 60  |
| tcctcaagaa ggccgatgtc aacttggaaca agagggccgg cgaatgctcc gaagaagaag | 120 |
| ttgaaaagat cgttaccatc atgcaaaacc ctaggcaata caaaattccc aactggttcc  | 180 |
| tcaacagaca aaaagacacc gtcgagggca aatactctca gttgacttcc tccctgctgg  | 240 |
| attccaagct ccgtgacgac cttgagcgac tcaagaagat cagggcccac agaggcatga  | 300 |
| ggcactactg gggtttgagg gtgcgtggtc aa                                | 332 |

<210> 15

<211> 440

5 <212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 15

|   |     |
|---|-----|
| gtgagttcct ctgttgatta gtttttcctt ccctgaaatt atttcggtga agttaatttg | 60  |
| gattaccctg aaagaatccg ctgctttttc tctcgetaaa aatcttttac acccgtcacc | 120 |
| acggccccct gtgggcaggc acaagctgaa gcacctgcc gtgcacceta actcgcaatt  | 180 |
| catggacgtc aactgccctg ggtgttataa aatcccaacg gtgttctccc ccgcccagaa | 240 |
| cgacttcggc tgctggacct gttccaccat cctctgcctg cccacagggg gccgtgccga | 300 |
| cctcaccaaa agatgctcgt ttaggagaaa tcaacattat tattcttggg gggaacactt | 360 |
| atTTTTTTtg taattaaatt tcaactaca aaataacttt tccgaaaaac actacaaaaa  | 420 |
| 10 aaattaaaaa caaaaaaaaaa   | 440 |

<210> 16

<211> 324

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

15 <400> 16

ES 2 660 018 T3

cttcctgaa attatctcgt tgaagttaat ttggattacc ctgaaagaat ccgctgcttt 60  
 ttctctcgct aaaaatcttt tacacccgtc accacggccc cctgtgggca ggcacaagct 120  
 gaagcacctg cccgtgcacc ctaactcgca ctatcatggac gtcaactgcc ctgggtgtta 180  
 taaaatccca acggtgttct cccccgcca gaacgacttc ggctgctgga cctgttccac 240  
 catcctctgc ctgcccacag ggggccgtgc cgacctcacc aaaagatgct cgtttaggag 300  
 aatcaacat tattattctt ggtg 324

<210> 17

<211> 357

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 17

atgggttcaa gagagttaa gccaaagagg ccaagaagga cgacgggtgag atatttgccg 60  
 ctaaaaagga agtctacaag ccctctgagc agaggaaagc agaccagaaa aacattgaca 120  
 aacagaccct gaaagccatc aagcgactca agggagacgc ttgcctcatg aggaaatacc 180  
 tttgcaccat gttcggattc aggagcagtc aatatcccca ccgtatgaag ttttaatatg 240  
 ttttcagcca ataaataagt gaaagtttct cttttttatt actacagact caaattttta 300  
 ttttctgaaa attattaaaa attcttaatg gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 357

<210> 18

<211> 223

10 <212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 18

gttcaagaga gttaaagcca agagggcca gaaggacgac ggtgagatat ttgccgctaa 60  
 aaaggaagtc tacaagccct ctgagcagag gaaagcagac cagaaaaaca ttgacaaaca 120  
 gaccctgaaa gccatcaagc gactcaaggg agacgcttgc ctcatgagga aatacctttg 180  
 caccatgttc ggattcagga gcagtcataa tccccaccgt atg 223

<210> 19

ES 2 660 018 T3

<211> 632

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 19

|               |            |            |            |            |            |     |
|---------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| atgggacctt    | ttttccgtgt | gtctggctta | ggcctcgcgt | gttcttgtat | ttttacggga | 60  |
| aatttagtga    | aaaagtgtaa | atttaacgcg | taaaaatggg | tcgtatgcac | gcacctggtg | 120 |
| agggtatttc    | ccagtcagct | ctcccctatc | gtcgtagcgt | cccaacatgg | ctgaagctca | 180 |
| ctcctgacga    | cgtaaggat  | cagattttca | aactcaccaa | gaaaggactg | actccatctc | 240 |
| agatcggtgt    | catcctcagg | gattctcacg | gtgtggctca | agtcagattc | gtcaccgggt | 300 |
| cgaagatcct    | caggatcatg | aaagccatcg | gcctcgcctc | tgacctccca | gaggacctct | 360 |
| acttcctcat    | caaaaaagcc | gttgctatca | ggaaacatct | tgaaagaaat | aggaaagaca | 420 |
| aagactctaa    | attcggactt | atccccgtcg | agtcaggat  | ccacagggtg | gcaagatact | 480 |
| acaaaaccaa    | gggcaccctt | ccaccacct  | ggaaatacga | gtccagcacc | gcctctgctc | 540 |
| tggtggcttg    | aatattcaac | tttttatttg | tctactgttt | aattaatata | atgtgattta | 600 |
| 5 gcaaaaaaaaa | aaaaaaaaaa | aaaaaaaaaa | aa         |            |            | 632 |

<210> 20

<211> 457

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 20

|            |            |            |            |            |            |     |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| gggtcgtatg | cacgcacctg | gtaagggtat | ttcccagtca | gctctcccct | atcgtcgtag | 60  |
| cgtcccaaca | tggtgaagc  | tcactcctga | cgacgtcaag | gatcagattt | tcaaactcac | 120 |
| caagaaagga | ctgactccat | ctcagatcgg | tgatcctctc | agggattctc | acggtgtggc | 180 |
| tcaagtcaga | ttcgtcaccg | ggtcgaagat | cctcaggatc | atgaaagcca | tcggcctcgc | 240 |
| tctgacctc  | ccagaggacc | tctacttctc | catcaaaaaa | gccgttgcta | tcaggaaaca | 300 |
| tcttgaaga  | aataggaaag | acaagactc  | taaattogga | cttatccccg | tcgagtccag | 360 |
| gatccacagg | ttggcaagat | actacaaaac | caagggcacc | cttccacca  | cctggaata  | 420 |
| cgagtccagc | accgcctctg | ctctggtggc | ttgaata    |            |            | 457 |

ES 2 660 018 T3

<210> 21

<211> 407

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

5 <400> 21

atgggaccgt ttgcctcaca atccagaaca gacagggtgc catatccgtc gtcccctctg 60  
cagcctccct cgtaatcaag gccctcaaag agccccgag ggacaggaag aagaacaaga 120

acatcaaaca cgacggtaac ctgagtatgg atgacattct cggaattgcc aaaaccatga 180  
ggccgaggtc gatgtccagg aaactggaag gaaccgtcaa ggaaatcctt gggacagctc 240  
agtctgtcgg atgcacgata gaaggccgag ctccccacga cgtcatcgac tccatcaaca 300  
acggcgaaat ggaaatccct gacgaataaa ctgttcatga gtttatggat tttatataaa 360  
aaataaaaag ttgaaaaatc caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 407

<210> 22

10 <211> 302

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 22

accgtttgcc tcacaatcca gaacagacag gctgccatat ccgtcgtccc ctctgcagcc 60  
tccctcgtaa tcaaggccct caaagagccc ccgagggaca ggaagaaga caagaacatc 120  
aaacacgacg gtaacctgag tatggatgac attctcggaa ttgccaaaac catgaggccg 180  
aggtcgatgt ccaggaaaact ggaaggaacc gtcaaggaaa tccttgggac agctcagtct 240  
gtcggatgca cgatcgaag ccgagctccc cacgacgtca tcgactccat caacaacggc 300  
ga 302

15 <210> 23

<211> 794

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 23

|  |     |
|--|-----|
| catggggagt caatttggat ctatcgccag atgaagatgt ctctgcccgt gttcgtggt   | 60  |
| ctgctggtag ttccagcttc ccaggctctg ggagatgatg catccaagtt ccaacacgag  | 120 |
| gaaatcatgg aagtcctcag ctccggtcaac aaaaccgtca acaaattgta cgacttgatg | 180 |
| tccacgcaga aggaaagaga tattgacttt atcgagaaga aaatggatga gacgtaccag  | 240 |
| caactcagga acaagagga ggcgcccgtt gagaaccctg aagccattga caagatccaa   | 300 |
| aacgcgttca aaagctttca agacggcgtc aaggacttcg tcaagtccgc ttcttcctcg  | 360 |
| gacctctaca agaaggttca ggaaatcggc gaggacctgt agaacaaagg caaagagctc  | 420 |
| ggagagaagc tgcaagaaac catcaataac gccagaacga aaaactcaga cgagaagaag  | 480 |
| gactaaactg aggatthtga ctctgcacaa acgcccgttg gtgtthtaac gtatttctta  | 540 |
| cgtttattat catcgggggtt catgaaatca aaaatacacc atcgatacc acctcgaaaa  | 600 |
| gaacataata tatgtgaaaa gacaagaaaa ggtgttcaat tgtgtcttta actggtggtt  | 660 |
| atcacgattc acatgaaata ctactaagaa aacccaaaaa ccgctcatgaa acccgaagta | 720 |
| tgcttctgta ttacctaat gtgctgataa ttcttaataa aatattatac tgagaaaaaa   | 780 |
| aaaaaaaaaa aaaa  | 794 |

5 <210> 24

<211> 278

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 24

|   |     |
|---|-----|
| ttctgctggt actttcagct tcccaggtct tgggagatga tgcattcaag ttccaacacg | 60  |
| aggaaatcat ggaagtcttc agctcgggtc acaaaaccgt caacaaattg tacgacttga | 120 |
| tgtccacgca gaaggaaaga gatattgact ttatcgagaa gaaaatggat gagacgtacc | 180 |
| agcaactcag gaacaagagg gaggcgccgg ctgagaacct tgaagccatt gacaagatcc | 240 |
| aaaacgcgtt caaaagcttt caagacggcg tcaaggac                         | 278 |

10

<210> 25

<211> 437

ES 2 660 018 T3

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 25

|   |     |
|---|-----|
| atgggatcca ataataacca ttaaggcaat tggacatcaa tgatactgaa catatgaata | 60  |
| ttcagatata aaaaatatcg aatagaatc atatataaaa ccaactaacg cattagaaaa  | 120 |
| taacgaattc cgattacttg aagtagacaa tcgaatcgta ttacctataa aatcaactat | 180 |
| ccgaattcta gttacatcat ctgatgtaat tcattcatga accatcccaa gtttggaat  | 240 |
| caaaattgat ggcacaccag gacgattaaa tcaagggaga ataaacataa accgaccagg | 300 |
| actaatatat gggcaatggt ctgaaatttg tggagcaaac cacagattta taccaatcgt | 360 |
| aattgaaaga gtttcaatta atcaatttat aaactgatta aattcaaaat aaaaaaaaaa | 420 |
| aaaaaaaaa aaaaaaa   | 437 |

5 <210> 26

<211> 327

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 26

|   |     |
|---|-----|
| aacgcagagt acatgggatc caataataac cattaaggca attggacatc aatgatactg | 60  |
| aacatatgaa tattcagata tcaaaaatat cgaaatagaa tcatatataa aaccaactaa | 120 |
| cgcattagaa aataacgaat tccgattact tgaagtagac aatcgaatcg tattacctat | 180 |
| aaaatcaact atccgaattc tagttacatc atctgatgta attcattcat gaaccatccc | 240 |
| aagtttggga atcaaaattg atggcacacc aggacgatta aatcaaggga gaataaacat | 300 |
| 10 aaaccgacca ggactaatat atgggca                                  | 327 |

<210> 27

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 27

gcgtaatacg actcactata ggcaaacagg ccgaaatcga ga 42

5 <210> 28

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 28

tgacgacctt gagttggttt ctg 23

<210> 29

<211> 20

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 29

20 caaacaggcc gaaatcgaga 20

<210> 30

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 30

gcgtaatagc actcactata ggtgacgacc ttgagttggt ttctg 45

<210> 31

10 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 31

gcgtaatagc actcactata gggggcatca tgtcgaaagc tg 42

<210> 32

<211> 20

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 32

cgaagcccat gtcacatcg 20

5 <210> 33

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 33

gggcatcatg tcgaaagctg 20

<210> 34

<211> 42

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 34

20 gcgtaatacg actcactata ggccaagccc atgtcatcat cg 42

<210> 35

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 35

gcgtaatacg actcactata gggggcaggt cttctccata acca 44

<210> 36

10 <211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 36

gattttgcgg tgccaacgac 20

<210> 37

<211> 22

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 37

gggcaggtct tctccataac ca 22

5 <210> 38

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 38

gcgtaatacg actcactata gggattttgc ggtgccaacg ac 42

<210> 39

<211> 44

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 39

20 gcgtaatacg actcactata ggattgcaca agctgaatcc ctcc 44

<210> 40

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 40

attcacaag cgggtgctgg 20

<210> 41

10 <211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 41

attgcacaag ctgaatccct cc 22

<210> 42

<211> 42

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 42

gcgtaatacg actcactata ggattcacia agcgggtgct gg 42

5 <210> 43

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 43

gcgtaatacg actcactata ggccctctac gaggatca atgg 44

<210> 44

<211> 20

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 44

20 cccatcgtgg attgacgtg 20

<210> 45

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 45

ccctctacga gtgcatcaat gg 22

<210> 46

10 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 46

gcgtaatag actcactata ggcccatcgt ggatttgacg tg 42

<210> 47

<211> 47

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 47

gcgtaatacg actcactata ggccaataaa gatcaacttt cccagag 47

5 <210> 48

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 48

ttagacagac tcttgaactg gaggc 25

<210> 49

<211> 25

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 49

20 ccaataaaga tcaactttcc cagag 25

<210> 50

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 50

gcgtaatagc actcactata ggtagacag actcttgaac tggaggc 47

<210> 51

10 <211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 51

gcgtaatagc actcactata gggaaaggtg atgttcgcca tgac 44

<210> 52

<211> 20

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 52

ttgaccacgc accctcaaac 20

5 <210> 53

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 53

gaaagtgat gttcgccatg ac 22

<210> 54

<211> 42

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 54

20 gcgtaatagc actcactata ggttgaccac gcaccctcaa ac 42

<210> 55

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 55

gcgtaatacg actcactata ggcttcctg aaattatttc gttgaag 47

<210> 56

10 <211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 56

caccaagaat aataatgttg atttctcc 28

<210> 57

<211> 25

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 57

cttcctgaa attatttcgt tgaag 25

5 <210> 58

<211> 50

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 58

gcgtaatag actcactata ggcaccaaga ataataatgt tgatttctcc 50

<210> 59

<211> 47

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 59

20 gcgtaatag actcactata gggttcaaga gagttaaagc caagagg 47

<210> 60

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 60

catacggtgg ggatattgac tg 22

<210> 61

10 <211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 61

gttcaagaga gttaaagcca agagg 25

<210> 62

<211> 44

<212> ADN

20 <213> Artificial

ES 2 660 018 T3

<220>

<223> Primer

<400> 62

gcgtaatac g actcactata ggcatacggg ggggatattg actg 44

5 <210> 63

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 63

gcgtaatac g actcactata gggggtcgta tgcacgcacc tg 42

<210> 64

<211> 23

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 64

20 tattcaagcc accagagcag agg 23

<210> 65

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 65

gggtcgtatg cacgcacctg 20

<210> 66

10 <211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 66

gcgtaatagc actcactata ggtattcaag ccaccagagc agagg 45

<210> 67

<211> 42

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 67

gcgtaatacg actcactata ggaccgtttg cctcacaatc ca 42

5 <210> 68

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 68

tcgccgtttgt tgatggagtc 20

<210> 69

<211> 20

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 69

20 accgtttgcc tcacaatcca 20

<210> 70

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 70

gcgtaatagc actcactata ggtcgccggtt gttgatggag tc 42

<210> 71

10 <211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 71

gcgtaatagc actcactata ggggtatcaa cgcagagtac atggg 45

<210> 72

<211> 20

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 72

gtccttgacg ccgtcttgaa 20

5 <210> 73

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 73

ggtatcaacg cagagtacat ggg 23

<210> 74

<211> 42

15 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 74

20 gcgtaatag actcactata gggtccttga cgccgtcttg aa 42

<210> 75

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

5 <220>

<223> Primer

<400> 75

gcgtaatacg actcactata ggtgcccata tattagtcct ggtc 44

<210> 76

10 <211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

15 <400> 76

aacgcagagt acatgggatc 20

<210> 77

<211> 22

<212> ADN

20 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 77

tgcccatata ttagtcctgg tc 22

5 <210> 78

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Primer

<400> 78

gcgtaatacg actcactata ggaacgcaga gtacatggga tc 42

<210> 79

<211> 197

15 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 79

Met Ala Asp Asp Glu Ala Lys Lys Ala Lys Gln Ala Glu Ile Glu Arg



ES 2 660 018 T3

Met Gly Ile Met Ser Lys Ala Glu Leu Ala Cys Val Tyr Ser Ala Leu  
 1 5 10 15

Ile Leu Ile Asp Asp Asp Val Ala Val Thr Gly Glu Lys Ile Gln Thr

20

25

30

Ile Leu Lys Ala Ala Ser Val Asp Ile Glu Pro Tyr Trp Pro Gly Leu  
 35 40 45

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

Ile Gly Ser Gly Val Gly Ala Gly Ala Pro Ala Val Gly Gly Ala Ala  
 65 70 75 80

Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ala Glu Ala Lys Lys Glu Glu Lys  
 85 90 95

Lys Lys Val Glu Ser Asp Pro Glu Ser Asp Asp Asp Met Gly Phe Gly  
 100 105 110

Leu Phe Asp  
 115

<210> 81

5 <211> 121

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 81

ES 2 660 018 T3

Met Ile Pro Pro Thr Ser Arg Pro Gln Val Thr Val Tyr Ser Asp Lys  
 1 5 10 15

Asn Glu Ala Thr Gly Thr Leu Leu Asn Leu Pro Ala Val Phe Asn Ala  
 20 25 30

Pro Ile Arg Pro Asp Val Val Asn Phe Val His Gln Asn Val Ala Lys  
 35 40 45

Asn His Arg Gln Pro Tyr Cys Val Ser Ala Gln Ala Gly His Gln Thr  
 50 55 60

Ser Ala Glu Ser Trp Gly Thr Gly Arg Ala Val Ala Arg Ile Pro Arg  
 65 70 75 80

Val Arg Gly Gly Gly Thr His Arg Ser Gly Gln Gly Ala Phe Gly Asn  
 85 90 95

Met Cys Arg Gly Gly Arg Met Phe Ala Pro Thr Arg Pro Trp Arg Arg  
 100 105 110

Trp His Arg Lys Ile Asn Val Asn Gln

115

120

<210> 82

5 <211> 133

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 82

ES 2 660 018 T3

Trp Asp Leu Tyr Ala Glu Lys Val Ala Thr Arg Gly Leu Cys Ala Ile  
 1 5 10 15

Ala Gln Ala Glu Ser Leu Arg Tyr Lys Leu Ile Gly Gly Leu Ala Val  
 20 25 30

Arg Gly Ala Cys Tyr Gly Val Leu Arg Phe Ile Met Glu Asn Gly Ala  
 35 40 45

Lys Gly Cys Glu Val Val Val Ser Gly Lys Leu Arg Gly Gln Arg Ala  
 50 55 60

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

Cys Asn Glu Tyr Val Asp Thr Ala Thr Arg His Val Leu Leu Arg Gln  
 85 90 95

Gly Val Leu Gly Ile Lys Val Lys Ile Met Leu Pro Trp Asp Val Thr  
 100 105 110

Gly Lys Asn Gly Pro Lys Asn Pro Leu Pro Asp His Val Ser Val Leu  
 115 120 125

Leu Pro Lys Glu Glu  
 130

<210> 83

<211> 217

<212> PRT

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 83

Met Thr Ser Lys Val Ser Arg Glu Thr Leu Tyr Glu Cys Ile Asn Gly  
 1 5 10 15

Val Ile Gln Ser Ser Gln Glu Lys Lys Arg Asn Phe Val Glu Thr Val  
 20 25 30

Glu Ile Gln Ile Gly Leu Lys Asn Tyr Asp Pro Gln Lys Asp Lys Arg  
 35 40 45

ES 2 660 018 T3

Phe Ser Gly Thr Val Lys Leu Lys His Ile Pro Arg Pro Lys Met Gln  
50 55 60

Val Cys Ile Leu Gly Asp Gln Gln His Cys Asp Glu Ala Lys Ala Asn  
65 70 75 80

Asn Val Pro Tyr Met Asp Val Glu Ala Leu Lys Lys Leu Asn Lys Asn  
85 90 95

Lys Lys Leu Val Lys Lys Leu Ala Lys Lys Tyr Asp Ala Phe Leu Ala  
100 105 110

Ser Glu Ala Leu Ile Lys Gln Ile Pro Arg Leu Leu Gly Pro Gly Leu  
115 120 125

Asn Lys Ala Gly Lys Phe Pro Gly Leu Leu Ser His Gln Glu Ser Met  
130 135 140

Met Met Lys Ile Asp Glu Val Lys Ala Thr Ile Lys Phe Gln Met Lys  
145 150 155 160

Lys Val Leu Cys Leu Ser Val Ala Val Gly His Val Gly Met Thr Ala  
165 170 175

Asp Glu Leu Val Gln Asn Val His Leu Ser Val Asn Phe Leu Val Ser  
180 185 190

Leu Leu Lys Lys His Trp Gln Asn Val Arg Ser Leu His Val Lys Ser  
195 200 205

Thr Met Gly Pro Pro Gln Arg Leu Tyr  
210 215

<210> 84

<211> 118

<212> PRT

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 84

Gly Thr Asn Lys Asp Gln Leu Ser Gln Arg Lys Thr Cys Tyr Ala Gln  
1 5 10 15

His Asn Gln Val Arg Glu Ile Arg Lys Lys Met Val Lys Asn Ile Ser  
20 25 30

Asp Ser Ile Ser Ser Cys Asp Leu Arg Ser Val Val Asn Lys Leu Ile  
35 40 45

ES 2 660 018 T3

Pro Asp Ser Ile Ala Lys Asp Ile Glu Lys Asn Cys Gln Gly Ile Tyr  
50 55 60

Pro Leu His Asp Val Tyr Ile Arg Lys Val Lys Val Leu Lys Lys Pro  
65 70 75 80

Arg Phe Glu Leu Ser Lys Leu Leu Glu Leu His Val Asp Gly Lys Gly  
85 90 95

Ile Asp Glu Pro Gly Ala Lys Val Thr Arg Thr Asp Ala Tyr Glu Pro  
100 105 110

Pro Val Gln Glu Ser Val  
115

<210> 85

<211> 128

5 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 85

Lys Val Met Phe Ala Met Thr Ala Ile Lys Gly Val Gly Arg Arg Tyr  
1 5 10 15

Ala Asn Ile Val Leu Lys Lys Ala Asp Val Asn Leu Asp Lys Arg Ala  
20 25 30

Gly Glu Cys Ser Glu Glu Glu Val Glu Lys Ile Val Thr Ile Met Gln  
35 40 45

Asn Pro Arg Gln Tyr Lys Ile Pro Asn Trp Phe Leu Asn Arg Gln Lys  
50 55 60

Asp Thr Val Glu Gly Lys Tyr Ser Gln Leu Thr Ser Ser Leu Leu Asp  
65 70 75 80

Ser Lys Leu Arg Asp Asp Leu Glu Arg Leu Lys Lys Ile Arg Ala His  
85 90 95

Arg Gly Met Arg His Tyr Trp Gly Leu Arg Val Arg Gly Gln His Thr  
100 105 110

Lys Thr Thr Gly Arg Arg Gly Arg Thr Val Gly Val Ser Lys Lys Lys  
115 120 125

ES 2 660 018 T3

<210> 86

<211> 122

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

5 <400> 86

Val Leu Leu Leu Ile Ser Phe Ser Phe Pro Glu Ile Ile Ser Leu Lys  
1 5 10 15

Leu Ile Trp Ile Thr Leu Lys Glu Ser Ala Ala Phe Ser Leu Ala Lys  
20 25 30

Asn Leu Leu His Pro Ser Pro Arg Pro Pro Val Gly Arg His Lys Leu  
35 40 45

Lys His Leu Pro Val His Pro Asn Ser His Phe Met Asp Val Asn Cys  
50 55 60

Pro Gly Cys Tyr Lys Ile Pro Thr Val Phe Ser Pro Ala Gln Asn Asp  
65 70 75 80

Phe Gly Cys Trp Thr Cys Ser Thr Ile Leu Cys Leu Pro Thr Gly Gly  
85 90 95

Arg Ala Asp Leu Thr Lys Arg Cys Ser Phe Arg Arg Asn Gln His Tyr  
100 105 110

Tyr Ser Trp Trp Glu His Leu Phe Phe Leu  
115 120

<210> 87

<211> 77

<212> PRT

10 <213> Lygus hesperus

<400> 87

ES 2 660 018 T3

Gly Phe Lys Arg Val Lys Ala Lys Arg Ala Lys Lys Asp Asp Gly Glu  
1 5 10 15

Ile Phe Ala Ala Lys Lys Glu Val Tyr Lys Pro Ser Glu Gln Arg Lys  
20 25 30

Ala Asp Gln Lys Asn Ile Asp Lys Gln Thr Leu Lys Ala Ile Lys Arg  
35 40 45

Leu Lys Gly Asp Ala Cys Leu Met Arg Lys Tyr Leu Cys Thr Met Phe  
50 55 60

Gly Phe Arg Ser Ser Gln Tyr Pro His Arg Met Lys Phe  
65 70 75

<210> 88

<211> 151

<212> PRT

5 <213> Lygus hesperus

<400> 88

ES 2 660 018 T3

Met Gly Arg Met His Ala Pro Gly Lys Gly Ile Ser Gln Ser Ala Leu  
 1 5 10 15

Pro Tyr Arg Arg Ser Val Pro Thr Trp Leu Lys Leu Thr Pro Asp Asp  
 20 25 30

Val Lys Asp Gln Ile Phe Lys Leu Thr Lys Lys Gly Leu Thr Pro Ser  
 35 40 45

Gln Ile Gly Val Ile Leu Arg Asp Ser His Gly Val Ala Gln Val Arg  
 50 55 60

Phe Val Thr Gly Ser Lys Ile Leu Arg Ile Met Lys Ala Ile Gly Leu  
 65 70 75 80

Ala Pro Asp Leu Pro Glu Asp Leu Tyr Phe Leu Ile Lys Lys Ala Val  
 85 90 95

Ala Ile Arg Lys His Leu Glu Arg Asn Arg Lys Asp Lys Asp Ser Lys  
 100 105 110

Phe Gly Leu Ile Pro Val Glu Ser Arg Ile His Arg Leu Ala Arg Tyr  
 115 120 125

Tyr Lys Thr Lys Gly Thr Leu Pro Pro Thr Trp Lys Tyr Glu Ser Ser  
 130 135 140

Thr Ala Ser Ala Leu Val Ala  
 145 150

<210> 89

<211> 108

<212> PRT

5 <213> Lygus hesperus

<400> 89

Gly Thr Val Cys Leu Thr Ile Gln Asn Arg Gln Ala Ala Ile Ser Val  
 1 5 10 15

Val Pro Ser Ala Ala Ser Leu Val Ile Lys Ala Leu Lys Glu Pro Pro  
 20 25 30

ES 2 660 018 T3

Arg Asp Arg Lys Lys Asn Lys Asn Ile Lys His Asp Gly Asn Leu Ser  
 35 40 45

Met Asp Asp Ile Leu Gly Ile Ala Lys Thr Met Arg Pro Arg Ser Met  
 50 55 60

Ser Arg Lys Leu Glu Gly Thr Val Lys Glu Ile Leu Gly Thr Ala Gln  
 65 70 75 80

Ser Val Gly Cys Thr Ile Glu Gly Arg Ala Pro His Asp Val Ile Asp  
 85 90 95

Ser Ile Asn Asn Gly Glu Met Glu Ile Pro Asp Glu  
 100 105

<210> 90

<211> 133

<212> PRT

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 90

His Gly Glu Ser Ile Trp Ile Tyr Arg Gln Met Lys Met Ser Pro Ala  
 1 5 10 15

Val Phe Ala Val Leu Leu Val Leu Ser Ala Ser Gln Val Leu Gly Asp  
 20 25 30

Asp Ala Ser Lys Phe Gln His Glu Glu Ile Met Glu Val Leu Ser Ser  
 35 40 45

Val Asn Lys Thr Val Asn Lys Leu Tyr Asp Leu Met Ser Thr Gln Lys  
 50 55 60

Glu Arg Asp Ile Asp Phe Ile Glu Lys Lys Met Asp Glu Thr Tyr Gln  
 65 70 75 80

Gln Leu Arg Asn Lys Arg Glu Ala Pro Ala Glu Asn Pro Glu Ala Ile  
 85 90 95

Asp Lys Ile Gln Asn Ala Phe Lys Ser Phe Gln Asp Gly Val Lys Asp  
 100 105 110

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

Ile Gly Glu Asp Leu  
 130

ES 2 660 018 T3

<210> 91

<211> 118

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

5 <400> 91

Thr Tyr Glu Tyr Ser Asp Ile Lys Asn Ile Glu Ile Glu Ser Tyr Ile  
1 5 10 15

Lys Pro Thr Asn Ala Leu Glu Asn Asn Glu Phe Arg Leu Leu Glu Val  
20 25 30

Asp Asn Arg Ile Val Leu Pro Ile Lys Ser Thr Ile Arg Ile Leu Val  
35 40 45

Thr Ser Ser Asp Val Ile His Ser Thr Ile Pro Ser Leu Gly Ile Lys  
50 55 60

Ile Asp Gly Thr Pro Gly Arg Leu Asn Gln Gly Arg Ile Asn Ile Asn  
65 70 75 80

Arg Pro Gly Leu Ile Tyr Gly Gln Cys Ser Glu Ile Cys Gly Ala Asn  
85 90 95

His Arg Phe Ile Pro Ile Val Ile Glu Arg Val Ser Ile Asn Gln Phe  
100 105 110

Ile Asn Leu Asn Ser Lys  
115

<210> 92

<211> 20

<212> ADN

10 <213> Artificial

<220>

<223> Adaptor

<400> 92

aagcagtggg atcaacgcag 20

<210> 93

<211> 20

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 93

aagcagtggg atcaacgcag 20

10 <210> 94

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 94

gcgtaatagc actcactata ggaagcagtg gtatcaacgc ag 42

<210> 95

<211> 717

20 <212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 95

```

aaagtgtggt tctcttcgtc cgacccatgag ttcgctcaaa ctgcagaaga ggctcgcgcg      60
ctcggatgatg agatgctgca agaagaaagt gtggttgac cctaatgaaa tcaacgaaat      120
cgccaacacc aactctagc aaaacatccg taagctgatc aaggatggtt tgatcatcaa      180
aaagcctgtg gctgtccact ccagagcccg cgtccgtaaa aacacagaag ccagacggaa      240
gggtcgtcat tgtggcttcg gtaagaggaa ggtaccgcc aacgccagaa tgctgtgaa      300
ggtcctgtgg gtcaacagaa tgagagtccg gcgacggctc cttaaaaaat acagagaagc      360
caagaagatc gataggcaaa tgtaccacga cctttacatg aaagccaaag gtaacgtctt      420
caaaaacaag agggactga tggacttcat tcacaagaag aaggctgaaa aggcgagatc      480
aaagatgttg aaggaccagg cagagcgag acgtttcaag gtcaaggagg cgaagaagag      540
gcgcgaggag aggatcgcca ccaagaagca agagatcatg caggcgtacg cccgagaaga      600
cgaggctgcc gtcaaaaagt gatctcgccc cctccgttt taaatttta acaaaaaacg      660
tattttgtac aaaaatttac aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaa      717

```

<210> 96

5 <211> 2304

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 96

```

atgacgacct acgaggagtt cattcaacag agcgaggagc gcgacggtat caggttcact      60
tggaacgtct gccatcaag togcatcgaa gccaccaggt tggctgtacc cgtaggatgt      120
ctctatcaac cactaaaaga acgcacggat cttccagcta ttcaatacga tcccgttcta      180
tgcactagga atacctgtag agccatactc aaccgatgt gccaaagtaa ctatagggca      240
aagttgtggg tgtgtaactt ctgtttccag aggaatccgt tcccaccaca atacgccgca      300
atttccgagc agcatcagcc tgctgagttg attccatcat tctcaactat agagtatact      360
atatctagag ctcaattttt gcctcctata ttcctattgg tgggtgatac gtgtttggat      420

```

ES 2 660 018 T3

gatgacgagc taggagctct gaaagattcg ttacaaacgt ctctatcttt gctaccaacc 480  
aactccctag ttggtctgat cacgtttggt aaaatggtcc aagttcacga acttgggtgt 540  
gaaggttggt cccggagcta cgtgttcaga ggcaccaagg atttgacgtc caagcaagta 600  
caggacatgc ttgggatcgg aaaggtttcc gcttctctc agcaacagca gcaaagggca 660  
atgggctggtc agcagccatt cccaccaat cggttcattc agccgattca aagttgtgac 720  
atgagcctca ccgacttggt gggcgaaatg cagcgtgatc catggccagt gggtcagggt 780  
aagcgacctc ttagatcaac ggggtctgct cttagctattg ccattgggtt gttggagtgc 840  
tcctacccca acacgggagc aaaagtcattg ttgttccttg gtggcccttg ttcccaaggg 900  
cctggtcaag ttgtcaatga tgacctgagg gaacctatcc gctctcatca tgacatccag 960  
aaagataatg cccgctacat gaaaaagcc attaaacatt acgattcttt ggcattgaga 1020  
gcagccacta atgggcattc agtagacatt tattcctgtg ctttagatca gacaggtttg 1080  
gcggaatga agcaatggtg caattctact gggggtcata tggatgatggg tgacacctc 1140  
aactccactt tgttcaaaca gacgttccag aggggtctct cccgtgatca aaaaggcgaa 1200  
ttcaaaatgg ctttcaatgg cgtagttaa gtcaaacct cccgagagct aaaagttatg 1260  
ggagccattg ggccttgcgt ttcattgaat acgaaaggtc cgtgtgtag tgaactgac 1320  
atagggcttg gaggaacttg ccagtgaag ttctgcacat ttaacaaaa taccactgct 1380  
gccatgttct ttgagtagt aaaccaacac gctgctcta tcctcaagg tggaagagga 1440  
tgtatacagt tcataactca ataccagcat gcgtcgggcc aaaggcgcac ccgagtaacc 1500  
actgtagcca ggaattgggc tgatgcgact accaacatgc accatgtag tgcaggattt 1560  
gatcaggaag ctggagcggc actcatggcc aggatggtcg ttcacagagc tgaactgat 1620  
gatggacctg atgtcatgag atgggctgat cgcatttga ttcgtctttg ccagaaattc 1680  
ggcgagtaca acaaggatga tccaaatagt ttccgcctcc cagaaaactt ctgcctttac 1740  
ccacagtcca tgtatcactt gagaaggctc caattcttgc aggtattcaa caacagccca 1800  
gacgaaactg cgtactatcg tcacatcttg atgcgggaag atttgtcgca gagcttgatc 1860  
atgattcagc cgatcctgta cagttacagt ttcaacggtc cagaaccagt ccttttgac 1920  
acttccagca ttcaacctga tggatcctg ctgatggaca ccttcttcca aatcctcatc 1980  
ttccacggcg agaccatgc ccagtggcgt gcccaaagg accaggacct acctgaatat 2040  
gagaacttca agcagctcct acaggtcct gtagacgatg ctaaggaaat cctgcacact 2100  
cggttcccca tgccgaggta cattgacacc gaacagggcg gatcacaagc tagattcctt 2160  
ctctccaaag tcaaccatc ccaaactcac aacaacatgt acggctatgg aggggaattt 2220  
ggagccctg tgetcactga tgatgttcc ctccaagtct tcatggaaca ccttaaaaag 2280  
ctagccggtt catttactgc cttag 2304

<210> 97

<211> 311

<212> ADN

ES 2 660 018 T3

<213> Artificial

<220>

<223> GUS

<400> 97

|            |            |            |            |            |            |     |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| ccagcgtatc | gtgctgcggt | togatgcggt | cactcattac | ggcaaagtgt | gatggagcat | 60  |
| cagggcggct | atacgccatt | tgaagccgat | gtcacgccgt | atgttattgc | cgggaaaagt | 120 |
| gtacgtatct | gaaatcaaaa | aactcgacgg | cctgtgggca | ttcagtctgg | atcgcgaaaa | 180 |
| ctgtggaatt | gatccagcgc | cgtcgtcggt | gaacaggtat | ggaatttcgc | cgattttgcg | 240 |
| acctcgcaag | gcatattcgg | gtgaaggtta | tctctatgaa | ctgtgcgtca | cagccaaaag | 300 |

|   |            |   |  |  |  |     |
|---|------------|---|--|--|--|-----|
| 5 | ccagacagag | t |  |  |  | 311 |
|---|------------|---|--|--|--|-----|

<210> 98

<211> 170

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Intron

<400> 98

|            |            |            |            |            |            |     |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| ctcgcgcctg | agagaaaagc | atgaagtata | cccataacta | accattagt  | tatgcattta | 60  |
| tgttatatct | atcatgctt  | ctactttaga | taatcaatca | ccaacaatg  | agaatctcaa | 120 |
| cggtcgcaat | aatgttcag  | aaaatgtagt | gtgtacactt | accttctaga |            | 170 |

<210> 99

15 <211> 198

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 99

Met Ser Ser Leu Lys Leu Gln Lys Arg Leu Ala Ala Ser Val Met Arg  
1 5 10 15

Cys Gly Lys Lys Lys Val Trp Leu Asp Pro Asn Glu Ile Asn Glu Ile  
20 25 30

Ala Asn Thr Asn Ser Arg Gln Asn Ile Arg Lys Leu Ile Lys Asp Gly  
35 40 45

Leu Ile Ile Lys Lys Pro Val Ala Val His Ser Arg Ala Arg Val Arg  
50 55 60

Lys Asn Thr Glu Ala Arg Arg Lys Gly Arg His Cys Gly Phe Gly Lys  
65 70 75 80

Arg Lys Gly Thr Ala Asn Ala Arg Met Pro Val Lys Val Leu Trp Val  
85 90 95

Asn Arg Met Arg Val Leu Arg Arg Leu Leu Lys Lys Tyr Arg Glu Ala  
100 105 110

Lys Lys Ile Asp Arg Gln Met Tyr His Asp Leu Tyr Met Lys Ala Lys  
115 120 125

Gly Asn Val Phe Lys Asn Lys Arg Val Leu Met Asp Phe Ile His Lys  
130 135 140

Lys Lys Ala Glu Lys Ala Arg Ser Lys Met Leu Lys Asp Gln Ala Glu  
145 150 155 160

Ala Arg Arg Phe Lys Val Lys Glu Ala Lys Lys Arg Arg Glu Glu Arg  
165 170 175

Ile Ala Thr Lys Lys Gln Glu Ile Met Gln Ala Tyr Ala Arg Glu Asp  
180 185 190

Glu Ala Ala Val Lys Lys  
195

5 <210> 100

<211> 767

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 100

Met Thr Thr Tyr Glu Glu Phe Ile Gln Gln Ser Glu Glu Arg Asp Gly  
1 5 10 15

Ile Arg Phe Thr Trp Asn Val Trp Pro Ser Ser Arg Ile Glu Ala Thr  
20 25 30

Arg Leu Val Val Pro Val Gly Cys Leu Tyr Gln Pro Leu Lys Glu Arg  
35 40 45

Thr Asp Leu Pro Ala Ile Gln Tyr Asp Pro Val Leu Cys Thr Arg Asn  
50 55 60

Thr Cys Arg Ala Ile Leu Asn Pro Met Cys Gln Val Asn Tyr Arg Ala  
65 70 75 80

ES 2 660 018 T3

Lys Leu Trp Val Cys Asn Phe Cys Phe Gln Arg Asn Pro Phe Pro Pro  
 85 90 95  
 Gln Tyr Ala Ala Ile Ser Glu Gln His Gln Pro Ala Glu Leu Ile Pro  
 100 105 110  
 Ser Phe Ser Thr Ile Glu Tyr Thr Ile Ser Arg Ala Gln Phe Leu Pro  
 115 120 125  
 Pro Ile Phe Leu Leu Val Val Asp Thr Cys Leu Asp Asp Asp Glu Leu  
 130 135 140  
 Gly Ala Leu Lys Asp Ser Leu Gln Thr Ser Leu Ser Leu Leu Pro Thr  
 145 150 155 160  
 Asn Ser Leu Val Gly Leu Ile Thr Phe Gly Lys Met Val Gln Val His  
 165 170 175  
 Glu Leu Gly Cys Glu Gly Cys Ser Arg Ser Tyr Val Phe Arg Gly Thr  
 180 185 190  
 Lys Asp Leu Thr Ser Lys Gln Val Gln Asp Met Leu Gly Ile Gly Lys  
 195 200 205  
 Val Ser Ala Ser Pro Gln Gln Gln Gln Arg Ala Met Gly Gly Gln  
 210 215 220  
 Gln Pro Phe Pro Thr Asn Arg Phe Ile Gln Pro Ile Gln Ser Cys Asp  
 225 230 235 240  
 Met Ser Leu Thr Asp Leu Leu Gly Glu Met Gln Arg Asp Pro Trp Pro  
 245 250 255  
 Val Gly Gln Gly Lys Arg Pro Leu Arg Ser Thr Gly Ala Ala Leu Ala  
 260 265 270  
 Ile Ala Ile Gly Leu Leu Glu Cys Ser Tyr Pro Asn Thr Gly Ala Lys  
 275 280 285  
 Val Met Leu Phe Leu Gly Gly Pro Cys Ser Gln Gly Pro Gly Gln Val  
 290 295 300  
 Val Asn Asp Asp Leu Arg Glu Pro Ile Arg Ser His His Asp Ile Gln  
 305 310 315 320  
 Lys Asp Asn Ala Arg Tyr Met Lys Lys Ala Ile Lys His Tyr Asp Ser  
 325 330 335

ES 2 660 018 T3

Leu Ala Leu Arg Ala Ala Thr Asn Gly His Ser Val Asp Ile Tyr Ser  
 340 345 350

Cys Ala Leu Asp Gln Thr Gly Leu Ala Glu Met Lys Gln Cys Cys Asn  
 355 360 365

Ser Thr Gly Gly His Met Val Met Gly Asp Thr Phe Asn Ser Thr Leu  
 370 375 380

Phe Lys Gln Thr Phe Gln Arg Val Leu Ser Arg Asp Gln Lys Gly Glu  
 385 390 395 400

Phe Lys Met Ala Phe Asn Gly Val Val Glu Val Lys Thr Ser Arg Glu  
 405 410 415

Leu Lys Val Met Gly Ala Ile Gly Pro Cys Val Ser Leu Asn Thr Lys  
 420 425 430

Gly Pro Cys Val Ser Glu Thr Asp Ile Gly Leu Gly Gly Thr Cys Gln  
 435 440 445

Trp Lys Phe Cys Thr Phe Asn Gln Asn Thr Thr Ala Ala Met Phe Phe  
 450 455 460

Glu Val Val Asn Gln His Ala Ala Pro Ile Pro Gln Gly Gly Arg Gly  
 465 470 475 480

Cys Ile Gln Phe Ile Thr Gln Tyr Gln His Ala Ser Gly Gln Arg Arg  
 485 490 495

Ile Arg Val Thr Thr Val Ala Arg Asn Trp Ala Asp Ala Thr Thr Asn  
 500 505 510

Met His His Val Ser Ala Gly Phe Asp Gln Glu Ala Gly Ala Val Leu  
 515 520 525

Met Ala Arg Met Val Val His Arg Ala Glu Thr Asp Asp Gly Pro Asp  
 530 535 540

Val Met Arg Trp Ala Asp Arg Met Leu Ile Arg Leu Cys Gln Lys Phe  
 545 550 555 560

Gly Glu Tyr Asn Lys Asp Asp Pro Asn Ser Phe Arg Leu Pro Glu Asn  
 565 570 575

Phe Ser Leu Tyr Pro Gln Phe Met Tyr His Leu Arg Arg Ser Gln Phe  
 580 585 590

ES 2 660 018 T3

Leu Gln Val Phe Asn Asn Ser Pro Asp Glu Thr Ser Tyr Tyr Arg His  
 595 600 605

Ile Leu Met Arg Glu Asp Leu Ser Gln Ser Leu Ile Met Ile Gln Pro  
 610 615 620

Ile Leu Tyr Ser Tyr Ser Phe Asn Gly Pro Glu Pro Val Leu Leu Asp  
 625 630 635 640

Thr Ser Ser Ile Gln Pro Asp Arg Ile Leu Leu Met Asp Thr Phe Phe  
 645 650 655

Gln Ile Leu Ile Phe His Gly Glu Thr Ile Ala Gln Trp Arg Ala Gln  
 660 665 670

Arg Tyr Gln Asp Leu Pro Glu Tyr Glu Asn Phe Lys Gln Leu Leu Gln  
 675 680 685

Ala Pro Val Asp Asp Ala Lys Glu Ile Leu His Thr Arg Phe Pro Met  
 690 695 700

Pro Arg Tyr Ile Asp Thr Glu Gln Gly Gly Ser Gln Ala Arg Phe Leu  
 705 710 715 720

Leu Ser Lys Val Asn Pro Ser Gln Thr His Asn Asn Met Tyr Gly Tyr  
 725 730 735

Gly Gly Glu Phe Gly Ala Pro Val Leu Thr Asp Asp Val Ser Leu Gln  
 740 745 750

Val Phe Met Glu His Leu Lys Lys Leu Ala Val Ser Phe Thr Ala  
 755 760 765

<210> 101

<211> 511

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 101

gggtgatgaga tgcggcaaga agaaagtgtg gttggaccct aatgaaatca acgaaatcgc 60  
 caacaccaac tctaggcaaa acatccgtaa gctgatcaag gatggtttga tcatcaaaaa 120  
 gcctgtggct gtccactcca gagcccgcgt ccgtaaaaac acagaagcca gacggaaggg 180  
 tcgtcactgt ggcttcggta agaggaaggg taccgccaac gccagaatgc ctgtgaaggt 240  
 cctgtgggctc aacagaatga gagtcctgcg acggctcctt aaaaaatata gagaagccaa 300  
 gaagatcgat aggcaaatgt accacgacct ttacatgaaa gccaaaggtg acgtcttcaa 360

ES 2 660 018 T3

aaacaagagg gtactgatgg acttcattca caagaagaag gctgaaaagg cgagatcaaa 420  
 gatggtgaag gaccaggcag aggcgagacg tctcaaggtc aaggaggcga agaagaggcg 480  
 cgaggagagg atcgccacca agaagcaaga g 511

<210> 102

<211> 1145

5 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 102

tgggttggtg gagtgctcct accccaacac gggagcaaaa gtcattggtg tccttggtgg 60  
 cccttggtcc caaggcctg gtcaagttgt caatgatgac ctgagggaac ctatccgctc 120  
 tcatcatgac atccagaaag ataatgcccg ctacatgaaa aaagccatta aacattacga 180  
 ttctttggca ttgagagcag ccactaatgg gcattcagta gacatttatt cctgtgcttt 240  
 agatcagaca ggtttgccg aaatgaagca atgttgcaat tctactgggg gtcatatggt 300  
 gatgggtgac accttcaact ccactttggt caaacagacg ttccagaggg tgctctcccg 360  
 tgatcaaaaa gggaattca aaatggcttt caatggcgta gttgaagtca aaacctcccg 420  
 agagctaaaa gttatgggag ccattgggcc ttgcgtttca ttgaatacga aaggccggtg 480  
 tgttagtga actgacatag ggcttgagg aacttgccag tgggaagtct gcacatttaa 540  
 ccaaaatacc actgctgcca tgttctttga ggtagtaaac caacacgctg ctccatoccc 600  
 tcaaggtgga agaggatgta tacagttcat aactcaatac cagcatgctg cgggccaag 660  
 gcgcacccga gtaaccactg tagccaggaa ttgggctgat gcgactacca acatgacca 720  
 tgttagtga ggatttgatc aggaagctgg agcggctactc atggccagga tggctggtca 780  
 cagagctgaa actgatgatg gacctgatgt catgagatgg gctgatcgca tgttgattcg 840  
 tctttgccag aaattcggcg agtacaacaa ggatgatcca aatagtttcc gcctcccaga 900  
 aaacttctcg ctttaccac agttcatgta tcacttgaga aggtcccaat tcttgagggt 960  
 attcaacaac agcccagacg aaacgctgta ctatcgtcac atcttgatgc gggagattt 1020  
 gtcgcagagc ttgatcatga ttcagccgat cctgtacagt tacagtttca acggtccaga 1080  
 accagtcctt ttggacactt ccagcattca acctgatcgg atcctgctga tggacacctt 1140  
 cttcc 1145

<210> 103

ES 2 660 018 T3

<211> 258

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

5 <223> GFP

<400> 103

```
agatacccag atcatatgaa acggcatgac tttttcaaga gtgccatgcc cgaaggttat      60
gtacaggaaa gaactatatt tttcaagat gacgggaact acaagacacg taagtttaa      120
cagttcggta ctaactaacc atacatattt aaattttcag gtgctgaagt caagtttgaa      180
ggtgataccc ttgttaatag aatcgagtta aaaggtattg attttaaaga agatggaaac      240
attcttggac acaaattg                                     258
```

<210> 104

<211> 745

10 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Pt coral fluorescent protein

<400> 104

ES 2 660 018 T3

agtgtaataa cttactttga gtctaccgtc atgagtgcaa ttaaaccagt catgaagatt 60  
gaatttgtca tgggaaggaga ggtgaacggg cacaagttca cgatcacggg agagggacaa 120  
ggcaagcctt acgaggggaa acagactcta aaccttacag tcaactaaag cgtgccctt 180  
cctttcgctt tcgatatcct gtcaacagca ttccagtatg gcaacagggt attaccaaa 240  
taccagatg atataccgga ctatttcaag cagacctttc cggaaggata ttcgtgggaa 300  
agaactttca aatatgaaga gggcgtttgc accacaaaga gtgacataag cctcaagaaa 360  
ggccaaccag actgctttca atataaaatt aactttaag gggagaagct tgacccaac 420  
ggccaatta tgcagaagaa gaccctgaaa tgggagccat ccaactgagag gatgtacatg 480  
gacgtggata aagacggtgc aaaggtgctg aaggcgatg ttaatgcggc cctgttgctt 540  
gaaggaggtg gccattatcg ttgtgacttt aacagtactt acaaggcgaa gaaaactgtg 600  
tccttcccag catatcactt tgtggaccac cgcattgaga ttttgagcca caatacggat 660  
tacagcaagg ttacactgta tgaagttgcc gtggctcgca attctcctct tcagattatg 720  
gcgccccagt aaaggcttaa cgaaa 745

<210> 105

<211> 42

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 105

gcgtaatacg actcactata ggtgatgaga tgcggcaaga ag 42

10 <210> 106

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 106

ctcttgcttc ttggtggcga tc 22

<210> 107

5 <211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

10 <400> 107

ggatgatgaga tgcggcaaga ag 22

<210> 108

<211> 44

<212> ADN

15 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 108

gcgtaatacg actcactata ggctcttgct tcttggtggc gatc 44

20 <210> 109

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

5 <223> Primer

<400> 109

gcgtaatag actcactata ggtgggttgt tggagtgctc ctac 44

<210> 110

<211> 22

10 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 110

15 ggaagaaggt gtccatcagc ag 22

<210> 111

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

20 <220>

<223> Primer

<400> 111

tgggttggtg gagtgctcct ac 22

<210> 112

5 <211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

10 <400> 112

gcgtaatacg actcactata ggggaagaag gtgtccatca gcag 44

<210> 113

<211> 46

<212> ADN

15 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 113

gcgtaatacg actcactata ggagatacc agatcatatg aaacgg 46

20 <210> 114

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

5 <223> Primer

<400> 114

caatttgtgt ccaagaatgt ttcc 24

<210> 115

<211> 24

10 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 115

15 agataccag atcatatgaa acgg 24

<210> 116

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

20 <220>

ES 2 660 018 T3

<223> Primer

<400> 116

gcgtaatag actcactata ggcaatttgt gtccaagaat gtttcc 46

<210> 117

5 <211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

10 <400> 117

gcgtaatag actcactata ggagtgtaat aacttacttt gag 43

<210> 118

<211> 20

<212> ADN

15 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 118

tttcgtaag cctttactgg 20

20 <210> 119

<211> 21

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

5 <223> Primer

<400> 119

agtgtaataa cttactttga g 21

<210> 120

<211> 42

10 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 120

15 gcgtaatacg actcactata ggtttcgta agcctttact gg 42

<210> 121

<211> 473

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

20 <400> 121

ES 2 660 018 T3

tgccgggccc ctgcccgaac catctgggaa gcttggaaatg ggctcgactg ccgaactgat 60  
 caactttttc ggtccacacc ttttctatca actccttata ccgctccagg atgccgcctt 120  
 caaacagttt tttcttgtcg tcataagatc tgggtgcaac tcttcgttca tatttggagg 180

cgacttggat tttgggtggg tacttgcccg tgagggcctc agggccaag ccttttttca 240  
 aggctttgtg ccgaagttgt tgcttctgtc tttccttcag ttctttaaga tcgtagtctt 300  
 gcctcttttg cctttcctca agatcgtatt tctcggctc aagtttgaca atggcttccc 360  
 agagtccctg agctttgatg cgtagcctgt ctatgctcat attttctatc gccaggggct 420  
 tgagcctaata gctgagggag atacgtttct cttcctccag ctgctccttg gtc 473

<210> 122

5 <211> 773

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 122

gctgctcgcc gtccagttcg ttttcgagtt ccctgacacg ttgttccagc ttggcgatgg 60  
 ccttcttgcc tcccttgagg gcgttgtttt cggcttcgtc caacctgact tggagtctct 120  
 tgatttgctg ttccagagcc ttgcccagct tctcctgggt ctgagcgtgg tctctgtctg 180  
 ccctgagttc atcagctaac ctagcggcat caaccattgc cttcttgccc ttctcttggg 240  
 agttcttggc ttcgttgaga agttcgtcga ggtcagcatg aagtgtctgc aactctccct 300  
 caagcttgccg tttggcggct gaggcgctgg tagcttgggc agccaactcg ttgatctggt 360  
 cgtgggcate tccaagttct tgttcggctt ggcgcctgcc cctgtcggcc tgttcgagga 420  
 gagtgcgcga ctccctcgagc tcgtttccga gagcgttggc cctcctttcg gcgattccga 480  
 gttgttcaag agcatcgtcg cgtgcccttt gttcttctc aagagcggtc tgtacgtctt 540  
 tgagtgtgtg ttggtatttc ttgatggtct tctgggcttc ggcgttagcc ttggtggcgt 600  
 ggtcgagagc gatttcgagt tcgttgatgt cggcttcaag cttcttctc atgcgaagag 660  
 cctcagcctt acccttggct tcagcctcca agctggcttg catggagtcc agtgcccgtt 720  
 ggtggttctt cctggtgttc togaactcct cctccttttc ctggatccgc cgg 773

10 <210> 123

<211> 771

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 123

|   |     |
|---|-----|
| tggacgccat caagaagaaa atgcaggcga tgaagatgga gaaggacacg gccatggaca | 60  |
| aggccgacac ctgcgagggg caggccaagg acgctaacac ccgcgccgac aaaatccttg | 120 |
| aagatgtgag ggacctcaa aagaaactca accaggtaga aagtgatctc gaaaggacca  | 180 |
| agaggaact cgagacgaaa accaccgaac tcgaagagaa ggagaaggcc aacaccaacg  | 240 |
| ctgagagcga ggtcgcctcc ctcaacagga aagtccagat ggttgaagag gacttgaaa  | 300 |
| gatctgaaga aaggtccggc accgcacaac aaaaactgtc cgaagcctcc cacgccgctg | 360 |
| atgaagcctc tcgtatgtgc aaagtattgg agaacaggtc acaacaggat gaggagagga | 420 |

5

|   |     |
|---|-----|
| tggaccagct caccaaccag ctgaaagaag cccgactcct cgctgaagac gccgacggca | 480 |
| aatcggatga ggtatcaagg aagctggcct tcgltgaaga cgaactgaa gtagctgaag  | 540 |
| atcgtgtcaa atctggagac tcgaagatca tggagcttga ggaggagttg aaagttgtcg | 600 |
| gtaacagctt gaaatctctc gaagtttcag aggagaaggc caaccagcga gtcgaagagt | 660 |
| acaaacgtca aatcaagcaa ctgactgtca agttgaagga ggctgaagct cgcgctgagt | 720 |
| tcgccgaaaa gacagtcaag aagttgcaga aagaggtgga ccggctggag g          | 771 |

<210> 124

<211> 257

<212> ADN

10 <213> *Lygus hesperus*

<400> 124

|  |     |
|--|-----|
| tgcgggccct ggggcagaat cccacagaat ctgacgtgaa gaagttcacc caccagcaca  | 60  |
| aaccagatga aagaatcagc ttcgaggtgt ttctccgat ataccaagcc atatcgaagg   | 120 |
| gtaggacgct agacacagct gaagacttca tcgagggctct cagacacttt gacaaagatg | 180 |
| gaaatggctt catttcaaca gctgagcttc gccacttgct cacaactttg ggcgaaaaac  | 240 |
| tgaccgacga cgaggtg   | 257 |

<210> 125

ES 2 660 018 T3

<211> 410

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 125

|   |            |            |            |            |            |            |     |
|---|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
|   | gccacctcca | acgtgtttgc | catgttcgat | caggctcaga | ttcaagaatt | caaggaggca | 60  |
|   | ttcaacatga | tcgaccagaa | cagggacggc | ttcgtggata | aggaagacct | ccatgacatg | 120 |
|   | ctcgcttccc | taggtaagaa | cccctcagac | gagtatctcg | aggggatgat | gaacgaggcg | 180 |
|   | cctgggccca | tcaacttcac | aatgttcctc | acctcttcg  | gtgagcggct | tcaggaact  | 240 |
|   | gatccggagg | aggttatcaa | gaacgcattt | gggtgtttg  | acgaagacaa | caacggattc | 300 |
|   | atcaacgagg | aaagactgcg | cgagctgctc | acctccatgg | gggacaggtt | cactgatgaa | 360 |
| 5 | gacgtggacg | aaatgtaccg | agaggccccc | atcaagaacg | gcatgttcga |            | 410 |

<210> 126

<211> 1021

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 126

|  |            |            |            |            |            |            |     |
|--|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
|  | tgttcatcct | ggagcaggag | gagtatcaga | gagaaggtat | tgaatggaag | ttcatcgact | 60  |
|  | tcggacttga | tcttcagccg | accattgatc | tcattgataa | gccaatggga | gtcatggctc | 120 |
|  | tcctggatga | agaatggttg | ttccccaaag | ccactgacaa | gaccttcggt | gagaagctgg | 180 |

ES 2 660 018 T3

tcggtgctca cagcgttcac cccaaattca tcaaaactga tttccgtgga gtcgcccact 240  
 ttgctgtcgt ccattatgcc ggaaaagtcg attattcggc ggccgagtggt ctgatgaaga 300  
 acatggacct tctgaacgaa aacgtcgtgc agctcctcca gaactcgcga gatccgttcg 360  
 tcatccacat ctggaaggac gcagagatcg tcggcatggc tcaccaagct ctcagcgaca 420  
 ctgagtttgg agctcgtacc aggaagggtg tgttccgaac cgtgtctcaa ctctacaaag 480  
 accagctgtc caaactcatg atcacacttc gcaacaogaa ccccaacttc gtcggttgca 540  
 tcctcccaaa ccacgagaag agagctggca agatcgatgc tcctttggtg ctggatcagc 600  
 tcagatgcaa cgggtgtgtg gaaggcatca gaatttgag acaaggtttc ccgaatagaa 660  
 tcccattcca ggaattccgg caaagatagc agctcttaac tcccaatgct atccccaaag 720  
 ggttcagtga cggtaaaaag gcttgcgaga agatgatcaa cgctctcgaa ctggacccta 780  
 atctctacag agttgggtcag tccaagatat tcttcagagc tggagtctta gctcatctag 840  
 aagaagagcg cgactataag attactgatc tgatagccaa tttccgggct ttctgtaggg 900  
 gatatcttgc ccgaaggaac taccaaaagc gtcttcagca gctcaacgcc attcgtatta 960  
 tccagcgaaa ttgctcagct tacttgaagt tgaggaactg gcaatggtgg cggctgtaca 1020  
 c 1021

<210> 127

<211> 325

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 127

cggatcatcat ctccatgaac togtcgaagt caacagttcc ggaaccgtca gaatcaattt 60  
 cagcaatcat catgtcaagt tcttgggagg tgattttgtc gtogagttcc ttcaggattt 120  
 ccctcaagac gtcagtggtg atgtaaccgt tcccttctct gtogtagagc ctgaaggcct 180  
 ccctcagttc ttgctgcatg gcctcagcat cttgtgtctc atcttctgtc aggaaaccgg 240  
 cagccaaggc tacgaactcc tcaaatcaa gttgtccaga gccatcagcg tcgacctccg 300  
 caatgatctc ctccaggatc ttctt 325

<210> 128

<211> 463

10 <212> ADN

ES 2 660 018 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 128

cggtcatcat ctccatgaac tcgtcgaagt cgacagttcc ggatccgtca gagtcgatct 60  
 cctcgatgat catgtccagc tcctcgttgg tcagctgctc gtccaattca tgaaggattt 120  
 ctttgaggca ggaggtcggg atgtagccat taccttcttt gtcgtagaga cggaaggctt 180

ctcgcagctc tttctgcatg gttcatcgt cttcctcaac aatgaacttg gctgccaacg 240  
 tgatgaactc ttcaaactcc agccttcccg atttgtcagc gtcaacttct tcgatgagtt 300  
 catcgagaat cttcttggtg aagggtgac ccatgagtct gaggatgtcg gccaccatgt 360  
 ccgtcgggat ggaacccgag tgatcccggc cgaaagcgtt caacgcgatg gtcgatgatg 420  
 5 ggataattcg gttaattctg ttagaccagt ccgattagtg acg 463

<210> 129

<211> 413

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 129

atgggtgaag gagggtgcct gctcagagca gtctccagg atgacggcta tggacaacgc 60  
 ctcgaagaac gccgctgaga tgatcgacaa gctgaccttg acgttcaaca ggactcggca 120  
 agccgtcacc accagggagc tcacgaaat catctccggt gcctctgctt tggagtaacg 180  
 tctcagctca cccagccacc tcccgtagat ccactagtgc tgcgagagac cgagtacctc 240  
 gttctattca cctgtacat ttcttaatca atattattgg aattcgattc gatagtcgta 300  
 tgctgggaaa tatcttgctc atattcatga tacttgctca acattgttct ggtaaataat 360  
 ttatgtaata caggttgagt taccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 413

<210> 130

<211> 449

<212> ADN

15 <213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 130

|  |     |
|--|-----|
| gcagctggag gaagagaaac gtatctccct cagcattagg ctcaagcccc tggcgataga  | 60  |
| aaatatgagc atagacaggc tacgcatcaa agctcaggaa ctctgggaag ccattgtcaa  | 120 |
| acttgagacc gagaaatacg atcttgagga aaggcaaaag aggcaagact acgatcttaa  | 180 |
| agaactgaag gaaagacaga agcaacaact tcggcacaaa gccttgaaaa aaggcttggga | 240 |
| ccctgaggcc ctcaccggca agtaccacc caaaatccaa gtgcctcca aatatgaacg    | 300 |
| aagagttgac accagatctt atgacgaca gaaaaactg tttgaaggcg gcatcctgga    | 360 |
| gCGGTATAAG gAgTtGAtag aaaaggTgtg gaccgaaaaa gTtGAtcagT tcggcagTcg  | 420 |
| agcccatcc aagcttcca gatggttcg                                      | 449 |

<210> 131

<211> 719

5 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 131

|   |     |
|---|-----|
| aggagttoga gaacaccagg aagaaccacc aacgggcact cgactccatg caagccagct   | 60  |
| tggaggctga agccaagggT aaggctgagg ctcttcgcat gaagaagaag cttgaagccg   | 120 |
| acatcaacga actcgaaatc gctctcgacc acgccaacaa ggctaacgcc gaagcccaga   | 180 |
| agaccatcaa gaaataccaa caacaactca aggacgtaca gaccgctctt gaggaagaac   | 240 |
| aaagggcacg cgacgatgct cgtgaacaac tcggaatcgc cgaaaggagg gccaacgctc   | 300 |
| tcggaacga gctcgaggag tcgcgactc tcctcgaaca ggccgacagg ggcaggcgcc     | 360 |
| aagccgaaca agaacttggga gatgccacg aacagatcaa cgagttggct gcccaagcta   | 420 |
| ccagcgctc agccgccaaa cgcaagcttg agggagagtt gcagacactt catgctgacc    | 480 |
| tcgacgaact tctcaacgaa gccagaact ccgaagagaa ggccaagaag gcaatggttg    | 540 |
| atgccgctag gttagctgat gaactcaggg cagaacagga ccacgctcag acccaggaga   | 600 |
| agctccgcaa ggctctggaa acgcaaatca aggaactcca agtcagggtg gacgaagccg   | 660 |
| 10 aaaacaacgc cctcaaggga ggcaagaagg ccatcgccaa gctggaacaa cgtgtcagg | 719 |

<210> 132

<211> 737

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 132

5

<210> 133

<211> 205

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 133

cagaatccca cagaatctga cgtgaagaag ttcacccacc agcacaacc agatgaaaga 60

atcagcttcg aggtgtttct cccgatatac caagccatat cgaagggtag gacgtcagac 120

acagctgaag acttcacga gggcttcaga cactttgaca aagatggaaa tggcttcatt 180

tcaacagctg agcttogcca cttgc 205

<210> 134

<211> 326

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

5 <400> 134

|   |     |
|---|-----|
| ggaggcattc aacatgatcg accagaacag ggacgggttc gtggataagg aagacctcca | 60  |
| tgacatgctc gcttccctag gtaagaacct ctcagacgag tatctcgagg ggatgatgaa | 120 |
| cgaggcgcct ggtcccatca acttcacaat gttcctcacc ctcttcggtg agcggcttca | 180 |
| gggaactgat cgggaggagg ttatcaagaa cgcatttggg tgttttgacg aagacaacia | 240 |
| cggattcatc aacgaggaaa gactgcgcga gctgctcacc tccatggggg acaggttcac | 300 |
| tgatgaagac gtggacgaaa tgtacc                                      | 326 |

<210> 135

<211> 944

<212> ADN

10 <213> *Lygus hesperus*

<400> 135

ES 2 660 018 T3

gacttgatct tcagccgacc attgatctca ttgataagcc aatgggagtc atggctctcc 60  
 tggatgaaga atgttggttc cccaaagcca ctgacaagac ctctgttgag aagctggtcg 120  
 gtgctcacag cgttcacccc aaattcatca aaactgattt ccgtggagtc gccgactttg 180  
 ctgctgtcca ttatgccgga aaagtcgatt attcggcggc gcagtggctg atgaagaaca 240  
 tggaccctct gaacgaaaac gtcgtgcagc tcctccagaa ctcgcaagat ccgttcgtca 300  
 tccacatctg gaaggacgca gagatcgtcg gcatggctca ccaagctctc agcgacactc 360  
 agtttgagc tcgtaccagg aagggatgtg tccgaaccgt gtctcaactc taaaagacc 420  
 agctgtccaa actcatgatc acacttcgca acacgaaccc caacttcgtc cgttgcatcc 480  
 tccccacca cgagaagaga gctggcaaga tcgatgctcc tttggtgctg gatcagctca 540  
 gatgcaacgg tgtgttgaa ggcacagaa tttgcagaca aggtttcccg aatagaatcc 600  
 cattccagga attccggcaa agatacgagc tcttaactcc caatgtcatc cccaaaggt 660  
 tcatggacgg taaaaaggct tgcgagaaga tgatcaacgc tctogaactg gaccctaata 720  
 tctacagagt tggtcagtcc aagatattct tcagagctgg agtcttagct catctagaag 780  
 aagagcgcga ctataagatt actgatctga tagccaattt ccgggctttc tgtaggggat 840  
 atcttgcccg aaggaactac caaaagcgtc ttcagcagct caacgccatt cgtattatcc 900

agcgaaattg ctcagcttac ttgaagttga ggaactggca atgg 944

<210> 136

5 <211> 318

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 136

atcctggagg agatcattgc ggaggctgac gctgatggct ctggacaact tgaatttgag 60  
 gagttcgtag ccttggctgc cggtttcctg acagaagatg agacacaaga tgctgaggcc 120  
 atgcagcaag aactgagggg ggccttcagg ctctacgaca aggaagggaa cggttacatt 180  
 accactgacg tcttgagggg aatcctgaag gaactcgacg acaaaatcac ctccaagaa 240  
 cttgacatga tgattgctga aattgattct gacggttccg gaactgttga cttcgacgag 300  
 ttcattggaga tgatgacc 318

10 <210> 137

ES 2 660 018 T3

<211> 423

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 137

|  |     |
|--|-----|
| atccccatca tgaccatcgc gttgaacgct ttcgaccggg atcactcggg ttccatccc   | 60  |
| acggacatgg tggccgacat cctcagactc atgggtcaac ccttcaacia gaagattctc  | 120 |
| gatgaactca tcgaagaagt tgacgctgac aaatcgggaa ggctggagt tgaagagttc   | 180 |
| atcacgttgg cagccaagtt cattggtgag gaagacgatg aagccatgca gaaagagctg  | 240 |
| cgagaagcct tccgtctcta cgacaaagaa ggtaatggct acatcccgc ctcctgcctc   | 300 |
| aaagaaatcc ttcattgaatt ggacgagcag ctgaccaacg aggagctgga catgatcatc | 360 |
| gaggagatcg actctgacgg atccggaact gtcgacttcg acgagttcat ggagatgatg  | 420 |
| 5 acc  | 423 |

<210> 138

<211> 252

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 138

|   |     |
|---|-----|
| ggtgaaggag ggtgcctgct cagagcagtc ctccaggatg acggctatgg acaacgcctc | 60  |
| gaagaacgcc gctgagatga tcgacaagct gaccttgacg ttcaacagga ctccgcaagc | 120 |
| cgtcatcacc agggagctca tcgaaatcat ctccggtgcc tctgctttgg agtaacgtct | 180 |
| cagctcacc agccacctcc cgtagatcca ctagtgtgc gagagaccga gtacctcgtt   | 240 |
| ctattcacc tg  | 252 |

<210> 139

<211> 1110

<212> ADN

15 <213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 139

|  |      |
|--|------|
| gtctccgctc aagctgggtca tcagacttca gctgagtcct ggggtaccgg tcgtgctgtg | 60   |
| gctcgtatcc cccgtgttcg cggaggtggt actcaccgct caggtcaggg tgcttttggc  | 120  |
| aacatgtgtc gcggcggtag gatgttcgct cccactcgcc catggcgtcg ttggcaccgc  | 180  |
| aagatcaacg ttaaccaaaa acgttatgcc gtcgtgtccg ccatcgctgc atccggcgtc  | 240  |
| ccagccctcg tcatgtccaa aggacacatg gtgcaaagcg tccctgaatt cccccttgtt  | 300  |
| gtgtctgaca aagttcagga atacactaaa accaaacagg ctgtcatctt ccttcaccgc  | 360  |
| atcaaagcct ggcaagacat ccagaaagtg tacaagtcga agaggttccg tgctggtaaag | 420  |
| ggtaaaaatga ggaaccgcag gaggatccag aggcgtggac ccctcatcat ctacgaccag | 480  |
| gatcagggtc tgaacagggc tttccgtaac attcccggcg tcgatttgat cgaagtgagc  | 540  |
| cgcctcaact tgctgaagct cgctccagga ggtcacatcg gccggttcgt catctggact  | 600  |
| cagtcggcct tcgagaagtt ggacgccctc tacggcacct ggaagaagaa gtccaccctc  | 660  |
| aaggctggat acaatctccc catgcccaag atggccaaca ccgaccttc ccgcctcttc   | 720  |
| aaggccccgg agatcaaggc tgcctcagg aatcccaaga agaccatcgt acgacgagtg   | 780  |
| cgcaaaactga accctctccg caacaccagg gctatgctgc gtctcaacc atacgctgct  | 840  |
| gtcctcaaga ggaaggccat ccttgatcaa aggaagttga aactccagaa gctcgtagaa  | 900  |
| gctgccaaga agggagatac caagctgtcg ccccgcgtcg agcgtcacct gaagatgatc  | 960  |
| gagagaagga aagccctgat caagaaagcc aaggctgcc aagccaagaa gcccaaacg    | 1020 |
| gccaaagaaac ccaagaccgc cgagaaggca ccagcaccgg ccaagaagc gccagcgccc  | 1080 |
| aaaaaggcca ccaccctgc caagaaatga                                    | 1110 |

<210> 140

<211> 729

5 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 140

|   |     |
|---|-----|
| atggccaatg ctaagcctat ttctaagaag aagaagtttg tgtctgacgg tgtcttcaaa | 60  |
| gccgaattga acgaatttct taccagagaa ctcgctgaag aggggtactc aggtgttgag | 120 |
| gtccgagtga cccccaaaaa gacagaaatt atcatcatgg cgacaaggac acaaagcgtt | 180 |
| cttggtgata agggccgccc aatcagggag ctcacgtctg tagttcagaa aagattcaat | 240 |
| ttcaagcctc agactttgga tctctatgct gaaaaggctg ccaccagagg tttgtgtgct | 300 |
| attgcacaag ctgaatccct ccgttacaaa ctcatggcg gtcttgctgt ccgaggggct  | 360 |
| tgctatggtg tccttcgctt catcatggaa aatggtgcc aagggttcga agtcgtagta  | 420 |

ES 2 660 018 T3

tctgaaaac tgcgtggtca gagagccaag tcaatgaagt tCGTGGatgg tttgatgatc 480  
cacagtgggg atccctgtaa cgaatatggt gatactgcta cccgacatgt gctccttaga 540  
caaggtgtcc tgggaataaa ggtgaagatt atgttgccgt gggacgttac cggcaaaaat 600  
gggccgaaga accctcttcc cgaccacgtc agcgttctct tacctaagga ggagctacca 660  
aatttgccg ttagtgtgcc tggatccgac atcaaacc aa agcctgaagt accagcacc 720  
gctttgtga 729

<210> 141

<211> 789

5 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 141

atggctgttg gtaaaaaataa gggctctatcg aaaggaggaa agaaggagat taaaaaaaag 60  
gtagtggacc ctttcaccag gaaggattgg tacgatgta aggctccttc catgttcaaa 120  
aagcgtcaag ttggcaaac tttggtcaac cgaactcagg gaaccaagat tgcttctgaa 180  
gggttgaaag gacgagtttt cgaagtctcg ctgctgata tccaggagga cactgatgcc 240  
gagcgtcct tcaggaaatt caggctcatc gctgaagatg tccaagccag aaacgtcctt 300  
accaatttcc acggtatgga tttgaccact gacaaaactcc ggagcatggt caagaagtgg 360  
cagactctca tcgaagccaa cgttgacgtc aagaccaccg acggctacct cctgcgcgtc 420  
ttctgcatag gattcaccaa taaagatcaa ctttcccaga gaaagacttg ctatgcccoag 480  
cataatcagg tccgagaaat ccgcaaaaag atggttaaaa acatcagtga cagcatttcc 540  
agctgtgatt tgaggagtgt tgtgaacaag ctgatcccag actccatcgc taaagatata 600  
gaaaagaatt gccaaaggaat ctaccactc cagcatgtgt acattcggaa ggtgaagggtg 660  
ttgaagaagc cgaggttcga gctcagcaag ctcttgagc ttcacgtcga tggcaaaagg 720  
atcgacgaac ccggcgcgaa agtgacgagg actgacgctt acgagcctcc agttcaagag 780  
tctgtctaa 789

<210> 142

10 <211> 473

<212> ADN

ES 2 660 018 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 142

gaccaaggag cagctggagg aagagaaacg tatctccctc agcattaggc tcaagcccct 60

ggcgatagaa aatatgagca tagacaggct acgcatcaaa gctcaggaac tctgggaagc 120

cattgtcaaa cttgagaccg agaaatacga tcttgaggaa aggcaaaaga ggcaagacta 180

cgatcttaaa gaactgaagg aaagacagaa gcaacaactt cggcacaaaag ccttgaaaaa 240

aggcttggac cctgaggccc tcaccggcaa gtaccacccc aaaatccaag tcgcctccaa 300

atatgaacga agagttgaca ccagatctta tgacgacaag aaaaaactgt ttgaaggcgg 360

catcctggag cgtataagg agttgataga aaaggtgtgg accgaaaaag ttgatcagtt 420

5 cggcagtcga gccattcca agcttcccag atggttcggc gagcggcccg gca 473

<210> 143

<211> 1463

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

10 <400> 143

ES 2 660 018 T3

gggctctcagc tgaggcacat tccatctcgt cgcaaatctt tcctgcatct ctcctgggtg 60  
 accttaggt gaccaatcac atccatcatg tcggaacgagg agtattcggg gtcggaggaa 120  
 gagaccagc cggaaaccaca gaaaaacca gaggctgaag gaggcggcga cccagaattc 180  
 gtcaagcgta aggaagccca gacctcagcc ttagacgagc agcttaaaga ctatatcgca 240  
 gaatggagga aacaagagc tcgcgaagaa gaagacctca agaagctgaa ggagaagcaa 300  
 gccaaagcga aggtcgctcg ggcagaagaa gaaaagagat tggcggaaaa gaagaagcag 360  
 gaagaagaac gacgtgtgag ggaagcagaa gagaagaaac agagggaaat cgaagagaag 420  
 aggcgaaggc ttgaagaggc cgagaagaag agacaagcca tgatggctgc tctcaaggac 480  
 cagagcaaaa cgaagggacc caatthttgtc gtaataaga aagccgaaac ccttggcatg 540  
 tcctccgctc aaattgagcg caacaagact aaggaacagc ttgaggaaga aaaacgtatc 600  
 tcctcagca ttaggctcaa gccctggcg atagaaaata tgagcataga caggctacgc 660  
 ataaaagctc aggaactctg ggaagccatt gtcaaacttg agaccgagaa atacgatctt 720  
 gaggaaggc aaaagaggca agactacgat cttaagaac tgaaggaaag acagaagcaa 780  
 caactcggc acaaagcctt gaaaaaaggc ttggaccctg aggccctcac cggcaagtac 840  
 ccacccaaaa tccaagtcgc ctccaaatat gaacgaagag ttgacaccag atcttatgac 900  
 gacaagaaaa aactgtttga aggcggcatc ctggagcggg ataaggagt gatagaaaag 960  
 gtgtggaccg aaaaagttga tcagttcggc agtcgagccc attccaagct tcccagatgg 1020  
 ttcggcgagc gggccggcaa gaagaaggat gccctgaaa gcccggaaga agaggaagtg 1080  
 aaggtagaag atgaacctga agctgaacca agcttcatgc tcgacgaaga agaagaagaa 1140  
 gcggaagaag aggaggcggg agaggaagag gaagccgagg aagaggagga agaagaagag 1200  
 gaagaggaag aggaggagga ggaagaagaa taggtctttt tcaacatttc actgcacca 1260  
 cagttccacg gtctttccgc ccacaaactc aatctgtgct cagcagatct tagcaggaaa 1320  
 agtattcggc cccgataaga acaaatataa ttatthttgg aatatctcgt tcagttatth 1380  
 cgtgagaaac aatthttatc atgtaaacga ttaaaagatc ccatacattt ccaaaaaaaa 1440

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1463

<210> 144

5 <211> 773

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 144

ES 2 660 018 T3

ccggcggatc caggaaaagg aggaggagtt cgagaacacc aggaagaacc accaacgggc 60  
actcgactcc atgcaagcca gcttggaggc tgaagccaag ggtaaggctg aggctcttcg 120  
catgaagaag aagcttgaag ccgacatcaa cgaactcgaa atcgctctcg accacgccaa 180  
caaggctaac gccgaagccc agaagaccat caagaaatac caacaacaac tcaaggacgt 240  
acagaccgct cttgaggaag aacaaagggc acgcgacgat gctcgtgaac aactcggat 300  
cgccgaaagg agggccaacg ctctcggaaa cgagctcgag gagtcgcgca ctctcctcga 360  
acagcccgac aggggcaggc gccaaagccga acaagaactt ggagatgcc acgaacagat 420  
caacgagttg gctgcccaag ctaccagcgc ctacgcccgc aaacgcaagc ttgagggaga 480  
gttgacagaca cttcatgctg acctcgacga acttctcaac gaagccaaga actccgaaga 540  
gaaggccaag aaggcaatgg ttgatgccgc taggttagct gatgaactca gggcagaaca 600  
ggaccacgct cagaccagc agaagctccg caaggctctg gaaacgcaaa tcaaggaact 660  
ccaagtccag ttggacgaag ccgaaaacaa cgccctcaag ggaggcaaga aggccatcgc 720  
caagctggaa caacgtgtca gggaaactcga aaacgaactg gacggcgagc agc 773

<210> 145

<211> 5446

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 145

tcaggaaaac tggctgggtc tgatattgag acctatctgc tggagaaggc tcgtgtcatc 60  
tcccaacaaa cactogagag atcctaccac attttctacc agatgatgtc tggagctgtc 120  
aagggcgtca aggaaatgtg cttgctggtc gacgatatct atacgtacaa cttcatatcc 180  
cagggtaaag tcagcattgc aggcgttgat gacggagagg aaatggttct gaccgatcaa 240  
gccttcgaca tcttgggttt caccaagcaa gagaaggaag acatctacaa gatcaccgcc 300  
gctgtcattc acatgggtac catgaagttc aagcaaaggg gtcgtgaaga gcaggctgaa 360  
gccgatggaa ctgaggaagg cggtaaggtc ggtgtgctcc tcggtatcga cggtgacgac 420  
ttgtacaaga atatgtgcaa gcccagaatc aaggtcggaa ctgagttcgt gaccagggga 480  
aagaacgtca accaggtctc atactctctc ggtgccatgt ccaagggtat gttcgatcgt 540  
ctcttcaaat tcttgggtcaa gaaatgtaac gaaactctgg acaccaaaca gaagagacag 600  
cacttcattg gtgtactgga tattgccggg ttcgaaattt tcgacttcaa cggttttgag 660

ES 2 660 018 T3

|  |      |
|--|------|
| caactgtgta tcaacttcac caacgagaaa ttgcaacaat tcttcaacca ccacatgttc  | 720  |
| gtactcgcgc aagaagagta caagagggaa ggcattaact gggctttcat tgatttcgga  | 780  |
| atggacttgc tgccttgtat tgaactgatt gagaagccca tgggtatcct gtccatcctt  | 840  |
| gaagaagagt ctatgttccc caaggctact gacaagacct ttgaggacaa actcatcacc  | 900  |
| aaccacttgg gcaaatctcc caacttcagg aagcccgcgc ttccaaagcc tggccaacaa  | 960  |
| gctggtcact tgcctatgct tcaactacgct ggttgctgtg catacaacat caccggtgg  | 1020 |
| cttgagaaga acaaggatcc gttgaacgac actggtgtcg atcagtacaa gaaggaacc   | 1080 |
| aacaaactgt tgtgcgagat ctctcgtgat catcctggcc aatctggtgc ccctggtggt  | 1140 |
| gatgctggtg gcaaggggtg tctgtggcaag aaaggtggtg gcttcgccac tgtgtcatct | 1200 |
| tcctacaagg aacaattgaa caacttgatg accactttga agagcacaca gcctcacttc  | 1260 |
| gtccgttcta tcatcccaa cgaattgaaa cagcccgtg ttattgattc tcaactggtc    | 1320 |
| atgcaccagc tgactttaa cgggttactt gaaggcatcc gtatttgccg taaaggcttc   | 1380 |
| cccaacagga tgaactaccc tgacttcaag ctccgataca agatccttaa ccccgtgcc   | 1440 |
| gtggacagag agagtgatat cctcaaggct gctggtctcg tccttgagtc aactgggctc  | 1500 |
| gacctgata tgtaccgtct cggccacacc aaggtgttct tcagggcccg agttttgggt   | 1560 |
| caactgaa aattgcgtga cgacaggctt agcaagatca tcggatggat gcaggccttc    | 1620 |
| atgcgcggtt acctcgtcag gaaggagtac aagaagctcc agaacagag gttagccctc   | 1680 |
| caagttgtcc agcgaactt gagaaggtac ctccaactga ggacctggcc ctggtggaag   | 1740 |
| atgtggtcca ggttcaagcc cctcctcaac gtcgccaacg tcaagagga gatgcggaaa   | 1800 |
| ctcgaagagt tggtcgccga gaccaggcc gctttggaga aggaggagaa gctgaggaag   | 1860 |
| gaggccgaag cccttaacgc caagcttctc caagagaaga ccgaccttct caggaacttg  | 1920 |
| gaaggagaga agggatccat cagcgtatc caggaacgat gtgccaagct gcaagcccaa   | 1980 |
| aaggccgatc ttgagtctca actcatggac acccaagaaa ggctgcagaa cgaagaagat  | 2040 |
| gccaggaacc agctcttcca acagaagaag aaattggaac aagaagccgc tgccctcaag  | 2100 |
| aaggacatcg aagatctcga actctccaac caaaagaccg accaagataa ggccagcaag  | 2160 |
| gaacaccaa tcagaaacct caatgacgag atcgctcacc aagatgactt gatcaacaag   | 2220 |
| ctcaacaagg agaagaaat ccagagcgaa ctcaaccaa agactgctga agaacttcag    | 2280 |
| gccgtgaag acaaaatcaa ccacctcacc aaggtttaagg tcaagcttga acagaccttg  | 2340 |
| gatgaactcg aagacaccct cgaacgtgaa aagaaactcc gaggagatgt cgaaaaggcc  | 2400 |
| aagaggaaga ctgaaggcga cctcaagctc actcaggaag ccgttgccga tcttgaagag  | 2460 |
| aacaagaaag aactcgaaca gaccatccag aggaagaca aggaaattgc ttccctcacc   | 2520 |

ES 2 660 018 T3

gccaagctcg aagacgaaca atccatcgtc aacaagactg gcaaacagat caaggaactc 2580  
cagagccgca ttgaagagct cgaggaggaa gtcgaggctg agaggcaagc ccgcggaag 2640  
gctgagaagc aacgtgctga cctcgcccgc gaacttgagg aactcggcga gaggttagag 2700  
gaagctggtg gtgccacctc tgcccagatc gagctcaaca agaagcgtga agctgagatg 2760  
agcaaaactca ggagggacct ggaagaagcc aacatccagc acgaaggcac gctcgccaac 2820  
ctccgcaaga agcacaacga tgctgtcagt gagatgggag accaaatcga ccagctcaac 2880  
aaacttaaga ccaaggttga aaaggagaag tctcaatacc tcggtgaact caacgacgtc 2940  
cgcgcctcca ttgaccactt gaccaacgag aaggctgcca ctgaaaaggt tgccaagcaa 3000  
ctgcaacacc aaatcaatga agttcaagcc aaacttgatg aagctaacag gacgctcaac 3060  
gacttcgatg ctgccaagaa gaagttgtct attgagaact ctgacctcct cagacagttg 3120  
gaggaagctg agagccaagt ttctcaactt agcaagatca agatctccct caccactcaa 3180  
ctcgaggaca ctaagcgtct cgccgatgag gaagctaggg aacgcgcaac ctttcttggc 3240  
aagttccgca acttgaaca cgacctgac aacctgaggg aacaggtgga ggaagaagcc 3300  
gaagctaagg ctgatatcca acgtcaactc agcaaggcca acgctgaagc tcagttgtgg 3360  
cgcagcaagt acgaaagcga ggggtgtgcc cgcgctgagg agcttgagga ggccaagagg 3420  
aaactccagg cccgtttggc tgaggctgag gagaccattg agtccctcaa ccagaaggtt 3480  
atcgcccttg agaagacgaa gcagcgcctt gccactgaag tcgaggatct gcagctcgag 3540  
gtcgaccgtg ccaacgccat tgccaatgcc gctgaaaaga aggctaagcc tattgacaag 3600  
atcattggtg aatgaaaact caaggttgat gaccttctg ctgagcttga tgctagtcaa 3660  
aaggaatgca gaaactactc cactgagctc ttcaggctca agggagctta tgaagaagga 3720  
caggaacaac ttgaagctgt ccgcagggag aacaagaacc ttgctgatga agtcaaggac 3780  
ttgctcgacc agatcgggtg ggggtggccgc aacatccagc aaattgagaa gcagcgcaag 3840  
aggctcgaag ttgagaagga cgaacttcag gccgctcttg aggaggctga agccgctctt 3900  
gaacaggagg agaacaaagt actcagggtt caacttgagc tcagccaggt gcgtcaagaa 3960  
attgaccgcc gcatccagga gaaggaagag gagttcgaga acaccaggaa gaaccaccaa 4020  
cgggcactcg actccatgca agccagcttg gaggctgaag ccaagggtaa gctgaggct 4080  
cttcgcatga agaagaagct tgaagccgac atcaacgaac tcgaaatcgc tctcgaccac 4140  
gccaacaagg ctaacgccga agcccagaag accatcaaga aataccaaca acaactcaag 4200  
gacgtacaga ccgctcttga ggaagaacaa agggcacgcg acgatgctcg tgaacaactc 4260  
ggaatcgccg aaaggagggc caacgctctc ggaaacgagc tcgaggagtc gcgcaactctc 4320  
ctcgaacagg ccgacagggg caggcgccaa gccgaacaag aacttgagaa tgcccacgaa 4380  
cagatcaacg agttggctgc ccaagctacc agcgcctcag ccgccaacg caagcttgag 4440

ES 2 660 018 T3

ggagagttgc agacacttca tgctgacctc gacgaacttc tcaacgaagc caagaactcc 4500  
 gaagagaagg ccaagaaggc aatggttgat gccgctaggt tagctgatga actcagggca 4560  
 gaacagagacc acgctcagac ccaggagaag ctccgcaagg ctctggaaac gcaaatcaag 4620  
 gaactccaag tcaggttga cgaagccgaa aacaacgcc tcaagggagg caagaaggcc 4680  
 atcgccaagc tggacaacg tgctcagggaa ctcgaaaacg aactggacgg cgagcagagg 4740  
 agacacgccg acgcacaaaa gaacctccgt aaatccgagc gtagaattaa ggagctcagt 4800  
 ttccagtccg acgaggaccg taagaaccac gaacgcatgc aagacctcgt agacaaactg 4860  
 caacagaaga tcaagactta caagaggcag attgaagaag ccgaagaaat cgcgccctt 4920  
 aacctcgcca aattccgcaa agcacaacaa gaactcgaag aagctgaaga acgcgctgat 4980  
 ctgctgaac aggctgtttc caaattcaga acaaagggtg gacgcgcagg atctgctgcc 5040  
 agagcgtatg gccctgtcgg ccagaagtga aggaacgaat aagcggacgt ataagctatc 5100  
 aatacctcgc acacaaacct gccaggcctc aatttgacgg caatgccttc ccaccacgat 5160  
 tcgatctaca tcccgacgac ttttaagatc tttgatagca acgcaaaaca tcaaatgaaa 5220  
 atcttttaaa ttttatgtat ttattttgac ctattttatt aagttattgt taatacaaac 5280  
 ataattccat gagctagata tctagccaac gaaccatcac aatcacgatt attcgaactg 5340  
 tacgatagaa gcattatttg tacagctgga ccatttacia aatatttttg cttcgaataa 5400  
 taaagagttt atatcgcgaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 5446

<210> 146

<211> 964

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 146

ES 2 660 018 T3

tcctcctctg gtgcccgact cttcaaatac ccaaatccag tcatgtcttc ccgtaaaaacc 60  
gctggccgca gggcgaccac caagaagcgc gctcagcgtg cgacgtcaaa cgtattcgcc 120  
atgttcgatc aggctcagat tcaagaattc aaggagcat tcaacatgat cgaccagaac 180  
agggacggct tcgtggataa ggaagacctc catgacatgc tcgcttcctt aggtaagaac 240  
ccctcagacg agtatctcga ggggatgatg aacgagggcg ctgggcccat caacttcaca 300  
atgttcctca ccctcttcgg tgagcggcct caggaactg atccggagga ggttatcaag 360  
aacgcatttg ggtgttttga cgaagacaac aacggattca tcaacgagga aagactgcgc 420  
gagctgctca cctccatggg ggacaggttc actgatgaag acgtggacga aatgtaccga 480  
gaggccccc tcaagaacgg catgttcgac tacatogaat tcaactcgat cctcaagcac 540  
ggagccaaag acaaagacga gcagtgacct atcaaatcct cgtcaacctc cttcagtaa 600  
tttgaaacca atccatcaaa ttttgtttaa aactcttact taaaatccga tcctctacgt 660

cactttgcc acaatcggta ttatTTTTTg agccgttcct acataaatcg aattaatttt 720  
atacctacga atcatattgt tggaaatttc tctctgttac ttatactttc tgttatttcc 780  
taatttttct aactaaccaa gttagtcgtt agtttttatt cattccttta taaattatta 840  
gttatccatt tttaatcatc ttgaagtat ttgtttttcg agtggtagaa tatttatata 900  
ttttccaata tataatggtt tattcattct taaaaaacga aaaaaaagaa aaaaaaaaaa 960  
aaaa 964

<210> 147

5 <211> 5872

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 147

ES 2 660 018 T3

|  |      |
|--|------|
| gatcttacct gcctgaacga ggcgtccggt cttcacaaca tcaaggacag atattactcc  | 60   |
| ggattgattt atacgtattc gggactcttc tgctgggtgg tcaaccctta caagaaactg  | 120  |
| ccaatctaca cagagagaat catggagaaa tacaaggcg tcaaaagaca cgacctccct   | 180  |
| ccacacgtat tcgccatcac agacacagct taccgttcta tgctgcaaga tagggaagat  | 240  |
| caatcgatac tctgcaccgg cgaatcgggt gcggggaaaa ccgaaaacac gaaaaaagta  | 300  |
| atccagtact tggcctacgt tgcagcctcg aaaccctaat cttccgcctc cccacatacg  | 360  |
| gccagagtc aagctctgat cattggagaa ctgaaacaac agctgcttca agctaacca    | 420  |
| atthtgaag cattcggaaa cgccaagact gttaaaaacg ataattcttc tcgattcggg   | 480  |
| aaattcattc gtatcaattt cgacgcatca ggctacatcg caggagccaa catagaaacg  | 540  |
| tatcttctag agaaatctag ggccatcaga caagcgaaag atgagcgaac gttccacatc  | 600  |
| ttttaccaac ttctggccgg agcatctgca gaacaaagaa aggagttcat cctcgaagat  | 660  |
| ccgaaaaact accctttcct cagcagcggg atggtgtctg tgccctggagt tgacgatggt | 720  |
| gttgatttcc aagcaactat cgctccatg tccatcatgg gcatgaccaa cgacgatctt   | 780  |
| tccgctctct tccgcatcgt cagtgccgtc atgctgttcg gcagcatgca gttcaagcag  | 840  |
| gagcgaaaca gcgaccaggc gacgctccca gacaacactg tagcgcaaaa aatcgcccac  | 900  |
| ctccttggtc tctcaatcac agagatgacc aaagcgttcc tcaggcctag aatcaaagta  | 960  |
| ggacgggatt tcgtcaccaa ggctcaaact aaggaacaag ttgagttcgc agtgaagcc   | 1020 |
| atthcgaag cctgctacga acgtatgttc cgatggctcg tcaacagaat caaccgctcc   | 1080 |
| ctggatcgta ccaaaaggca gggagcatct ttcattggta ttottgatat ggctggtttc  | 1140 |
| gaaatcttg agatcaactc cttcgagcag ctttgtatca attacaccaa tgagaaactt   | 1200 |
| caacaactct tcaaccacac catgttcatt ttggagcaag aggagtacca gagagaaggt  | 1260 |
| attgaatgga agttcatcga cttcggactt gatcttcagc cgaccattga tctcattgat  | 1320 |

ES 2 660 018 T3

aagccaatgg gagtcatggc tctcctggat gaagaatggt ggttccccaa agccactgac 1380  
aagaccttcg ttgagaagct ggtcggtgct cacagcgttc accccaaatt catcaaaact 1440  
gatttccgtg gagtcgccga ctttgctgtc gtccattatg ccggaaaagt cgattattcg 1500  
gcggcgcagt ggctgatgaa gaacatggac cctctgaacg aaaacgtcgt gcagctcctc 1560  
cagaactcgc aagatccgtt cgtcatccac atctggaagc acgcagagat cgtcggcatg 1620  
gctcaccaag ctctcagcga cactcagttt ggagctcgta ccaggaaggg tatgttccga 1680  
accgtgtctc aactctacaa agaccagctg tccaaactca tgatcacact tcgcaacacg 1740  
aaccccaact tcgtccgttg catcctcccc aaccacgaga agagagctgg caagatcgat 1800  
gctcctttgg tgctggatca gctcagatgc aacgggtgtg tggaaagcat cagaatttgc 1860  
agacaaggtt tccccaatag aatcccattc caggaattcc ggcaaagata cgagctctta 1920  
actccaatg tcatcccaa agggttcatg gacggtaaaa aggcttgcca gaagatgatc 1980  
aacgtctcgc aactggaccc taatctctac agagttggtc agtccaagat attcttcaga 2040  
gctggagtct tagctcatct agaagaagag cgcgactata agattactga tctgatagcc 2100  
aatttccggg ctttctgtag gggatatctt gccgaagga actaccaaaa gcgtcttcag 2160  
cagctcaacg ccattcgtat tatccagcga aattgctcag cttacttgaa gttgaggaac 2220  
tggcaatggt ggccgctgta caccaaggtc aaacctctgc ttgaagtgc gaaacaagaa 2280  
gagaagctga cgcaaaagga agacgaactg aagcaggtcc gcgagaaact ggacaaccag 2340  
gtgaggtcca aggaagagta tgaaaagagg cttcaggacg ctttggagga gaaagctgct 2400  
ctggcagagc aacttcaggc agaagtagag ctgtgtgctg aagccgaaga aatgagagcc 2460  
aggctcgtg tgaggaagca agaactagag gaaattctcc acgatctaga agccagaata 2520  
gaggaagaag agcaacgaaa cacggtcctc atcaacgaaa agaagaagtt gacctcaac 2580  
atcgcgcacc tcgaagaaca actggaagag gaagaaggag ctcgacagaa actccaactc 2640  
gaaaaagtcc agatcgaagc tcggtgaag aaaatggaag aggacctcg cctggccgaa 2700  
gacaccaaca ccaaagtcgt aaaggagaag aaagtgttg aagagagggc tagtgacttg 2760  
gccagaccc tcgctgagga agaagaaaaa gctaacacc tcgcgaagct caagaccaag 2820  
cacgagacga cgatagcggg attggaagag aggttgctca aagacaatca gcagaggcag 2880  
gaaatggata ggaacaagag gaagatcgaa tcagaggtga atgatttgaa agaacaatt 2940  
aacgagaaga aggtccaagt agaggagctt cagttgcaac tcgggaagag ggaagaggaa 3000  
atcgtcaag ctctgatgag aattgacgag gaaggagcag gcaaagctca gactcaaaag 3060  
gctctcaggg aattggagtc tcagctggct gagctacaag aggatctaga ggctgaaaag 3120  
gccgctcgcg ccaaggccga aaagcagaag cgcgacctca acgaagaact cgagtccttc 3180

ES 2 660 018 T3

aagaatgaac ttcttgactc actggacacg acagcagctc aacaggaatt gaggaccaag 3240  
agagaacacg aactggcaac gctcaagaaa acattagaag aggaaacgca cattcacgaa 3300  
gtatctctca ccgaaatgag gcacaaacac actcaagaag tcgctgcaact caacgaacag 3360  
ttggagcaac tcaaaaaggc caaatctgca ctcgaaaaat cgaaagcaca acttgaaggg 3420  
gaagctgctg agctcgccaa cgaactggaa acagcaggaa cgagcaaggg cgagagttaa 3480  
aggaaacgga agcaggccga atcgtctctg caggagctct cgtcgcgact ctgggaaatg 3540  
gagagaacca aagccgagct ccaagagagg gtccagaaac tgtctgcaga agccgactct 3600  
gtcaatcagc agttggaagc agcggaaactg aaagcatcag cagccctcaa ggcactctgt 3660  
accttgaga ctacgctcca ggaggcgcaa gtgctcctgg aagaggaaac tcggcagaag 3720  
ctgtcgttga ccaccaaaact gaaaggcctc gaaagcgaag gagatgctct caaagagcaa 3780  
ctctacgaag aggacgaggg taggaagaac ctagaaaaac agatggcgat actcaatcaa 3840  
caagtagctg aaagcaagaa gaagtctgaa gaagaaacgg aaaaaataac tgaactcga 3900  
gaaagtgcga aaaaattgct caaagacata gaaattcttc aaaggcaagt cgaagaactt 3960  
caagttacca acgacaaatt agagaaaggc aagaagaagc tgcagtcaga actggaagac 4020  
ctcaccatcg acctggagtc tcagagaaca aaggtggtcg agctcgagaa gaaacaaaga 4080  
aatttcgaca aagttttggc cgaagaaaaa gcgttctcgc aacaaatcac gcacgagagg 4140  
gatcgggctg aaagagaagc ccgtgaaaag gaaactagag tactgtcgtc gacgcgagaa 4200  
ctcgtatgat tcatggagaa aatcgaggaa ctggagagaa gcaaacggca actccaggct 4260  
gaactagacg agctggtcaa caaccaaggc accaccgaca aaagcgtgca cgaattggaa 4320  
agggcgaaac gagttctgga gtcacaactt gcagagcaga aagcacaaaa tgaagagctt 4380  
gaagatgaac tccaaatgac ggaagacgcc aaattgaggc tcgaagtcaa catgcaagct 4440  
ctgagagctc aattcgaaag agatctacag ggcaaagaag agtcgggaga agaaaagagg 4500  
agaggattgc tgaaacagct gaggacatt gaggctgaac ttgaagacga gagaaaacaa 4560  
aggaccgctg ctgttgctc tagaaagaag attgaagcgg atttcaaaga tgtagaacag 4620  
caactggaaa tgcacactaa ggtaaaggaa gatcttcaga agcaactgaa gaaatgccag 4680  
gtccaactga aggacgcaat cagagacgcg gaagaggctc ggctcggctc ggaagagctg 4740  
caggctgccg ctaaagaggc cgaaaggaaag tggaagggtt tggaaacgga gctcattcaa 4800  
gtgcaagagg atttgatggc gagcgaaggc cagcggcggg cagcggaaagc cgaaagggat 4860  
gaagtcgttg aagaagccaa caagaatgtc aagagcttat cgaatcttct cgacgaaaag 4920  
aagaggctcg aagcccaatg ctcaggcctg gaagaggaac tcgaagaaga acttagcaac 4980  
aatgaggccc tccaagacaa agcggagaaa gcacaactca gcgttgagca acttaatgca 5040  
gaacttgctg ccgaacggag taatgtgcag aaacttgagg gaacgagatt gtcgatggaa 5100

ES 2 660 018 T3

aggcaaaaaca aggaactgaa ggccaaactg aacgaactgg aaacggttaca acgcaacaag 5160  
 ttcaaggcca atcgcgtctct ggaggctaag attaccaatc ttgaagagca actggaaaat 5220  
 gaagccaagg aaaagctact tctccagaaa ggcaacagga agctcgacaa gaaaatcaaa 5280  
 gacctcctcg ttcaattgga ggatgaaagg aggcattgccc accagtataa agaacaagtc 5340  
 gagaagatca acgtcagggg gaagacgcta aagcgaactt tggacgacgc cgaagaagaa 5400  
 atgagttagg agaagaccca gaagaggaaa gcacttcgcg aattggaaga cctcagggag 5460  
 aactacgatt ccctactccg agagaacgat aacctcaaaa acaaaactcag gcggggcggc 5520  
 ggtatttccg ggatctcgag caggctcggg ggctccaagc gaggttccat ccccggagag 5580  
 gattcccagg gtctcaacaa caccacagac gaatcagtcg atggtgacga tatctcgaat 5640  
 ccttaaacgc tacttggatt taccagccag catccaactt tccactgaag acgtctccca 5700  
 taaacgttga aagagacccc tcgaggaaga aaaaaaggct ctttaagaaa aactattctg 5760  
 cctttttcaa aactttgtac ttaaaagtac tttcgttaa caatgaaaga agaataaaaa 5820  
 tgtaaagtgt tcatttatac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 5872

<210> 148

<211> 325

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 148

aagaagatcc tggaggagat cattgcggag gtcgacgctg atggctctgg acaactgaa 60  
 tttgaggagt tcgtagcctt ggctgccggt ttctgacag aagatgagac acaagatgct 120  
 gaggccatgc agcaagaact gagggaggcc ttcaggctct acgacaagga agggaacggt 180  
 tacattacca ctgacgtctt gagggaaatc ctgaaggaac tcgacgacaa aatcacctcc 240  
 caagaacttg acatgatgat tgctgaaatt gattctgacg gttccggaac tgttgacttc 300  
 gacgagttca tggagatgat gaccg 325

<210> 149

<211> 428

10 <212> ADN

<213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 149

|   |     |
|---|-----|
| aattatcccc atcatgacca tcgcttgaa cgctttcgac cgggatcact cgggttccat  | 60  |
| cccgacggac atggtggccg acatcctcag actcatgggt caacccttca acaagaagat | 120 |
| tctcgatgaa ctcatcgaag aagttgacgc tgacaaatcg ggaaggctgg agtttgaaga | 180 |
| gttcatcacg ttggcagcca agttcattgt tgaggaagac gatgaagcca tgcagaaga  | 240 |
| gctgcgagaa gccttccgtc tctacgacaa agaaggtaat ggctacatcc cgacctcctg | 300 |
|   |     |
| cctcaaagaa atccttcatg aattggacga gcagctgacc aacgaggagc tggacatgat | 360 |
| catcgaggag atcgactctg acggatccgg aactgtcgac ttcgacgagt tcatggagat | 420 |
| gatgaccg  | 428 |

5 <210> 150

<211> 538

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 150

|   |     |
|---|-----|
| gcttctttta caaatcgac cacgccgact taattcattc cgggagggtt taaatthtat  | 60  |
| cgaagcagca tgggtcggat gaatgtgctg agcgatgctc tgaaaagcat caacaatgct | 120 |
| gagaagaggg gaaaaggca ggtgctcctg aggccttggt ccaaagtcatt cattaatctc | 180 |
| cttacagtga tgatgaagaa aggttatatc ggcgattcga aatagtaga tgatcacaga  | 240 |
| tctggtaaaa tcgtcgtcaa cctcaacggc agattgaaca aatgtggagt tatatcgccc | 300 |
| agattcgacg taccatcac acaaatcgaa aatggacga acaacctcct gccttcccga   | 360 |
| cagttcgggt atgtcgtact caccactagt ggagggatca tggatcacga agaagccagg | 420 |
| cgaaaacatc ttgggggtaa aatattagggt ttttctttt aataaaaaaa gacgagatgt | 480 |
| aaattaataa aactctttta cgtttcgcta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa   | 538 |

10

<210> 151

<211> 405

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

ES 2 660 018 T3

<400> 151

ccacgccgac ttaattcatt cccggagggt ttaaatttta tcgaagcagc atggtgcgga 60  
 tgaatgtgct gagcgatgct ctgaaaagca tcaacaatgc tgagaagagg ggcaaaaggc 120  
 aggtgctcct gaggccttgt tccaaagtca tcattaaatt ccttacagtg atgatgaaga 180  
 aaggttatat cggcgaattc gaaatagtag atgatcacag atctggtaaa atcgtcgtca 240  
 acctcaacgg cagattgaac aaatgtggag ttatatcgcc cagattcgac gtacccatca 300  
 cacaaatcga aaaatggacg aacaacctcc tgccttcccg acagttcggg tatgtcgtac 360  
 tcaccactag tggagggatc atggatcacg aagaagccag gcgaa 405

<210> 152

<211> 470

5 <212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 152

tgtcgatggc ggtcttaaca tccccattc caccaagagg ttccctgggt acgacagtga 60  
 gtctaaggaa ttcaacgctg aggtccacag gaagcacatt ttcggcattc acgtcgtga 120  
  
 ctacatgcgt cagctggctg aagaggatga cgatgcttac aagaagcagt tctcgcagta 180  
 tgtcaagaac ggagtcactg ctgacagcat tgaaagtatc tacaagaagg ctcacgaagc 240  
 aatccgagct gatccaactc gcaaacactc tgagaagaag gaagtcaaga agaagaggtg 300  
 gaaccgcgcc aagctttcct tgtctgaaag gaagaacacc atcaaccaa agaaggcaac 360  
 ttatctcaag aaagtggaag ctggagaaat cgaataagtt tttatattcc tgacattacc 420  
 10 cattaaggt ttcgttttaa cctaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 470

<210> 153

<211> 387

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

15 <400> 153

ES 2 660 018 T3

tgtcgatggc ggtcttaaca tccccattc caccaagagg ttccctgggt acgacagtga 60  
 gtctaaggaa ttcaacgctg aggtccacag gaagcacatt ttoggcattc acgtcgtga 120  
 ctacatgctg cagctggctg aagaggatga cgatgcttac aagaagcagt tctcgcagta 180  
 tgtcaagaac ggagtcaact ctgacagcat tgaaagtatc tacaagaagg ctcacgaagc 240  
 aatccgagct gatccaactc gcaaaccact tgagaagaag gaagtcaaga agaagaggtg 300  
 gaaccgcgcc aagctttcct tgtctgaaag gaagaacacc atcaaccaa aagaaggcaac 360  
 ttatctcaag aaagtggaag ctggaga 387

<210> 154

<211> 745

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 154

gtcctacgtg ttccggaaa aacgtgcatt tcgctaccc ctctgggtga tccgttttca 60  
 tagaaataat ccaaaatggc tccaagggg aataatatga ttccaatgg ccatttccac 120  
 aaggattggc agaggttcat caaacctgg ttcaaccagc ctgcccgcaa gttgaggagg 180  
 agaaacaaga ggttgagaa ggcccaacgg ctgcgcccc gccccgagg acctcttgc 240  
 cccgctgtca gatgtcccac cgtcaggtac cacaccaagc tacgacctgg acgtggcttc 300  
 accttggag aaatcaagag agccggtctg tgcaaaggat tcgctgatgc catcggaatc 360  
 gctgtcgacc ccagaagaag gaataaatcc atcgagtccc tccaactcaa tgtacagaga 420  
 ctcaaggagt acagggctaa gcttatcctc ttcccacaca agaatgcaa gaaactgaag 480  
 aagggagaag ctactgagga agagaggaag gtggccacc aacagcccct gccagttatg 540  
 cccatcaagc aaccagtcac caaattcaag gctcgcgtca ttacagacga tgagaagaaa 600  
 tactctgctt tcaccgccct ccgcaaggga cgagcagacc aaaggttggc cggtatccgt 660  
 gctaagcgcg caaaggaagc cgcagaaaac gccgaagacc cctctaaagc tcctaaaaaa 720

aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 745

10 <210> 155

<211> 527

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 155

```

aacgtgcatt tcgcgtagcc ctcggtgtga tccgttttca tagaaataat ccaaaatggc      60
tcccaagggg aataatatga ttcccaatgg ccatttccac aaggattggc agaggttcat      120
caaaacctgg ttcaaccagc ctgcccgcaa gttgaggagg agaaacaaga ggttggagaa      180
ggcccaacgg ctcgcgcccc gccccgaggg acctcttcgc cccgctgtca gatgtcccac      240
cgtcaggtac cacaccaagc tacgacctgg acgtggcttc accttgggaag aaatcaagag      300
agccggtctg tgcaaaggat tcgcgatgtc catcggaaac gctgtcgacc ccagaagaag      360
gaataaatcc atcgagtccc tccaactcaa tgtacagaga ctcaaggagt acagggctaa      420
gcttatcctc ttcccacaca agaatgcca gaaactgaag aagggagaag ctactgagga      480
agagaggaag gtggccacc aacagcccct gccagttatg cccatca      527

```

5 <210> 156

<211> 576

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 156

```

gccttattga acgtggtcga cagaaaactc ggtttctgag ctcatctcaa catggatata      60
gaagaaccgg ccgcgcccc tacggagccc tcggacgtca acaccgccct tcaagaggtc      120
ctcaaggccg cccttcaaca cggagtcgtc gtccacggta tccacgagtc cgccaaggcc      180
ctcgacaaga ggcaagcttt gttgtgctgc ctcgctgaga actgcgacga gccgatgtac      240
aagaagctgg tacaagccct ctgctcagag caccacatcc ccctcgtcaa agtagattcc      300
aataagaaac tcggogaatg gacgggcctt tgcaagatcg acaagaccgg caaatctagg      360
aaaatcgtcg gctgctcttg tgtcgtcatc aaggactggg gtgaggacac gccccacttg      420
gacctcctca aggactacat cagggacgtc ttctaagaag tttctcctca atttcctttt      480
tataatgatt taacaactga gaattaataa taaaaatggt aaattaaaca aaaaaatctc      540
aaaactgtaa aaaaaaagaa gaaaaaaaaa aaaaaa      576

```

10

<210> 157

<211> 442

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 157

ccttattgaa cgtgggctgac agaaaactcg gtttctgagc tcatctcaac atggatatcg 60

5

aagaaccggc cgcggcccct acggagccct cggacgtcaa cacggccctt caagaggtcc 120

tcaaggccgc ccttcaacac ggagtcgtcg tccacggtat ccacgagtcc gccaaaggccc 180

tcgacaagag gcaagctttg ttgtgcgtcc tcgctgagaa ctgctgagag ccgatgtaca 240

agaagctggt acaagccctc tgctcagagc accacatccc cctcgtcaaa gtagattcca 300

ataagaaact cggcgaatgg acgggccttt gcaagatcga caagaccggc aaatctagga 360

aaatcgtcgg ctgctcttgt gtcgtcatca aggactgggg tgaggacacg ccccacttgg 420

acctcctcaa ggactacatc ag 442

<210> 158

<211> 601

<212> ADN

10 <213> Lygus hesperus

<400> 158

ctttcatttg tatagtacgg acgggtagtt tagttgtgtc ggttcatcgt aattcatcgg 60

ctgaatcatg aagatgaata aattggtcac ttctctgagg aggaagaaca ggaagaggca 120

cttcaccgcc ccattcccaca tccgtagaaa gttgatgtcg gcaccactgt ccaaagaact 180

taggcagaag tacaacgtcc gaactatgcc tgtgaggaag gacgatgaag tccaggttgt 240

acgaggacac taaaaaggcc aacaggttgg caaagtctc caggtgtaca ggaagaagtt 300

cattatttac attgagcggg tccaaagaga aaaagccaat ggtgccagcg tttacgttgg 360

cattcaccoc tcaaagtgtg tgatcgtcaa attgaaggtc gacaaggata ggaaagaaat 420

ccttgacaga agatccaaag gacgtgactt ggcacttggc aaggacaagg gcaaatacac 480

cgaagacagt acgactgcta tggacacgtc ttaaattaat ttggtttatt tggttcctta 540

actccgttct tctttaataa tgactttttt aaagcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 600

a 601

<210> 159

<211> 448

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

5 <400> 159

gtacggacgg gtagtttagt tgtgtcggtt catcgtaatt catcggctga atcatgaaga 60  
 tgaataaatt ggtcacttcc tcgaggagga agaacaggaa gaggcacttc accgccccat 120  
 cccacatocg tagaaagttg atgtcggcac cactgtccaa agaacttagg cagaagtaca 180  
 acgtccgaac tatgcctgtg aggaaggacg atgaagtcca ggttgtacga ggacactaca 240  
 aaggccaaca ggttggcaaa gtcctccagg tgtacaggaa gaagttcatt atttacattg 300  
 agcgggatcca aagagaaaaa gccaatggtg ccagcgttta cgttggcatt caccctcaa 360

agtgtgtgat cgtcaaattg aaggtcgaca aggataggaa agaaatcctt gacagaagat 420  
 ccaaaggacg tgacttggca cttggcaa 448

<210> 160

10 <211> 456

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 160

ggctgtgtgc ggctggcat atcccgtttt ccacgtggtg tgtcagagta tttttcttgt 60  
 aaattcgc attaaaatcgg atttataacc gaaattcatt atggaaaagc cagtagtttt 120  
 ggcccgtgtc atcaaaatcc tcggacgtac cggctcacag ggccaatgta cgcaagtga 180  
 ggtggagttc attggtgagc agaaccgaca gatcatcagg aacgtgaaag gaccagttag 240  
 agaaggcgac atcctcacac toctagagtc tgaaagagaa gcgagaagac tgaggtagt 300  
 ggaggtggcg atgcgttacg ttattttact tcattcaaca tttgaaaaaa accatcttcg 360  
 tgacaaaaaa catcttcacg caactatttg tattacotat gtttcgtaaa taaagtaacc 420  
 tcgttactta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 456

ES 2 660 018 T3

<210> 161

<211> 321

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

5 <400> 161

|            |            |            |             |            |            |     |
|------------|------------|------------|-------------|------------|------------|-----|
| ctgttgtcgg | ctggtcatat | cccgttttcc | acgtggtgtg  | tcgagttatt | tttcttghaa | 60  |
| attcgcattt | aaaatcggat | ttataaccga | aattcattat  | ggaaaagcca | gtagttttgg | 120 |
| cccgtgtcat | caaaatcctc | ggacgtaccg | gctcacaggg  | ccaatgtacg | caagtgaagg | 180 |
| tggagttcat | tggtgagcag | aaccgacaga | tcatacaggaa | cgtgaaagga | ccagttagag | 240 |
| aaggcgacat | cctcacactc | ctagagtctg | aaagagaagc  | gagaagactg | aggtagtggg | 300 |
| aggtggcgat | gcgttacggt | a          |             |            |            | 321 |

<210> 162

<211> 865

<212> ADN

10 <213> *Lygus hesperus*

<400> 162

|            |             |            |            |            |            |     |
|------------|-------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| aatcccggat | tcatacgtttt | attgaattgt | ttttcgaagt | ttctggtatt | atcgtaaata | 60  |
| tagtctgtta | agccctcacc  | cgtgatttgg | caagttggtg | attgttctat | tttctttttt | 120 |
| ccagaaaatg | gggagacgtc  | cagcgaggtg | ttatcggtag | tgtaaaaaca | agccataccc | 180 |
| ccaaatcccg | gttctgtcgt  | ggtgtccccg | acccaagat  | caggatcttc | gatctgggaa | 240 |
| agaagaaggg | ccgcgtggaa  | gacttcccc  | tctgcgttca | cctcgtctcc | gatgagtacc | 300 |

ES 2 660 018 T3

agcagctgtc ctccgaagcc ctcgaggcag gacgtatctg ctgcaacaag tacctcgtca 360  
 agaactgctg caaggaccag ttccacatca ggatgaggct ccacccttc cacgtcatta 420  
 ggatcaacaa aatgttatcg tgcgctggag ctgataggct ccagacaggg atgagaggag 480  
 cgttcggaaa gccgcaagga accgtcgtc gcgtccgcat cggtcagccc atcatgagcg 540  
 tccgctcgtc cgacaggtac aaggccgctg tcatcaaggc tctgaggaga gccaaattca 600  
 agttccctgg tcgccagaag atctacgttt ccaagaaatg gggcttcacc aagttcgacc 660  
 gcgaagagta cgagggcctt aggaacgaca acaaactagc gaatgacggc tgcaacgtca 720  
 aattgaggcc ggatcacgga cctttgcagg cgtggaggaa ggctcagctt gacatcgtg 780  
 ctggcctcta aattactttc caatggtttt ataaatcaac aaataaaaact cgttttatgt 840  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 865

<210> 163

<211> 792

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 163

ggttcctttc tcagatthttg actttgccgt gttgtctctc ccaatthttc aaaatgggga 60  
 gacgtccagc gaggtgttat cggactgtta aaaacaagcc ataccctaaa tcccgtttct 120  
 gtcgtggtgt ccccgacccc aagatcagga tcttcgatct gggaaagaag aaggcccgcg 180  
 tggaaagactt ccccctctgc gttcacctcg tctccgatga gtacgagcag ctgtcctccg 240  
 aagccctcga ggcaggacgt atctgctgca acaagtacct cgtcaagaac tgcggcaagg 300  
 accagttcca catcaggatg aggctccacc ccttccacgt cattaggatc aacaaaatgt 360  
 tatcgtgcgc tggagctgat aggctccaga cagggatgag aggagcattc ggaaagccgc 420  
 aaggaaccgt cgtcgcgctc cgcacggctc agccatcat gagcgtccgc tcgtccgaca 480  
 ggtacaaggc cgcctcctc gaggctctga ggagagccaa attcaagttc octggtcggc 540  
 agaagatcta cgtttccaag aaatggggct tcaccaagtt cgaccgcgaa gagtacgagg 600  
 gccttaggaa cgacaacaaa ctagcgaatg gcggctgcaa cgtcaaattg aggccggatc 660  
 acggaccttt gcaggcgtgg aggaaggctc agcttgacat cgtcgtctggc ctctaaatta 720  
 ctttccaatg gttttataaa tcaacaaata aaactcgttt tatctaaaaa aaaaaaaaaa 780  
 aaaaaaaaaa aa 792

<210> 164

<211> 645

ES 2 660 018 T3

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 164

agccctcacc cgtgatttgg caagttgttg attgttctat tttccttttt ccagaaaatg 60

5

gggagacgtc cagcgagggtg ttatcggtag tgtaaaaaca agccataccc ccaaaccg 120

gttctgtcgt ggtgtccccg accccaagat caggatcttc gatctgggaa agaagaaggc 180

ccgcgtggaa gacttcccc tctgcgttca cctcgtctcc gatgagtacg agcagctgtc 240

ctccgaagcc ctcgaggcag gacgtatctg ctgcaacaag tacctcgtca agaactgogg 300

caaggaccag ttccacatca ggatgaggct ccacccttc cacgtcatta ggatcaacaa 360

aatgttatcg tgcgctggag ctgataggct ccagacaggg atgagaggag cgttcggaaa 420

gccgcaagga accgtcgttc gcgtccgat cggtcagccc atcatgagcg tccgctcgtc 480

cgacaggtac aaggccgccg tcatcaaggc tctgaggaga gccaaattca agttccctgg 540

tgcgccagaag atctacgttt ccaagaaatg gggcttcacc aagttcgacc gcgaagagta 600

cgagggcctt aggaacgaca acaaactagc gaatgacggc tgcaa 645

<210> 165

<211> 619

<212> ADN

10 <213> Lygus hesperus

<400> 165

ES 2 660 018 T3

gctttaccga ttccggttctt gtttagtcca cgtttctctg ctcattcgtg cagattttaa 60  
 aacatgacca actccaaagg ttatcgtcgc ggaacgaggg atctcttctc gaggcccttc 120  
 cgtcaccatg gtgtoatccc actctcaacg tacatgaaag tataccgagt aggagacatc 180  
 gtatctatca aaggtaatgg agcagtgcaa aaaggtatgc cccacaaagt ttaccacggc 240  
 aagaccggac gagtctacaa tgttacacct cgcgcccttg gtgttattgt caacaagagg 300  
 gttcgtggaa aaatccttcc caagaggatc aacatcagga ttgaacacgt caaccacagt 360  
 aaatgcagag aagatttctt gaagcgagtg cgagaaaatg aaaggctccg caaatcggc 420  
 aaagaaactg gcaccagggg tgaactcaaa agacagcctg ctcagccacg ccctgcacac 480  
 tttgtacaag ctaaagaagt cccagagctg ctggcccca taccttacga gttcatcgct 540  
 taaaaaat tcaattccat cttaacttta tatatttgaa taaaattgtg ttctcaaaaa 600  
 aaaaaaaaa aaaaaaaaa 619

<210> 166

<211> 461

<212> ADN

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 166

acgtttctct gctcattcgt gcagatttta aaacatgacc aactccaaag gttatcgtcg 60  
 cggaaacgagg gatctcttct cgaggccctt ccgtcaccat ggtgtcatcc cactctcaac 120  
 gtacatgaaa gtataccgag taggagacat cgtatctatc aaaggtaatg gagcagtgca 180  
  
 aaaaggtatg cccacaaag tttaccacgg caagaccgga cgagtctaca atggttacacc 240  
 tcgcgccctt ggtgttattg tcaacaagag ggttcgtgga aaaatccttc ccaagaggat 300  
 caacatcagg attgaacacg tcaaccacag taaatgcaga gaagatttct tgaagcgagt 360  
 gcgagaaaat gaaaggctcc gcaaattcgc caaagaaact ggcaccaggg ttgaactcaa 420  
 aagacagcct gctcagccac gccctgcaca ctttgtacaa g 461

10 <210> 167

<211> 481

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

ES 2 660 018 T3

<400> 167

caacgtacat gaaagtatac cgagtaggag acatcgtatc tatcaaaggt aatggagcag 60  
 tgcaaaaagg tatgccccac aaagtttacc acggcaagac cggacgagtc tataatgtta 120  
 cacctcgcgc ccttgggtgtt attgtcaaca agagggttcg tggaaaaatc cttccaaga 180  
 ggatcaacat caggattgaa cacgtcaacc acagtaaagc cagagaagat ttcttgaagc 240  
 gagtgcgaga aatgagagg ctccgcaaat tcgccaaga aactggcacc agggttgaac 300  
 tcaaaagaca gcctgctcag ccacgccctg cacactttgt acaagctaaa gaagtcccag 360  
 agctgctggc ccccatacct tacgagttca tcgcttaaac aattttcaat tccatcttaa 420  
 ctttatatat ttgaataaaa ttgtgttccc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 480  
 a 481

<210> 168

<211> 747

5 <212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 168

gcataaatat atagggcgat tgatttagcg gccgcgaatt cgccttaag cagtgtatc 60  
 aacgcagagg ggggtcttc totcccgtt ttcttcttgc ccgaatcgtc catcctgatg 120  
 ttggggtcac tgtcaccacg accatacccc aatttggggt atggcttggg tgtcccctac 180  
 ccataaatcc tgattggaca tctcccatt atgaaagact gcgagaaaca cccctgcccc 240  
 cggctttaa cccacggcta aggggggatt cgcggcggc aaatttcatt cggcccatag 300  
 tgagtctgat tacaattcac tgggcgtcct ttttacacct tcggaccggg aaaaacctgg 360  
 cggttacca aatccgtta tttgccacat ccccctttac tccactgggt tatataacaa 420  
 agagggccct tccaatgtcc tttcccaaaa gtgcgcagcc ctataactaat ggctttaa 480  
 ggaacccta ttaaaaaaaaa aaccctaac cacaggttgg tgatgtaacc aaggaaaata 540  
 atgaacacac cgggccaag aaggtgatac ccctggtcct ggcgaccgcc tgtcaaatct 600  
 tcctcccga acgaaaccg tagtgcatc gaggaataac cttgcgcatc atagactcca 660  
  
 aatggccact gtggccgctc tcgattcatg gaagaaatga gatgaccct accccgcgca 720  
 10 aaaggattca gaaccaatac cagaatc 747

<210> 169

<211> 1052

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<220>

5 <221> misc\_feature

<222> (662)..(665)

<223> n is a, c, g, or t

<400> 169

```

ggttttcttc ttgccgaat cgtccatcct gatggtgggg tcaactgtcac cacgaccata      60
ccccaatttg gggataggct tggttgtccc ctaccataa atcctgattg gacatctccc      120
cattatgaaa gactgcgaga aacaccctg cccccggctt taaaccacg gctaaggggg      180
gattcgcggg cggcaaattt cattcggccc atagtgagtc gtattacaat tcaactggcg      240
tcctttttac accttcggac cgggaaaaac ctggcgggta cccaaaatcc gttatttgcc      300
acatccccct ttactccact gggttatata acaaagaggc cccttccaat gtcctttccc      360
aaaagtgcgc agccctatac taatggcctt taaaggaacc cctattaana aaaaaaccct      420
taaccacagg ttggtgatgt aaccaaggaa aataatgaac acaccgggcc aaagaagggtg      480
ataccctggg tcttggcgac cgcctgtcaa atcttctccc cggaacgaaa ccgtagtgg      540
catcgaggaa taaccttgcg catcatagac tccaaatggc cactgtggcc gctctcgatt      600
catggaagaa atgagatgac ccctaccctg cgcaaaagga ttcagaacca ataccagaat      660
cnnnntagca aaacggctat ttcccggttc tttgtcggat tcttttgcca gggccatgcc      720
ttttcccgga atggaaggcg ggctgtttga gaaacgcatt aaatgggatt agtccattca      780
taggccaccc aaggaaacca cttaatttc gggttggtag gttgagagaa atggtgaggg      840
gtaacaattt tacaccggga accgtttatg ccagaatta cccagcttc gaattaacct      900
cccctaaagg gtagatgttc gccggggtta aagaaattcg ccttaaacca gtgttttaaa      960
gcaggagaca gaagtgtttc tcgcaagctt tcaaaatggg gagatgtcca atcaggattt     1020
atgggtaggg tacaaccaag ccgaacccca aa                                1052

```

10 <210> 170

<211> 555

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 170

tagcaaaaacg gctatttccc ggttctttgt cggattcttt tgccagggcc atgccttttc 60

5

ccggaatgga aggcgggctg tttgagaaac gcattaaatg ggattagtcc attcataggg 120

cacccaagga aaccacttta atttcgggtt ggtaggttga gagaaatggt gaggggtaac 180

aattttacac cgggaaccgt ttatgccag aattaccca gcttcgaatt aacccccct 240

aaaggggata gttcogccgg gttaaaagaa attcgcctta aaccagtgtt ttaaagcagg 300

agacagaagt gtttctcgca agctttcaa atggggagat gtccaatcag gatttatggg 360

tagggtaaca ccaagccgaa ccccaaatcc ctgttctgtc gtggtgacag tgacccaag 420

atctggatgt tcgttttggg aaagaagaaa accgggaggg accacttcct cctctcggtt 480

gataccactg ctaagggcg aattcggtta aacctgcagg actagtcct tagtgagggt 540

aatctagcag ccac 555

<210> 171

<211> 1052

<212> ADN

10 <213> Lygus hesperus

<220>

<221> misc\_feature

<222> (662)..(665)

<223> n is a, c, g, or t

15 <400> 171

ES 2 660 018 T3

|   |      |
|---|------|
| ggttttcttc ttgccgaat cgtccatcct gatgttgggg tcaactgtcac cacgaccata | 60   |
| ccccaatttg gggataggct tggttgtccc ctaccataa atcctgattg gacatctccc  | 120  |
| cattatgaaa gactgcgaga aacaccctg cccccggctt taaaccacg gctaaggggg   | 180  |
| gattcgcggg cggcaaattt cattcggccc atagtgagtc gtattacaat tcaactgggg | 240  |
| tcctttttac accttcggac cgggaaaaac ctggcggtta cccaaaatcc gttatttgcc | 300  |
| acatccccct ttactccact gggttatata acaaagaggc cccttccaat gtcctttccc | 360  |
| aaaagtggc agccctatac taatggcctt taaaggaacc cctattaaa aaaaaacct    | 420  |
| taaccacagg ttggtgatgt aaccaaggaa aataatgaac acaccgggcc aaagaaggtg | 480  |
| ataccctgg tcttggcgac cgcctgtcaa atcttctccc cggaacgaaa cccgtagtgg  | 540  |
| catcgaggaa taaccttgcg catcatagac tccaaatggc cactgtggcc gctctcgatt | 600  |
| catggaagaa atgagatgac ccctaccccg cgcaaaagga ttcagaacca ataccagaat | 660  |
| cnnnntagca aaacggctat ttcccgttc tttgtcggat tcttttgcca gggccatgcc  | 720  |
| ttttcccga atggaaggcg ggctgtttga gaaacgcatt aaatgggatt agtccattca  | 780  |
| taggccaccc aaggaaacca cttaatttc gggttggtag gttgagagaa atggtgaggg  | 840  |
| gtacaattt tacaccggga accgtttatg cccagaatta cccagcttc gaattaacct   | 900  |
| cccctaaagg ggatagtcc gccgggtaa aagaaattcg ccttaaacca gtgttttaa    | 960  |
| <br>  |      |
| gcaggagaca gaagtgttc tcgcaagctt tcaaaatggg gagatgtcca atcaggattt  | 1020 |
| atgggtaggg tacaaccaag ccgaacccca aa                               | 1052 |

<210> 172

5 <211> 1175

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 172

ES 2 660 018 T3

ctcagcgaga tcctaagac aacgcctgcc acgtgggaga atatcggaca cgcctcccca 60  
gagtgcggaa aggggaacgg cgttccgtat cggtaagggt gcaagcttcg gaaccggagg 120  
acgaccgttg caaggtgcaa ggggcaggta tcttgatattt tcattgtgog tgtcgacatc 180  
taccaaaactg agacttgag ttcgatattt tgacgatggg gccggggggcc ggaggcaaaa 240  
cgacaaacac aggcaccgtg accgtgttcc ggtccctggc ctgogttgcc ttacgttcac 300  
atcttgttct tgcgctttct ctggttttac gataacccta ctacgagttt agtagagccg 360  
atcccgtagc cgaagccaaa gcccaagcgc tccgtatccg agaacgcgga agagcacgaa 420  
ctccccaaac ccctccgcc ctccccgcg cgtatccgaa acacaaatgc agcgggcagt 480  
acaggttttg gaaggggacg cgggcagtga gcgcaatgca agtaaagtgt attagctcat 540  
ggctacgcag ccctgctttt tcagtttcgg ttcggatcgt taggggggtgt gggattggga 600  
gcggttcaa tctggacag aaacagctat gaccaaggtc acgccaagct ctgaattaac 660  
cctcaggaaa gggactagtc cggcaggtg aaacgaactc gccctaagc agtggatca 720  
gagcacagtg gttttttttt tttgtttttt ttcgtagaaa aaaatatgta ttaagtcaat 780  
taattaaatc attggttttc tggcttcaca acaggtggca cgtgctgtgc tcggagaaat 840  
ttatgaacta tgttctgttc ttcaatgagg aaagatgaga tgatccattc tcagacacat 900  
tcagacagag gacaccaccg taagccctat ccacagtctg tccacgtaag gggatcgtgt 960  
ccccttccat gggcagagca gggagagggc cgtaagcttg ttcttgctgc atcaacatgt 1020  
gggggtaatg ttggtcatag cgatgttcgg tacacaagag aaccacctgg tgtaatcatt 1080  
acagcacagc aatactctgt gttttgtaag ataacaaaa aggtacttaa gacgctgaac 1140  
cattttctac gatcggaaaa caaaaaaaaa gaaaa 1175

<210> 173

<211> 1023

<212> ADN

5 <213> Lygus hesperus

<400> 173

tcagcgagat ccctaagaca acgcctgcc cgtgggagaa tatcggacac gcctccccag 60  
agtgcggaaa ggggaacggc gttccgtatc ggtcaagggt caagcttcg aaccggagga 120  
cgaccgttgc aaggtgcaag gggcaggtat cttgtatattt cattgtgcgt gtcgacatct 180

ES 2 660 018 T3

accaaaactga gacttggagt tcgatatttt gacgatgggg ccgggggccc gaggcaaaac 240  
 gacaaacaca ggcaccgtga ccgtgttccg gtccctggcc tgcgttgccct tacgttcaca 300  
 tcttgttctt gcgctttctc tggttttacg ataaccctac tacgagtta gtagagccga 360  
 tcccgtagcc gaagccaaag cccaagcgt ccgtatccga gaacgcggaa gagcacgaac 420  
 tccccaaacc cctccgcccc tccccgcgc gtatccgaaa cacaaatgca gcgggcagta 480  
 caggttttgg aaggggacgc gggcagtgag cgcaatgcaa gtaaagtga ttagctcatg 540  
 gctacgcagc cctgcttttt cagtttcggt tcggatcgtt aggggggtgtg ggattgggag 600  
 cggattcaat ctggacagga aacagctatg accaaggtca cgccaagctc tgaattaacc 660  
 ctcaggaaag ggactagtcc ggcaggtga aacgaactcg cccctaagca gtggtatcag 720  
 agcacagtgg tttttttttt ttgttttttt tcgtagaaaa aatatgtat taagtcaatt 780  
 aattaaatca ttggttttct ggcttcacaa caggtggcac gtgctgtgct cggagaaatt 840  
 tatgaactat gttctgttct tcaatgagga aagatgagat gatccattct cagacacatt 900  
 cagacagagg acaccaccgt aagccctatc cacagtctgt ccacgtaagg ggatcgtgct 960  
 cccttccatg ggcagagcag ggagagggcc gtaagcttgt tcttgctca tcaacatgtg 1020  
 ggg 1023

<210> 174

<211> 454

<212> ADN

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 174  
 ccaagaaggc caagaagggg tttatgacct ctgagaggaa gaagaaactt aggttattgc 60  
 tgagaaagaa agcagcagaa gaactgaaaa aagaacaaga acgcaaagct gccgaaagga 120  
 gacgtattat tgaagagaga tgcggaaaac caaaactcat tgatgaggca aatgaagagc 180  
 aggtgaggaa ctattgcaag ttatatcacg gtagaatagc taaactggag gaccagaaat 240  
 ttgatttggga ataccttgtc aaaaagaaag acatggagat cgccgaattg aacagtcaag 300  
 tcaacgacct caggggtaaa ttcgtcaaac ccactctcaa gaaagtatcc aaatacgaga 360  
 acaaatttgc taaactccaa aagaaagcag cagaattcaa tttccgtaat caactgaaag 420  
 ttgtaaagaa gaaggagttc accctggagg agga 454

<210> 175

<211> 431

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 175

ggtttatgac ccctgagagg aagaagaac ttaggttatt gctgagaaag aaagcagcag 60

5

aagaactgaa aaaagaaca gaacgcaaag ctgccgaaag gagacgtatt attgaagaga 120

gatgocgaaa accaaaactc attgatgagg caaatgaaga gcaggtgag aactattgca 180

agttatatca cggtagaata gctaaactgg aggaccagaa atttgatttg gaataccttg 240

tcaaaaagaa agacatggag atcgccgaat tgaacagtca agtcaacgac ctcaggggta 300

aattcgtcaa acccactctc aagaaagtat ccaaatacga gaacaaattt gctaaactcc 360

aaaagaaagc agcagaattc aatttccgta atcaactgaa agttgtaaag aagaaggagt 420

tcaccctgga g 431

<210> 176

<211> 888

<212> ADN

10 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 176

ES 2 660 018 T3

agcagtggtgta tcaacgcaga gtacgcgggg acatcgagga gaagaggcaa cgcctcgaag 60  
 aggctgaaaa gaaacgccag gccatgatgc aggcctcaa ggaccagaac aagaacaagg 120  
 ggcccaactt caccatcacc aagagggatg cttcatctaa cctttctgcc gctcagttgg 180  
 aacgcaacaa gaccaaggag caactcgagg aagagaagaa aatttcctt tccatccgca 240  
 tcaagccctt ggtcgttgat ggtctgggag tagataaact ccgtctgaaa gcacaagaac 300  
 tttgggaatg catcgtcaag ttggagactg aaaagtacga cttggaagag aggcagaaac 360  
 gtcaagacta cgatctcaaa gagctgaaag aaagacagaa acaacagctg agacacaaaag 420  
 ccttgaagaa gggcttagac ccagaagccc taaccggcaa ataccgcctt aaaatccaag 480  
 tagcctccaa atatgaacgt cgtggtgaca cgaggctgta tggagacaaa aagaagctat 540  
 tcgaaggggg attagaagaa atcattaag agaccaatga aaagagctgg aaagagaat 600  
 ttggacagtt cgattccaga caaaaggcaa gacttcccaa gtggttcggt gaacgtcctg 660  
 gcaaaaaacc tggagatccc gaaactccag aaggcgagga ggagggcaaa caagtcattg 720  
 atgaggatga cgacctcaag gagcctgtaa tcgaagctga aattgaagaa gaggaggaag 780  
 aagaggaagt cgaggctgat gaagaagaag aggatgacga agaagaagaa gaagaagagt 840  
 gaatgccaaa ggcaagaagat aatcatgaaa tcaacattag ataacgtc 888

<210> 177

<211> 404

<212> ADN

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 177

caaggaccag aacaagaaca aggggcccaa cttcaccatc accaagaggg atgcttcac 60  
 taacctttct gccgctcagt tggaacgcaa caagaccaag gagcaactcg aggaagagaa 120  
 gaaaatttcc ctttccatcc gcatcaagcc cttggtcgtt gatggtctgg gcgtagataa 180  
  
 actccgtctg aaagcacaag aactttggga atgcatcgtc aagttggaga ctgaaaagta 240  
 cgacttggaag gagaggcaga aacgtcaaga ctacgatctc aaagagctga aagaaagaca 300  
 gaaacaacag ctgagacaca aagccttgaag gaaggtcta gaccagaag ccctaaccgg 360  
 caaatacccg cctaaaatcc aagtagcctc caaatatgaa cgtc 404

10 <210> 178

<211> 1155

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 178

```

gctcttcaga atgaacttga agaatctcgt aactgttgg aacaagctga ccgtgcccg      60
cgccaagcag aacaagaatt gggagatgct cacgaacaat tgaatgatct tgggtcacag      120
aatggttctc tgtctgccgc caagaggaaa ctggaaactg aactccaaac tctccattcc      180
gatcttgatg aacttctcaa tgaagccaag aactctgagg agaaggctaa gaaagccatg      240
gtcgatgcag ctcgtcttgc agatgaactg agagcagaac aagatcatgc acaaactcag      300
gagaaacttc gtaaagcctt agaatcacia atcaaggacc ttcaagttcg tctcgcagag      360
gctgaagcta acgccctcaa aggaggtgaa aaagcaatcg cttaaacttga acaacgcgctc      420
agggaattgg agaatgagtt agatggtgaa caaagacgac acgccgatgc tcaaaagaat      480
ttgagaaagt cgaacgtcgc catcaaggag ctcagcctcc aagctgaaga agaccgtaag      540
aaccacgaaa aatgcaaga cttagtcgac aaacttcaac agaaaatcaa gaccacaag      600
aggcaaatag aagaagctga agaaatagcg gctctcaatt tggccaaatt ccgtaaagca      660
caacaggaat tgaagaagc agaagagcgt gcagaccttg ctgaacaagc aattgtcaaa      720
ttccgtacca agggacgttc tggatcagca gctaggggag ccagccctgc gcctcagcga      780
cagcgtccca cattoggaat gggagattca cttggagggtg ccttccctcc aaggttcgat      840
cttgcaacctg actttgaatg aatctgacat tgtgttataa gtgtaagggtg aacattctat      900
cgcagtgtaa atatcatccc aatgcgaatc aattctacat tcagtttaag tcattctatc      960
tctcaaaata ataatagtggt catccattct cactatcaaa tcaagacaag agatgatgat     1020
cagagaacac gtatcacatc tacagcaaac cctcagtcct cggcatctct gataatattt     1080
tcaattatcg agattgatga tatcgggtgt tgaatgctga tgaatagaag gcgccctatg     1140
gaaataagag agaag                                           1155

```

5 <210> 179

<211> 523

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 179

ES 2 660 018 T3

gaatctcgta cactgttgga acaagctgac cgtgcccgtc gccaaagcaga acaagaattg 60  
 ggagatgctc acgaacaatt gaatgatctt ggtgcacaga atggttctct gtctgccgcc 120  
 aagaggaaac tggaaactga actccaaact ctccattccg atcttgatga acttctcaat 180  
 gaagccaaga actctgagga gaaggctaag aaagccatgg tcgatgcagc tcgtcttgca 240  
 gatgaactga gagcagaaca agatcatgca caaactcagg agaaacttcg taaagcctta 300  
 gaatcacaaa tcaaggacct tcaagttcgt ctgcagcagg ctgaagctaa cgccctcaaa 360  
 ggaggtgaaga aagcaatcgc taaacttgaa caacgcgtca gggaattgga gaatgagtta 420  
 gatggtgaac aaagacgaca cgccgatgct caaaagaatt tgagaaagtc cgaacgtcgc 480  
 atcaaggagc tcagcctcca agctgaagaa gaccgtaaga acc 523

<210> 180

<211> 865

<212> ADN

5 <213> nilaparvata lugens

<400> 180

ctaggagtat ctctacgta attcgggtgct tgagccaact gcagctactc acttttttcc 60  
 aggttcagtg gttagggacgc aaacacagct aaaaatggcgg acgatgagc aaagaaggca 120  
 aagcaggcgg aaatcgaccg caagagagcc gaggtccgca agcggatgga ggaagcctcc 180  
 aaggccaaga aggccaagaa aggtttcatg acgcctgaca gaaagaagaa gctcaggttg 240  
 ttgctgagga aaaaggctgc tgaggaattg aagaaggaac aggagaggaa agccgcggaa 300  
 aggagaagga tcatcgagga gaggtgtggc aaggctgttg atctcgatga cggaaagtga 360  
 gagaaagtca aggcaacttt aaaaacctat cacgacagaa ttggaaaatt ggaggatgaa 420  
 aaatttgacc tggaaatatat tgtaaaaaag aaagacttcg agatcgctga cctcaacagc 480  
 caggtgaatg acctccgtgg taaatttgtc aagccaacct tgaaaaaagt ctccaaatat 540  
 gagaacaaat tcgccaaagct ccagaagaaa gcagctgaat tcaatttcag aatcagctc 600  
 aaagttgtca agaagaagga attcaccttg gaagaagaag acaaggagcc gaagaaatcg 660  
 gagaaagccg aatggcagaa gaaatgaact cacatcacct cttcataata ttgtcccaca 720  
 cttctacaac cttcatcaaa taacttttat tcgagtaaac ttactgttac taacaaaatt 780  
 acaaaaccaa actcttatca tcaacgtagg caatgtgctc aacttatttc ttaaacatat 840  
 tgtccagcta tttattgaaa ttaaa 865

<210> 181

<211> 269

ES 2 660 018 T3

<212> ADN

<213> nilaparvata

<400> 181

aagaagaagc tcaggttggt gctgaggaaa aaggctgctg aggaattgaa gaaggaacag 60

5

gagaggaaag ccgcggaag gagaaggatc atcgaggaga ggtgtggcaa ggctgttgat 120

ctcgatgacg gaagtgaaga gaaagtcaag gcaactttaa aaacctatca cgacagaatt 180

ggaaaattgg aggatgaaaa atttgacctg gaatatattg taaaaaagaa agacttcgag 240

atcgctgacc tcaacagcca ggtgaatga 269

<210> 182

<211> 553

<212> ADN

10 <213> nilaparvata

<400> 182

aatgatggcg gctctcaagg accagagcaa atcgaagga cccaacttca ccgtaaacia 60

gaaaacagac ttgaacatga cgtcagctca aatggaaagg aacaagacta aggagcagct 120

ggaggaggag aagaagatct ctctgtcgtt ccgcatcaag ccggttgcca tcgagaacat 180

gagcatcaac gcaactgcgcg ccaaggccca ggaactgtgg gactgcatcg tcaagctoga 240

aactgagaag tacgatctgg aggaacgcca gaagaggcag gactacgatc tcaaagaatt 300

gaaagaaaga caaaagcaac agctgaggca taaagccctc aaaaaggtc tagaccctga 360

ggctctcaca ggaaagtacc caccaaaaat ccaagttgcc tccaaatatg aaagacgtgt 420

agatacaagg tcatacgacg acaagaagaa gctcttcgaa ggtggctggg acacattaac 480

atcagaacc aatgagaaaa tatggaagag cagaacgat cagttttcaa atcgtagcaa 540

ggctaaactg cca 553

<210> 183

<211> 470

ES 2 660 018 T3

<212> ADN

<213> nilaparvata

<400> 183

|  |     |
|--|-----|
| atgatggcgg ctctcaagga ccagagcaaa tcgaaaggac ccaacttcac cgtaaacaag  | 60  |
| aaaacagact tgaacatgac gtcagctcaa atggaagga acaagactaa ggagcagctg   | 120 |
| gaggaggaga agaagatctc tctgtcgttc cgcatcaagc cgttggccat cgagaacatg  | 180 |
| agcatcaacg cactgcgcg ccaaggcccag gaactgtggg actgcatcgt caagctcgaa  | 240 |
| actgagaagt acgatctgga ggaacgccag aagaggcagg actacgatct caaagaattg  | 300 |
| aaagaaagac aaaagcaaca gctgaggcat aaagccctca aaaaaggctct agaccctgag | 360 |
| gctctcacag gaaagtacct accaaaaatc caagttgcct ccaaatatga aagacgtgta  | 420 |
| gatacaaggt catacgacga caagaagaag ctcttogaag gtggctggga             | 470 |

5 <210> 184

<211> 367

<212> ADN

<213> nilaparvata

<400> 184

|   |     |
|---|-----|
| tgccttcgac cgtgaaaggt ctggaagtat cccaacagac atggtcgccg acatcctcag | 60  |
| gctcatggga cagcctttca acaagaagat cctcgacgaa ctcatcgagg aagttgatgc | 120 |
| tgacaaatct ggccgtcttg agtttgacga attcgtgact ctggccgcca aattcattgt | 180 |
| tgaggaagac gatgaggcaa tgcagaagga attgaaggaa gctttcagat tatacgacaa | 240 |
| ggaaggtaac ggctacatcc ccacatcatg tctgaaggaa atcttaaggg aacttgacga | 300 |
| tcagctgaca aacgaggaac tcaacatgat gattgatgag atcgactctg acggatcagg | 360 |
| aactggt   | 367 |

10

<210> 185

<211> 204

<212> ADN

<213> nilaparvata

ES 2 660 018 T3

<400> 185

acatcctcag gctcatggga cagcctttca acaagaagat cctcgacgaa cttattgagg 60  
 aggttgatgc tgacaagtct ggccgtctag agtttgacga attcgtgact ctggccgcca 120  
 aattcattgt tgaggaagac gatgaggcaa tgcagaagga attgaaggaa gctttcagat 180  
 tatacgacaa ggaaggtaac ggct 204

<210> 186

<211> 221

5 <212> ADN

<213> nilaparvata

<400> 186

cgtaaaaact ctgaccggca agaccatcac cttggaagtg gagccttccg ataccattga 60  
 aaacgtgaag gccaaagatcc aagacaagga ggaattcct cccgaccagc agagacttat 120  
 cttcgtgga aagcaactgg aggatggcag aaccctgtcc gactacaaca tccaaaaaga 180  
 atctacactc cacttgggtc tcagacttcg tgggtggaact a 221

<210> 187

10 <211> 221

<212> ADN

<213> nilaparvata

<400> 187

cgtaaaaact ctgaccggca agaccatcac cttggaagtg gagccttccg ataccattga 60  
 aaacgtgaag gccaaagatcc aagacaagga ggaattcct cccgaccagc agagacttat 120  
 cttcgtgga aagcaactgg aggatggcag aaccctgtcc gactacaaca tccaaaaaga 180  
 atctacactc cacttgggtc tcagacttcg tgggtggaact a 221

15 <210> 188

<211> 759

<212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 188

```

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa      60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc      120
ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag      180
aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcggacaa      240
ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg      300
aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa      360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa      420
ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa aacaaattcg caaaactcca aaagaaagcg      480
gcgagattca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa      540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa      600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc      660
gaatcggtcg cggcgatctt aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata      720
ctcgaaccag aaccctggtt tgaaccgaa ccagaacca      759

```

5 <210> 189

<211> 759

<212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 189

ES 2 660 018 T3

atggcccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcggacaa 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg 300  
 aaacggggtt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa 360  
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacga aacaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcggagtcca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt caccttgaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cgggcatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720

ctcgaaccag aaccctggt tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 190

5 <211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 190

ES 2 660 018 T3

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgccaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgccaagc 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcca agaactatgg 300  
 aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa 360  
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcggaattca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt caccttgaaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctcgaaccag aaccogtggg tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 191

<211> 759

<212> ADN

5 <213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 191

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgccaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgccaagc 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcca agaactatgg 300  
 aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa 360  
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcggaattca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt caccttgaaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660

ES 2 660 018 T3

gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
ctcgaaccag aaccogtggg tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 192

<211> 759

<212> ADN

5 <213> Acyrthosiphon pisum

<400> 192

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
ccagacagaa agaagaaact ccgctctgtg ttgaaaaaaaa agggggccga agagttgaag 180  
aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcggaaca 240  
ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgca agaactatgg 300  
aaacggggtt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaaggatata caggatgaaa 360  
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagcaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
ccaacattga agaaggtttc caaatacga acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
gcgagattca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa 540  
gaagaagaca aagagaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
ctcgaaccag aaccogtggg tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 193

<211> 759

10 <212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 193

ES 2 660 018 T3

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa cagcgggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaag ccaagaagg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcgacaaa 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg 300  
 aaacggggtt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa 360  
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcggagtcca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt caccttgaaa 540

gaagaagaca aagagaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cgggcatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctcaaccag aaccctggtt tgaacccgaa ccagaacca 759

<210> 194

5 <211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 194

ES 2 660 018 T3

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgccaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaaa aggcggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgccaagc 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcca agaactatgg 300  
 aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa ttgacttgg aaaggatata caggatgaaa 360  
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacga acaaatctc caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcggagtcca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt caccctggaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcga 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cggcgatct aacggacgag acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctcaaccag aaccggtgtg tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 195

<211> 759

<212> ADN

5 <213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 195

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgccaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaaa aggcggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgccaagc 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcca agaactatgg 300  
 aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa ttgacttgg aaaggatata caggatgaaa 360  
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacga acaaatctc caaaactcca aaagaaagcg 480

ES 2 660 018 T3

gCGgagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cgggcatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctCGaaccag aaccCGtggt tgaaccCGaa ccagaacca 759

<210> 196

<211> 759

<212> ADN

5 <213> Acyrthosiphon pisum

<400> 196

atgGCCgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tCGaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgCGcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa agggggccga agagttgaa 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tCGaagagcg gtgCGgacaa 240  
 ccgaagaaca tCGacgacgc cggcgaagag gagcttgCGg aaatctgCGa agaactatgg 300  
 aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa 360  
 gttttCGaga tCGcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gCGgagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cgggcatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctCGaaccag aaccCGtggt tgaaccCGaa ccagaacca 759

<210> 197

<211> 759

10 <212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 197

ES 2 660 018 T3

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60  
 gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc 120  
 ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa agggggccga agagttgaag 180  
 aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcggacaa 240  
 ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgagg aaatctgcga agaactatgg 300  
 aaacggggtt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa 360

gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcgagattca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa 540  
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtag cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cgggggatct aacggacgag acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctcgaaccag aaccctgtgt tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 198

5 <211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 198

ES 2 660 018 T3

|  |     |
|--|-----|
| atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa  | 60  |
| gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc | 120 |
| ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag  | 180 |
| aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcgacaa   | 240 |
| ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg  | 300 |
| aaacggggtt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaaggatata caggatgaaa  | 360 |
| gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa  | 420 |
| ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg  | 480 |
| gcggaagtca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt cacccttgaa   | 540 |
| gaagaagaca aagagaaaaa acccgatttg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa  | 600 |
| ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc  | 660 |
| gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata  | 720 |
| ctcgaaccag aaccogtggg tgaaccgaa ccagaacca                          | 759 |

<210> 199

<211> 759

<212> ADN

5 <213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 199

|  |     |
|--|-----|
| atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa  | 60  |
| gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccaaagaagg ccaagaaggg tttcatgacc | 120 |
| ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag  | 180 |
| aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcgacaa   | 240 |
| ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg  | 300 |

ES 2 660 018 T3

aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaaggatata caggatgaaa 360  
 gttttcagaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420  
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaaattcg caaaactcca aaagaaagcg 480  
 gcgagattca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagt cacttgga 540  
 gaagaagaca aagagaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600  
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660  
 gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720  
 ctccaaccag aaccctggtg tgaaccgaa ccagaacca 759

<210> 200

<211> 541

<212> ADN

5 <213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 200

cggtaatgcg atgcggtaag aagaaggtat gggttgatcc aaacgaaata aatgaaattg 60  
 ccaacaccaa ttccagacaa aatattcgtg agttgatcaa agatgggttg atcattaaaa 120  
 agccagtagc tgtacactct agggctcgtg cacgtaaaaa tgcagatgcc agaagaaaag 180  
 gtcgtcattg tggttttggt aaaaggaagg gtactgctaa tgctcgaaca cctcaaaaag 240  
 acctttgggt gaaaagaatg cgagtattaa ggcggttgct taaaaaatac cgtgaagcaa 300  
 agaaaattga caaccatctt taccatcagt tatacatgaa ggctaagggt aatgttttca 360  
 agaacaaacg tgtattgatg gagttcatcc acaaaaagaa ggcagagaag gccctgcca 420  
 agatgttgag tgatcaagct gaagctagac gtcaaaagggt taaggaagct aggaaacgta 480  
 aagaagcaag atttttacaa aataggaagg aacttttggc tgcatacgcc cgagaagatg 540  
 a 541

<210> 201

<211> 541

10 <212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 201

ES 2 660 018 T3

cggtaatgcg atgcggtaag aagaaggtat ggttggatcc aaacgaaata aatgaaattg 60  
 ccaacaccaa ttccagacaa aatattcgtat agttgatcaa agatggtttg atcattaaaa 120  
 agccagtagc tgtacactct agggctcgtg cacgtaaaaa tgcagatgcc agaagaaaag 180  
 gtcgtcattg tggttttggt aaaaggaagg gtactgctaa tgctcgaaca cctcaaaaag 240  
 acctttgggt gaaaagaatg cgagtattaa ggcggttgct taaaaaatac cgtgaagcaa 300  
 agaaaattga caaccatctt taccatcagt tatacatgaa ggctaagggt aatgttttca 360

agaacaaacg tgtattgatg gagttcatcc acaaaaagaa ggacagagaag gcccggtcca 420  
 agatgttgag tgatcaagct gaagctagac gtcaaaaggt taaggaagct aggaaacgta 480  
 aagaagcaag atttttacaa aataggaagg aacttttggc tgcatacgcc cgagaagatg 540  
 a 541

<210> 202

5 <211> 823

<212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 202

gttgtagtgc gaaagggtag gtccgtcttc aagttgtttt ccggcaaaga tcaaacgttg 60  
 ttggtctggt gggatacctt ctttgtcttg gatcttggct tttacatttt caatggaatc 120  
 agatgattcc acctccaatg taatggtctt tccagtgagg gtctttacaa agatttgcat 180  
 accaccacgg agacgcaaca ctaagtgaag ggtagattct ttctggatgt ttagtgcaga 240  
 aagtgtgcgt ccgtcttcaa gttgctttcc ggcaaagatc aaacgttggt ggtcaggtgg 300  
 aataccttct ttgtcttggg tottagcttt tacattttca atggaatctg atgactcaac 360  
 ttccaatgta atggtctttc cagtgagggt ctttaciaag atttcatac caccacggag 420  
 acgcaacact aagtgaaggg tagattcttt ctggatggtg tagtcggaaa gggtagctcc 480  
 gtcttcaagt tgccttccgg caaagatcaa acgttggttg tctgggtggga taccttcttt 540  
 gtcttggatc ttggctttta cattttcaat ggaatcagat gattccacct ccaatgtaat 600  
 ggtctttcca gtgagggctt ttacaaagat ttgcatacca ccacggagac gcaacactaa 660  
 gtgaagggta gattctttct ggatggtgta gtcggaaagg gtacgtccgt cttcaagttg 720  
 cttccagca aagatcaaac gttgctggtc tgggtgggata ccttccttgt cttggatctt 780  
 ggccttaaca ttttcaatgg aatctgatga ctcaacttcc aaa 823

10 <210> 203

ES 2 660 018 T3

<211> 823

<212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 203

gttgtagtcg gaaagggtag gtccgtcttc aagttgtttt ccggcaaaga tcaaacgttg 60  
 ttggctctggg gggatacctt ctttgtcttg gatcttggct tttacatttt caatggaatc 120  
 agatgattcc acctccaatg taatggtctt tccagtgagg gtctttacaa agatttgcac 180  
 accaccacgg agacgcaaca ctaagtgaag ggtagattct ttctggatgt tgtagtcaga 240  
 aagtgtgcgt ccgtcttcaa gttgctttcc ggcaaagatc aaacgttgtt ggtcaggtgg 300  
 aataccttct ttgtcttggg tcttagcttt tacattttca atggaatctg atgactcaac 360  
 5 ttccaatgta atggtctttc cagtgagggt ctttaciaag atttgcatac caccacggag 420  
  
 acgcaacact aagtgaagg tagattcttt ctggatggtg tagtcggaaa gggtagctcc 480  
 gtcttcaagt tgctttccgg caaagatcaa acgttggttg tctgggtgga taccttcttt 540  
 gtcttgatc ttggctttta cttttcaat ggaatcagat gattccacct ccaatgtaat 600  
 ggtctttcca gtgagggctt ttacaaagat ttgcatacca ccacggagac gcaacactaa 660  
 gtgaagggta gattctttct ggatggtgta gtcggaaagg gtacgtccgt cttcaagttg 720  
 cttccagca aagatcaaac gttgctggtc tgggtgggata ccttccttgt cttggatctt 780  
 ggcccttaaca ttttcaatgg aatctgatga ctcaacttcc aaa 823

<210> 204

<211> 172

10 <212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 204

aagacttgct tcatcctact gcaattgaag aacgcaggaa acacaaatta aagcgccttg 60  
 ttcaacaccc aaactctttt tcatggatg tcaaagccc tggatgttat aaaattacaa 120  
 ctgtattcag tcacgctcag agtgtagtta tatgtaccgg atgttcaca at 172

<210> 205

ES 2 660 018 T3

<211> 172

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 205

aagacttgct tcatcctact gcaattgaag aacgcaggaa acacaaatta aagcgccttg 60

ttcaacacccc aaactctttt ttcattgatg tcaaatgccc tggatgttat aaaattacaa 120

5 ctgtattcag tcacgctcag agtgtagtta tatgtaccgg atgttccaca at 172

<210> 206

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 206

cgaaccatct gggaagcttg gaatg 25

<210> 207

15 <211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 207

gcagctggag gaagagaaac gtatc 25

<210> 208

<211> 47

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 208

gcgtaatacg actcactata ggcgaacat ctgggaagct tggaatg 47

10 <210> 209

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 209

gcgtaatacg actcactata ggcagctgga ggaagagaaa cgtatc 46

<210> 210

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 210

5 agttcgagaa caccaggaag 20

<210> 211

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 211

cctgacacgt tgttccagct tg 22

<210> 212

15 <211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 212

ES 2 660 018 T3

gcgtaatacg actcactata ggaggagttc gagaacacca ggaag 45

<210> 213

<211> 44

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 213

gcgtaatacg actcactata gcctgacac gttgttccag cttg 44

10 <210> 214

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 214

gcaggc gatg aagatggaga 20

<210> 215

<211> 24

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 215

5 ccacctcttt ctgcaacttc ttga 24

<210> 216

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 216

gcgtaatacg actcactata gggcaggcga tgaagatgga ga 42

<210> 217

15 <211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 217

ES 2 660 018 T3

gcgtaatacg actcactata ggccacctct ttctgcaact tcttga 46

<210> 218

<211> 25

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 218

cagaatccca cagaatctga cgtga 25

10 <210> 219

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 219

gcaagtggcg aagctcagct 20

<210> 220

<211> 47

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 220

5 gcgtaatacgc actcactata ggcagaatcc cacagaatct gacgtga 47

<210> 221

<211> 41

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 221

gcgtaatacgc actcactata ggcaagtggc gaagctcagc t 41

<210> 222

15 <211> 21

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 222

cgtgtttgcc atgttcgatc a 21

<210> 223

<211> 23

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 223

ggtacatttc gtccacgtct tca 23

10 <210> 224

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 224

gcgtaatacg actcactata ggcgtgtttg ccatgttcga tca 43

<210> 225

<211> 43

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 225

5 gcgtaatacgc actcactata ggtacatttc gtccacgtct tca 43

<210> 226

<211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 226

gacttgatct tcagccgacc att 23

<210> 227

15 <211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 227

ccattgccag ttcctcaact tca 23

<210> 228

<211> 44

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 228

gcgtaatag actcactata ggacttgatc ttcagccgac catt 44

10 <210> 229

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 229

gcgtaatag actcactata ggccattgcc agttcctcaa ctca 45

<210> 230

<211> 21

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 230

5 cgcaatgatc tcctccagga t 21

<210> 231

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 231

ggatcatcatc tccatgaact cgtc 24

<210> 232

15 <211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 232

gcgtaatacg actcactata ggcgcaatga tctcctccag gat 43

<210> 233

<211> 45

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 233

gcgtaatacg actcactata gggatcatcat ctccatgaac tcgtc 45

10 <210> 234

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 234

cgtcactaat cggactgggc taacag 26

<210> 235

<211> 24

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 235

5 ggtcatcatc tccatgaact cgtc 24

<210> 236

<211> 48

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 236

gcgtaatacg actcactata ggcgtcacta atcggactgg tctaacag 48

<210> 237

15 <211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 237

ES 2 660 018 T3

gcgtaatacg actcactata gggatcatcat ctccatgaac tcgtc 45

<210> 238

<211> 23

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 238

ggatgaaggag ggtgcctgct cag 23

10 <210> 239

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 239

cagggtgaat agaacgaggt actcg 25

<210> 240

<211> 40

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 240

5 aatacgactc actatagggc gctatgaaat tccaagcaca 40

<210> 241

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 241

gcgtaatacg actcactata ggcagggtga atagaacgag gtactcg 47

<210> 242

15 <211> 29

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 242

ctcaacgaag gtcttgcag tggctttgg 29

<210> 243

<211> 20

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 243

ttcgctggc ttcttcgtga 20

10 <210> 244

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 244

gcgtaatacg actcactata ggccacgccg acttaattca ttcc 44

<210> 245

<211> 42

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 245

5 gcgtaatacg actcactata ggttcgcctg gcttcttcgt ga 42

<210> 246

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 246

tgtcgatggc ggtcttaaca tc 22

<210> 247

15 <211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 247

tctccagctt ccactttctt gaga 24

<210> 248

<211> 44

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 248

gcgtaatag actcactata ggtgtcgatg gcggtcttaa catc 44

10 <210> 249

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 249

gcgtaatag actcactata ggtctccagc ttccactttc ttgaga 46

<210> 250

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 250

5 aacgtgcatt tcgcgtaccc 20

<210> 251

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 251

tgatgggcat aactggcagg 20

<210> 252

15 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 252

gcgtaatacg actcactata ggaacgtgca tttcgcgtac cc 42

<210> 253

<211> 42

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 253

gcgtaatacg actcactata ggtgatgggc ataactggca gg 42

10 <210> 254

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 254

ccttattgaa cgtggctgac ag 22

<210> 255

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 255

5 ctgatgtagt ccttgaggag 20

<210> 256

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 256

gcgtaatacg actcactata ggccttattg aacgtggtcg acag 44

<210> 257

15 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 257

gcgtaatacg actcactata ggctgatgta gtccttgagg ag 42

<210> 258

<211> 26

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 258

gtacggacgg gtagtttagt tgtgtc 26

10 <210> 259

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 259

ttgccaagtg ccaagtcacg 20

<210> 260

<211> 48

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 260

5 gcgtaatacg actcactata gggtagcgac gggtagttta gttgtgtc 48

<210> 261

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 261

gcgtaatacg actcactata ggtagccaag tgccaagtca cg 42

<210> 262

15 <211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 262

ctgttgtcgg ctggcatat cc 22

<210> 263

<211> 20

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 263

taacgtaacg catgccacc 20

10 <210> 264

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 264

gcgtaatacg actcactata ggctgttgtc ggctggatcat atcc 44

<210> 265

<211> 42

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 265

5 gcgtaatacgcg actcactata ggtaacgtaa cgcacgcgcca cc 42

<210> 266

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 266

agccctcatc cgtgattgg 20

<210> 267

15 <211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 267

gatccggcct caatttgacg 20

<210> 268

<211> 42

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 268

gcgtaatacag actcactata ggagccctca tccgtgattt gg 42

10 <210> 269

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 269

gcgtaatacag actcactata gggatccggc ctcaatttga cg 42

<210> 270

<211> 22

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 270

5 acgtttctct gctcattcgt gc 22

<210> 271

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 271

cttgtacaaa gtgtgcaggg 20

<210> 272

15 <211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 272

gcgtaatacg actcactata ggacgtttct ctgctcattc gtgc 44

<210> 273

<211> 42

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 273

gcgtaatacg actcactata ggcttgtaga aagtgtgcag gg 42

10 <210> 274

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 274

ggttttcttc ttgccgaat cg 22

<210> 275

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 275

5 tttggggttc ggcttggtg 20

<210> 276

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 276

gcgtaatacg actcactata ggggttttct tcttgcccga atcg 44

<210> 277

15 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 277

gcgtaatacg actcactata ggtttggggg tggccttggt tg 42

<210> 278

<211> 23

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 278

tcagcgagat ccctaagaca acg 23

10 <210> 279

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 279

ccccacatgt tgatgacgca 20

<210> 280

<211> 45

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 280

5 gcgtaatacg actcactata ggtcagcgag atccctaaga caacg 45

<210> 281

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 281

gcgtaatacg actcactata ggccccacat gttgatgacg ca 42

<210> 282

15 <211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 282

ggtttatgac ccctgagagg aag 23

<210> 283

<211> 22

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 283

ctccagggtg aactccttct tc 22

10 <210> 284

<211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 284

gcgtaatacg actcactata ggtttatgac ccctgagagg aag 43

<210> 285

<211> 44

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 285

5 gcgtaatacg actcactata ggctccaggg tgaactcctt cttc 44

<210> 286

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 286

caaggaccag aacaagaaca aggg 24

<210> 287

15 <211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 287

gacgttcata tttggaggct acttgg 26

<210> 288

<211> 46

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 288

gcgtaatacg actcactata ggcaaggacc agaacaagaa caaggg 46

10 <210> 289

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 289

gcgtaatacg actcactata ggacgttcac atttggaggc tacttgg 47

<210> 290

<211> 25

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 290

5 aatctcgta c actggttgaa caagc 25

<210> 291

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 291

ggttcttacg gtcttcttca gcttg 25

<210> 292

15 <211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 292

ES 2 660 018 T3

gcgtaatacg actcactata ggaatctcgt acactgttgg aacaagc 47

<210> 293

<211> 45

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 293

gcgtaatacg actcactata ggttcttacg gtcttcttca gcttg 45

10 <210> 294

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 294

aagaagaagc tcagggtggt gc 22

<210> 295

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 295

5 tcattcacct ggctgttgag 20

<210> 296

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 296

gcgtaatacg actcactata ggaagaagaa gtcaggttg ttgc 44

<210> 297

15 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 297

gcgtaatacg actcactata ggtcattcac ctggctgttg ag 42

<210> 298

<211> 20

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 298

acatcctcag gctcatggga 20

10 <210> 299

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 299

agccgttacc ttcctgtcg 20

<210> 300

<211> 42

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 300

5 gcgtaatac g actcactata ggacatcctc aggctcatgg ga 42

<210> 301

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 301

gcgtaatac g actcactata ggagccgta ccttccttgt cg 42

<210> 302

15 <211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 302

acatcctcag gctcatggga 20

<210> 303

<211> 20

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 303

agccgttacc ttccttgtcg 20

10 <210> 304

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 304

gcgtaatagc actcactata ggacatcctc aggctcatgg ga 42

<210> 305

<211> 42

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 305

5 gcgtaatacgc actcactata ggagccgcta ccttccttgt cg 42

<210> 306

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 306

cgtaaaaact ctgaccggca agac 24

<210> 307

15 <211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 307

tagttccacc acgaagtctg agaacc 26

<210> 308

<211> 46

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 308

gcgtaatacg actcactata ggcgtaaaaa ctctgaccgg caagac 46

10 <210> 309

<211> 48

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 309

gcgtaatacg actcactata ggtagttcca ccacgaagtc tgagaacc 48

<210> 310

<211> 21

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 310

5 atggccgacg atgaagctaa g 21

<210> 311

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 311

tggttggtggt tctggttcgg 20

<210> 312

15 <211> 43

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 312

gcgtaatacg actcactata ggatggccga cgatgaagct aag 43

<210> 313

<211> 42

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 313

gcgtaatacg actcactata ggtggttctg gttcgggttc aa 42

10 <210> 314

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 314

cggtaatgcg atgcgtaag 20

<210> 315

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 315

5 tcac~~t~~ttctc gggcgtatgc 20

<210> 316

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 316

gcgtaatac~~g~~ actcactata ggcggtaatg cgatgcggta ag 42

<210> 317

15 <211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 317

gcgtaatacg actcactata ggtcatcttc tcgggcgtat gc 42

<210> 318

<211> 25

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 318

tttgaagtt gagtcatcag attcc 25

10 <210> 319

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 319

gttgtagtcg gaaaggtac gtcc 24

<210> 320

<211> 47

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 320

5 gcgtaatacgc actcactata ggtttggaag ttgagtcac agattcc 47

<210> 321

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 321

gcgtaatacgc actcactata gggttgtagt cggaaagggt acgtcc 46

<210> 322

15 <211> 23

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 322

aagacttgct tcatcctact gca 23

<210> 323

<211> 20

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 323

attgtggaac atccgtaca 20

10 <210> 324

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 324

gcgtaatagc actcactata ggaagacttg cttcatccta ctgca 45

<210> 325

<211> 42

20 <212> ADN

ES 2 660 018 T3

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 325

5 gcgtaatacgc actcactata ggattgtgga acatccggta ca 42

<210> 326

<211> 424

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

10 <400> 326

Met Ile Pro Pro Thr Ser Arg Pro Gln Val Thr Val Tyr Ser Asp Lys  
1 5 10 15

Asn Glu Ala Thr Gly Thr Leu Leu Asn Leu Pro Ala Val Phe Asn Ala  
20 25 30

Pro Ile Arg Pro Asp Val Val Asn Phe Val His Gln Asn Val Ala Lys  
35 40 45

Asn His Arg Gln Pro Tyr Cys Val Ser Ala Gln Ala Gly His Gln Thr  
50 55 60

Ser Ala Glu Ser Trp Gly Thr Gly Arg Ala Val Ala Arg Ile Pro Arg  
65 70 75 80

Val Arg Gly Gly Gly Thr His Arg Ser Gly Gln Gly Ala Phe Gly Asn  
85 90 95

ES 2 660 018 T3

Met Cys Arg Gly Gly Arg Met Phe Ala Pro Thr Arg Pro Trp Arg Arg  
 100 105 110

Trp His Arg Lys Ile Asn Val Asn Gln Lys Arg Tyr Ala Val Val Ser  
 115 120 125

Ala Ile Ala Ala Ser Gly Val Pro Ala Leu Val Met Ser Lys Gly His  
 130 135 140

Met Val Gln Ser Val Pro Glu Phe Pro Leu Val Val Ser Asp Lys Val  
 145 150 155 160

Gln Glu Tyr Thr Lys Thr Lys Gln Ala Val Ile Phe Leu His Arg Ile  
 165 170 175

Lys Ala Trp Gln Asp Ile Gln Lys Val Tyr Lys Ser Lys Arg Phe Arg  
 180 185 190

Ala Gly Lys Gly Lys Met Arg Asn Arg Arg Arg Ile Gln Arg Arg Gly  
 195 200 205

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

Asn Ile Pro Gly Val Asp Leu Ile Glu Val Ser Arg Leu Asn Leu Leu  
 225 230 235 240

Lys Leu Ala Pro Gly Gly His Ile Gly Arg Phe Val Ile Trp Thr Gln  
 245 250 255

Ser Ala Phe Glu Lys Leu Asp Ala Leu Tyr Gly Thr Trp Lys Lys Lys  
 260 265 270

Ser Thr Leu Lys Ala Gly Tyr Asn Leu Pro Met Pro Lys Met Ala Asn  
 275 280 285

Thr Asp Leu Ser Arg Leu Phe Lys Ala Pro Glu Ile Lys Ala Val Leu  
 290 295 300

Arg Asn Pro Lys Lys Thr Ile Val Arg Arg Val Arg Lys Leu Asn Pro  
 305 310 315 320

Leu Arg Asn Thr Arg Ala Met Leu Arg Leu Asn Pro Tyr Ala Ala Val  
 325 330 335

Leu Lys Arg Lys Ala Ile Leu Asp Gln Arg Lys Leu Lys Leu Gln Lys  
 340 345 350

ES 2 660 018 T3

Leu Val Glu Ala Ala Lys Lys Gly Asp Thr Lys Leu Ser Pro Arg Val  
 355 360 365

Glu Arg His Leu Lys Met Ile Glu Arg Arg Lys Ala Leu Ile Lys Lys  
 370 375 380

Ala Lys Ala Ala Lys Pro Lys Lys Pro Lys Thr Ala Lys Lys Pro Lys  
 385 390 395 400

Thr Ala Glu Lys Ala Pro Ala Pro Ala Lys Lys Ala Ala Ala Pro Lys  
 405 410 415

Lys Ala Thr Thr Pro Ala Lys Lys  
 420

<210> 327

<211> 242

<212> PRT

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 327

Met Ala Asn Ala Lys Pro Ile Ser Lys Lys Lys Lys Phe Val Ser Asp  
 1 5 10 15

Gly Val Phe Lys Ala Glu Leu Asn Glu Phe Leu Thr Arg Glu Leu Ala  
 20 25 30

Glu Glu Gly Tyr Ser Gly Val Glu Val Arg Val Thr Pro Asn Lys Thr  
 35 40 45

Glu Ile Ile Ile Met Ala Thr Arg Thr Gln Ser Val Leu Gly Asp Lys  
 50 55 60

Gly Arg Arg Ile Arg Glu Leu Thr Ser Val Val Gln Lys Arg Phe Asn  
 65 70 75 80

Phe Lys Pro Gln Thr Leu Asp Leu Tyr Ala Glu Lys Val Ala Thr Arg  
 85 90 95

Gly Leu Cys Ala Ile Ala Gln Ala Glu Ser Leu Arg Tyr Lys Leu Ile  
 100 105 110

Gly Gly Leu Ala Val Arg Gly Ala Cys Tyr Gly Val Leu Arg Phe Ile  
 115 120 125

Met Glu Asn Gly Ala Lys Gly Cys Glu Val Val Val Ser Gly Lys Leu  
 130 135 140

ES 2 660 018 T3

Arg Gly Gln Arg Ala Lys Ser Met Lys Phe Val Asp Gly Leu Met Ile  
145 150 155 160

His Ser Gly Asp Pro Cys Asn Glu Tyr Val Asp Thr Ala Thr Arg His  
165 170 175

Val Leu Leu Arg Gln Gly Val Leu Gly Ile Lys Val Lys Ile Met Leu  
180 185 190

Pro Trp Asp Val Thr Gly Lys Asn Gly Pro Lys Asn Pro Leu Pro Asp  
195 200 205

His Val Ser Val Leu Leu Pro Lys Glu Glu Leu Pro Asn Leu Ala Val  
210 215 220

Ser Val Pro Gly Ser Asp Ile Lys Pro Lys Pro Glu Val Pro Ala Pro  
225 230 235 240

Ala Leu

<210> 328

<211> 262

5 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 328

ES 2 660 018 T3

Met Ala Val Gly Lys Asn Lys Gly Leu Ser Lys Gly Gly Lys Lys Gly  
 1 5 10 15

Val Lys Lys Lys Val Val Asp Pro Phe Thr Arg Lys Asp Trp Tyr Asp  
 20 25 30

Val Lys Ala Pro Ser Met Phe Lys Lys Arg Gln Val Gly Lys Thr Leu  
 35 40 45

Val Asn Arg Thr Gln Gly Thr Lys Ile Ala Ser Glu Gly Leu Lys Gly  
 50 55 60

Arg Val Phe Glu Val Ser Leu Ala Asp Ile Gln Glu Asp Thr Asp Ala  
 65 70 75 80

Glu Arg Ser Phe Arg Lys Phe Arg Leu Ile Ala Glu Asp Val Gln Ala  
 85 90 95

Arg Asn Val Leu Thr Asn Phe His Gly Met Asp Leu Thr Thr Asp Lys  
 100 105 110

Leu Arg Ser Met Val Lys Lys Trp Gln Thr Leu Ile Glu Ala Asn Val  
 115 120 125

Asp Val Lys Thr Thr Asp Gly Tyr Leu Leu Arg Val Phe Cys Ile Gly  
 130 135 140

Phe Thr Asn Lys Asp Gln Leu Ser Gln Arg Lys Thr Cys Tyr Ala Gln  
 145 150 155 160

His Asn Gln Val Arg Glu Ile Arg Lys Lys Met Val Lys Asn Ile Ser  
 165 170 175

Asp Ser Ile Ser Ser Cys Asp Leu Arg Ser Val Val Asn Lys Leu Ile  
 180 185 190

Pro Asp Ser Ile Ala Lys Asp Ile Glu Lys Asn Cys Gln Gly Ile Tyr  
 195 200 205

Pro Leu His Asp Val Tyr Ile Arg Lys Val Lys Val Leu Lys Lys Pro  
 210 215 220

Arg Phe Glu Leu Ser Lys Leu Leu Glu Leu His Val Asp Gly Lys Gly  
 225 230 235 240

Ile Asp Glu Pro Gly Ala Lys Val Thr Arg Thr Asp Ala Tyr Glu Pro  
 245 250 255

Pro Val Gln Glu Ser Val  
 260

<210> 329

ES 2 660 018 T3

<211> 152

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 329

Met Ser Leu Met Leu Pro Glu Lys Phe Gln His Ile Leu Arg Ile Met  
1 5 10 15

Gly Thr Asn Ile Asp Gly Lys Arg Lys Val Met Phe Ala Met Thr Ala  
20 25 30

Ile Lys Gly Val Gly Arg Arg Tyr Ala Asn Ile Val Leu Lys Lys Ala  
35 40 45

5 Asp Val Asn Leu Asp Lys Arg Ala Gly Glu Cys Ser Glu Glu Glu Val  
50 55 60

Glu Lys Ile Val Thr Ile Met Gln Asn Pro Arg Gln Tyr Lys Ile Pro  
65 70 75 80

Asn Trp Phe Leu Asn Arg Gln Lys Asp Thr Val Glu Gly Lys Tyr Ser  
85 90 95

Gln Leu Thr Ser Ser Leu Leu Asp Ser Lys Leu Arg Asp Asp Leu Glu  
100 105 110

Arg Leu Lys Lys Ile Arg Ala His Arg Gly Met Arg His Tyr Trp Gly  
115 120 125

Leu Arg Val Arg Gly Gln His Thr Lys Thr Thr Gly Arg Arg Gly Arg  
130 135 140

Thr Val Gly Val Ser Lys Lys Lys  
145 150

<210> 330

<211> 381

10 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 330

ES 2 660 018 T3

Met Ser Asp Glu Glu Tyr Ser Glu Ser Glu Glu Glu Thr Gln Pro Glu  
 1 5 10 15

Pro Gln Lys Lys Pro Glu Ala Glu Gly Gly Gly Asp Pro Glu Phe Val  
 20 25 30

Lys Arg Lys Glu Ala Gln Thr Ser Ala Leu Asp Glu Gln Leu Lys Asp  
 35 40 45

Tyr Ile Ala Glu Trp Arg Lys Gln Arg Ala Arg Glu Glu Glu Asp Leu  
 50 55 60

Lys Lys Leu Lys Glu Lys Gln Ala Lys Arg Lys Val Ala Arg Ala Glu  
 65 70 75 80

Glu Glu Lys Arg Leu Ala Glu Lys Lys Lys Gln Glu Glu Glu Arg Arg  
 85 90 95

Val Arg Glu Ala Glu Glu Lys Lys Gln Arg Glu Ile Glu Glu Lys Arg  
 100 105 110

Arg Arg Leu Glu Glu Ala Glu Lys Lys Arg Gln Ala Met Met Ala Ala  
 115 120 125

ES 2 660 018 T3

Leu Lys Asp Gln Ser Lys Thr Lys Gly Pro Asn Phe Val Val Asn Lys  
 130 135 140

Lys Ala Glu Thr Leu Gly Met Ser Ser Ala Gln Ile Glu Arg Asn Lys  
 145 150 155 160

Thr Lys Glu Gln Leu Glu Glu Glu Lys Arg Ile Ser Leu Ser Ile Arg  
 165 170 175

Leu Lys Pro Leu Ala Ile Glu Asn Met Ser Ile Asp Arg Leu Arg Ile  
 180 185 190

Lys Ala Gln Glu Leu Trp Glu Ala Ile Val Lys Leu Glu Thr Glu Lys  
 195 200 205

Tyr Asp Leu Glu Glu Arg Gln Lys Arg Gln Asp Tyr Asp Leu Lys Glu  
 210 215 220

Leu Lys Glu Arg Gln Lys Gln Gln Leu Arg His Lys Ala Leu Lys Lys  
 225 230 235 240

Gly Leu Asp Pro Glu Ala Leu Thr Gly Lys Tyr Pro Pro Lys Ile Gln  
 245 250 255

Val Ala Ser Lys Tyr Glu Arg Arg Val Asp Thr Arg Ser Tyr Asp Asp  
 260 265 270

Lys Lys Lys Leu Phe Glu Gly Gly Ile Leu Glu Arg Tyr Lys Glu Leu  
 275 280 285

Ile Glu Lys Val Trp Thr Glu Lys Val Asp Gln Phe Gly Ser Arg Ala  
 290 295 300

His Ser Lys Leu Pro Arg Trp Phe Gly Glu Arg Pro Gly Lys Lys Lys  
 305 310 315 320

Asp Ala Pro Glu Ser Pro Glu Glu Glu Glu Val Lys Val Glu Asp Glu  
 325 330 335

Pro Glu Ala Glu Pro Ser Phe Met Leu Asp Glu Glu Glu Glu Glu Ala  
 340 345 350

Glu Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Glu Glu  
 355 360 365

Glu Glu

370 375 380

<210> 331

ES 2 660 018 T3

<211> 1689

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 331

Ser Gly Lys Leu Ala Gly Ala Asp Ile Glu Thr Tyr Leu Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Ala Arg Val Ile Ser Gln Gln Thr Leu Glu Arg Ser Tyr His Ile Phe  
20 25 30

Tyr Gln Met Met Ser Gly Ala Val Lys Gly Val Lys Glu Met Cys Leu  
35 40 45

Leu Val Asp Asp Ile Tyr Thr Tyr Asn Phe Ile Ser Gln Gly Lys Val  
50 55 60

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

Ala Phe Asp Ile Leu Gly Phe Thr Lys Gln Glu Lys Glu Asp Ile Tyr  
85 90 95

Lys Ile Thr Ala Ala Val Ile His Met Gly Thr Met Lys Phe Lys Gln  
100 105 110

Arg Gly Arg Glu Glu Gln Ala Glu Ala Asp Gly Thr Glu Glu Gly Gly  
115 120 125

Lys Val Gly Val Leu Leu Gly Ile Asp Gly Asp Asp Leu Tyr Lys Asn  
130 135 140

Met Cys Lys Pro Arg Ile Lys Val Gly Thr Glu Phe Val Thr Gln Gly  
145 150 155 160

Lys Asn Val Asn Gln Val Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly  
165 170 175

Met Phe Asp Arg Leu Phe Lys Phe Leu Val Lys Lys Cys Asn Glu Thr  
180 185 190

Leu Asp Thr Lys Gln Lys Arg Gln His Phe Ile Gly Val Leu Asp Ile  
195 200 205

5 Ala Gly Phe Glu Ile Phe Asp Phe Asn Gly Phe Glu Gln Leu Cys Ile



ES 2 660 018 T3

Asn Tyr Pro Asp Phe Lys Leu Arg Tyr Lys Ile Leu Asn Pro Ala Ala  
 465 470 475 480  
 Val Asp Arg Glu Ser Asp Ile Leu Lys Ala Ala Gly Leu Val Leu Glu  
 485 490 495  
 Ser Thr Gly Leu Asp Pro Asp Met Tyr Arg Leu Gly His Thr Lys Val  
 500 505 510  
 Phe Phe Arg Ala Gly Val Leu Gly Gln Leu Glu Glu Leu Arg Asp Asp  
 515 520 525  
 Arg Leu Ser Lys Ile Ile Gly Trp Met Gln Ala Phe Met Arg Gly Tyr  
 530 535 540  
 Leu Val Arg Lys Glu Tyr Lys Lys Leu Gln Glu Gln Arg Leu Ala Leu  
 545 550 555 560  
 Gln Val Val Gln Arg Asn Leu Arg Arg Tyr Leu Gln Leu Arg Thr Trp  
 565 570 575  
 Pro Trp Trp Lys Met Trp Ser Arg Val Lys Pro Leu Leu Asn Val Ala  
 580 585 590  
 Asn Val Glu Glu Glu Met Arg Lys Leu Glu Glu Leu Val Ala Glu Thr  
 595 600 605  
 Gln Ala Ala Leu Glu Lys Glu Glu Lys Leu Arg Lys Glu Ala Glu Ala  
 610 615 620  
 Leu Asn Ala Lys Leu Leu Gln Glu Lys Thr Asp Leu Leu Arg Asn Leu  
 625 630 635 640  
 Glu Gly Glu Lys Gly Ser Ile Ser Gly Ile Gln Glu Arg Cys Ala Lys  
 645 650 655  
 Leu Gln Ala Gln Lys Ala Asp Leu Glu Ser Gln Leu Met Asp Thr Gln  
 660 665 670  
 Glu Arg Leu Gln Asn Glu Glu Asp Ala Arg Asn Gln Leu Phe Gln Gln  
 675 680 685  
 Lys Lys Lys Leu Glu Gln Glu Ala Ala Ala Leu Lys Lys Asp Ile Glu  
 690 695 700  
 Asp Leu Glu Leu Ser Asn Gln Lys Thr Asp Gln Asp Lys Ala Ser Lys  
 705 710 715 720

ES 2 660 018 T3

Glu His Gln Ile Arg Asn Leu Asn Asp Glu Ile Ala His Gln Asp Asp  
 725 730 735  
 Leu Ile Asn Lys Leu Asn Lys Glu Lys Lys Ile Gln Ser Glu Leu Asn  
 740 745 750  
 Gln Lys Thr Ala Glu Glu Leu Gln Ala Ala Glu Asp Lys Ile Asn His  
 755 760 765  
 Leu Thr Lys Val Lys Val Lys Leu Glu Gln Thr Leu Asp Glu Leu Glu  
 770 775 780  
 Asp Thr Leu Glu Arg Glu Lys Lys Leu Arg Gly Asp Val Glu Lys Ala  
 785 790 795 800  
 Lys Arg Lys Thr Glu Gly Asp Leu Lys Leu Thr Gln Glu Ala Val Ala  
 805 810 815  
 Asp Leu Glu Arg Asn Lys Lys Glu Leu Glu Gln Thr Ile Gln Arg Lys  
 820 825 830  
 Asp Lys Glu Ile Ala Ser Leu Thr Ala Lys Leu Glu Asp Glu Gln Ser  
 835 840 845  
 Ile Val Asn Lys Thr Gly Lys Gln Ile Lys Glu Leu Gln Ser Arg Ile  
 850 855 860  
 Glu Glu Leu Glu Glu Glu Val Glu Ala Glu Arg Gln Ala Arg Gly Lys  
 865 870 875 880  
 Ala Glu Lys Gln Arg Ala Asp Leu Ala Arg Glu Leu Glu Glu Leu Gly  
 885 890 895  
 Glu Arg Leu Glu Glu Ala Gly Gly Ala Thr Ser Ala Gln Ile Glu Leu  
 900 905 910  
 Asn Lys Lys Arg Glu Ala Glu Met Ser Lys Leu Arg Arg Asp Leu Glu  
 915 920 925  
 Glu Ala Asn Ile Gln His Glu Gly Thr Leu Ala Asn Leu Arg Lys Lys  
 930 935 940  
 His Asn Asp Ala Val Ser Glu Met Gly Asp Gln Ile Asp Gln Leu Asn  
 945 950 955 960  
 Lys Leu Lys Thr Lys Val Glu Lys Glu Lys Ser Gln Tyr Leu Gly Glu  
 965 970 975

ES 2 660 018 T3

Leu Asn Asp Val Arg Ala Ser Ile Asp His Leu Thr Asn Glu Lys Ala  
 980 985 990

Ala Thr Glu Lys Val Ala Lys Gln Leu Gln His Gln Ile Asn Glu Val  
 995 1000 1005

Gln Gly Lys Leu Asp Glu Ala Asn Arg Thr Leu Asn Asp Phe Asp  
 1010 1015 1020

Ala Ala Lys Lys Lys Leu Ser Ile Glu Asn Ser Asp Leu Leu Arg  
 1025 1030 1035

Gln Leu Glu Glu Ala Glu Ser Gln Val Ser Gln Leu Ser Lys Ile  
 1040 1045 1050

Lys Ile Ser Leu Thr Thr Gln Leu Glu Asp Thr Lys Arg Leu Ala  
 1055 1060 1065

Asp Glu Glu Ala Arg Glu Arg Ala Thr Leu Leu Gly Lys Phe Arg  
 1070 1075 1080

Asn Leu Glu His Asp Leu Asp Asn Leu Arg Glu Gln Val Glu Glu  
 1085 1090 1095

Glu Ala Glu Ala Lys Ala Asp Ile Gln Arg Gln Leu Ser Lys Ala  
 1100 1105 1110

Asn Ala Glu Ala Gln Leu Trp Arg Ser Lys Tyr Glu Ser Glu Gly  
 1115 1120 1125

Val Ala Arg Ala Glu Glu Leu Glu Glu Ala Lys Arg Lys Leu Gln  
 1130 1135 1140

Ala Arg Leu Ala Glu Ala Glu Glu Thr Ile Glu Ser Leu Asn Gln  
 1145 1150 1155

Lys Val Ile Ala Leu Glu Lys Thr Lys Gln Arg Leu Ala Thr Glu  
 1160 1165 1170

Val Glu Asp Leu Gln Leu Glu Val Asp Arg Ala Asn Ala Ile Ala  
 1175 1180 1185

Asn Ala Ala Glu Lys Lys Ala Lys Ala Ile Asp Lys Ile Ile Gly  
 1190 1195 1200

Glu Trp Lys Leu Lys Val Asp Asp Leu Ala Ala Glu Leu Asp Ala

ES 2 660 018 T3

|   |  |      |  |      |
|---|--|------|--|------|
| 1205  |  | 1210 |  | 1215 |
| Ser Glu Lys Glu Cys Arg Asn Tyr Ser Thr Glu Leu Phe Arg Leu |  |      |  |      |
| 1220  |  | 1225 |  | 1230 |
| Lys Gly Ala Tyr Glu Glu Gly Gln Glu Gln Leu Glu Ala Val Arg |  |      |  |      |
| 1235  |  | 1240 |  | 1245 |
| Arg Glu Asn Lys Asn Leu Ala Asp Glu Val Lys Asp Leu Leu Asp |  |      |  |      |
| 1250  |  | 1255 |  | 1260 |
| Gln Ile Gly Glu Gly Gly Arg Asn Ile His Glu Ile Glu Lys Gln |  |      |  |      |
| 1265  |  | 1270 |  | 1275 |
| Arg Lys Arg Leu Glu Val Glu Lys Asp Glu Leu Gln Ala Ala Leu |  |      |  |      |
| 1280  |  | 1285 |  | 1290 |
| Glu Glu Ala Glu Ala Ala Leu Glu Gln Glu Glu Asn Lys Val Leu |  |      |  |      |
| 1295  |  | 1300 |  | 1305 |
| Arg Ala Gln Leu Glu Leu Ser Gln Val Arg Gln Glu Ile Asp Arg |  |      |  |      |
| 1310  |  | 1315 |  | 1320 |
| Arg Ile Gln Glu Lys Glu Glu Glu Phe Glu Asn Thr Arg Lys Asn |  |      |  |      |
| 1325  |  | 1330 |  | 1335 |
| His Gln Arg Ala Leu Asp Ser Met Gln Ala Ser Leu Glu Ala Glu |  |      |  |      |
| 1340  |  | 1345 |  | 1350 |
| Ala Lys Gly Lys Ala Glu Ala Leu Arg Met Lys Lys Lys Leu Glu |  |      |  |      |
| 1355  |  | 1360 |  | 1365 |
| Ala Asp Ile Asn Glu Leu Glu Ile Ala Leu Asp His Ala Asn Lys |  |      |  |      |
| 1370  |  | 1375 |  | 1380 |
| Ala Asn Ala Glu Ala Gln Lys Thr Ile Lys Lys Tyr Gln Gln Gln |  |      |  |      |
| 1385  |  | 1390 |  | 1395 |
| Leu Lys Asp Val Gln Thr Ala Leu Glu Glu Glu Gln Arg Ala Arg |  |      |  |      |
| 1400  |  | 1405 |  | 1410 |
| Asp Asp Ala Arg Glu Gln Leu Gly Ile Ala Glu Arg Arg Ala Asn |  |      |  |      |
| 1415  |  | 1420 |  | 1425 |
| Ala Leu Gly Asn Glu Leu Glu Glu Ser Arg Thr Leu Leu Glu Gln |  |      |  |      |
| 1430  |  | 1435 |  | 1440 |

ES 2 660 018 T3

Ala Asp Arg Gly Arg Arg Gln Ala Glu Gln Glu Leu Gly Asp Ala  
 1445 1450 1455

His Glu Gln Ile Asn Glu Leu Ala Ala Gln Ala Thr Ser Ala Ser  
 1460 1465 1470

Ala Ala Lys Arg Lys Leu Glu Gly Glu Leu Gln Thr Leu His Ala  
 1475 1480 1485

Asp Leu Asp Glu Leu Leu Asn Glu Ala Lys Asn Ser Glu Glu Lys  
 1490 1495 1500

Ala Lys Lys Ala Met Val Asp Ala Ala Arg Leu Ala Asp Glu Leu  
 1505 1510 1515

Arg Ala Glu Gln Asp His Ala Gln Thr Gln Glu Lys Leu Arg Lys  
 1520 1525 1530

Ala Leu Glu Thr Gln Ile Lys Glu Leu Gln Val Arg Leu Asp Glu  
 1535 1540 1545

Ala Glu Asn Asn Ala Leu Lys Gly Gly Lys Lys Ala Ile Ala Lys  
 1550 1555 1560

Leu Glu Gln Arg Val Arg Glu Leu Glu Asn Glu Leu Asp Gly Glu  
 1565 1570 1575

Gln Arg Arg His Ala Asp Ala Gln Lys Asn Leu Arg Lys Ser Glu  
 1580 1585 1590

Arg Arg Ile Lys Glu Leu Ser Phe Gln Ser Asp Glu Asp Arg Lys  
 1595 1600 1605

Asn His Glu Arg Met Gln Asp Leu Val Asp Lys Leu Gln Gln Lys  
 1610 1615 1620

Ile Lys Thr Tyr Lys Arg Gln Ile Glu Glu Ala Glu Glu Ile Ala  
 1625 1630 1635

Ala Leu Asn Leu Ala Lys Phe Arg Lys Ala Gln Gln Glu Leu Glu  
 1640 1645 1650

Glu Ala Glu Glu Arg Ala Asp Leu Ala Glu Gln Ala Val Ser Lys  
 1655 1660 1665

Phe Arg Thr Lys Gly Gly Arg Ala Gly Ser Ala Ala Arg Ala Met  
 1670 1675 1680

Ser Pro Val Gly Gln Lys  
 1685

<210> 332

ES 2 660 018 T3

<211> 256

<212> PRT

<213> *Lygus hesperus*

<400> 332

Asp Ala Ile Lys Lys Lys Met Gln Ala Met Lys Met Glu Lys Asp Thr  
1 5 10 15

Ala Met Asp Lys Ala Asp Thr Cys Glu Gly Gln Ala Lys Asp Ala Asn  
20 25 30

Thr Arg Ala Asp Lys Ile Leu Glu Asp Val Arg Asp Leu Gln Lys Lys  
35 40 45

Leu Asn Gln Val Glu Ser Asp Leu Glu Arg Thr Lys Arg Glu Leu Glu  
50 55 60

Thr Lys Thr Thr Glu Leu Glu Glu Lys Glu Lys Ala Asn Thr Asn Ala  
65 70 75 80

Glu Ser Glu Val Ala Ser Leu Asn Arg Lys Val Gln Met Val Glu Glu  
85 90 95

Asp Leu Glu Arg Ser Glu Glu Arg Ser Gly Thr Ala Gln Gln Lys Leu  
100 105 110

Ser Glu Ala Ser His Ala Ala Asp Glu Ala Ser Arg Met Cys Lys Val  
115 120 125

Leu Glu Asn Arg Ser Gln Gln Asp Glu Glu Arg Met Asp Gln Leu Thr  
130 135 140

Asn Gln Leu Lys Glu Ala Arg Leu Leu Ala Glu Asp Ala Asp Gly Lys  
145 150 155 160

Ser Asp Glu Val Ser Arg Lys Leu Ala Phe Val Glu Asp Glu Leu Glu  
165 170 175

Val Ala Glu Asp Arg Val Lys Ser Gly Asp Ser Lys Ile Met Glu Leu  
180 185 190

Glu Glu Glu Leu Lys Val Val Gly Asn Ser Leu Lys Ser Leu Glu Val  
195 200 205

5

ES 2 660 018 T3

Ser Glu Glu Lys Ala Asn Gln Arg Val Glu Glu Tyr Lys Arg Gln Ile  
 210 215 220

Lys Gln Leu Thr Val Lys Leu Lys Glu Ala Glu Ala Arg Ala Glu Phe  
 225 230 235 240

Ala Glu Lys Thr Val Lys Lys Leu Gln Lys Glu Val Asp Arg Leu Glu  
 245 250 255

<210> 333

<211> 85

<212> PRT

5 <213> Lygus hesperus

<400> 333

Arg Ala Leu Gly Gln Asn Pro Thr Glu Ser Asp Val Lys Lys Phe Thr  
 1 5 10 15

His Gln His Lys Pro Asp Glu Arg Ile Ser Phe Glu Val Phe Leu Pro  
 20 25 30

Ile Tyr Gln Ala Ile Ser Lys Gly Arg Thr Ser Asp Thr Ala Glu Asp  
 35 40 45

Phe Ile Glu Gly Leu Arg His Phe Asp Lys Asp Gly Asn Gly Phe Ile  
 50 55 60

Ser Thr Ala Glu Leu Arg His Leu Leu Thr Thr Leu Gly Glu Lys Leu  
 65 70 75 80

Thr Asp Asp Glu Val  
 85

<210> 334

<211> 174

10 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 334

ES 2 660 018 T3

Met Ser Ser Arg Lys Thr Ala Gly Arg Arg Ala Thr Thr Lys Lys Arg  
 1 5 10 15

Ala Gln Arg Ala Thr Ser Asn Val Phe Ala Met Phe Asp Gln Ala Gln  
 20 25 30

Ile Gln Glu Phe Lys Glu Ala Phe Asn Met Ile Asp Gln Asn Arg Asp  
 35 40 45

Gly Phe Val Asp Lys Glu Asp Leu His Asp Met Leu Ala Ser Leu Gly  
 50 55 60

Lys Asn Pro Ser Asp Glu Tyr Leu Glu Gly Met Met Asn Glu Ala Pro  
 65 70 75 80

Gly Pro Ile Asn Phe Thr Met Phe Leu Thr Leu Phe Gly Glu Arg Leu  
 85 90 95

Gln Gly Thr Asp Pro Glu Glu Val Ile Lys Asn Ala Phe Gly Cys Phe  
 100 105 110

Asp Glu Asp Asn Asn Gly Phe Ile Asn Glu Glu Arg Leu Arg Glu Leu  
 115 120 125

Leu Thr Ser Met Gly Asp Arg Phe Thr Asp Glu Asp Val Asp Glu Met  
 130 135 140

Tyr Arg Glu Ala Pro Ile Lys Asn Gly Met Phe Asp Tyr Ile Glu Phe  
 145 150 155 160

Thr Arg Ile Leu Lys His Gly Ala Lys Asp Lys Asp Glu Gln  
 165 170

<210> 335

5 <211> 1881

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 335

ES 2 660 018 T3

Asp Leu Thr Cys Leu Asn Glu Ala Ser Val Leu His Asn Ile Lys Asp  
1 5 10 15

Arg Tyr Tyr Ser Gly Leu Ile Tyr Thr Tyr Ser Gly Leu Phe Cys Val  
20 25 30

Val Val Asn Pro Tyr Lys Lys Leu Pro Ile Tyr Thr Glu Arg Ile Met  
35 40 45

Glu Lys Tyr Lys Gly Val Lys Arg His Asp Leu Pro Pro His Val Phe  
50 55 60

Ala Ile Thr Asp Thr Ala Tyr Arg Ser Met Leu Gln Asp Arg Glu Asp  
65 70 75 80

Gln Ser Ile Leu Cys Thr Gly Glu Ser Gly Ala Gly Lys Thr Glu Asn  
85 90 95

ES 2 660 018 T3

Thr Lys Lys Val Ile Gln Tyr Leu Ala Tyr Val Ala Ala Ser Lys Pro  
 100 105 110  
 Lys Ser Ser Ala Ser Pro His Thr Ala Gln Ser Gln Ala Leu Ile Ile  
 115 120 125  
 Gly Glu Leu Glu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Asn Pro Ile Leu Glu Ala  
 130 135 140  
 Phe Gly Asn Ala Lys Thr Val Lys Asn Asp Asn Ser Ser Arg Phe Gly  
 145 150 155 160  
 Lys Phe Ile Arg Ile Asn Phe Asp Ala Ser Gly Tyr Ile Ala Gly Ala  
 165 170 175  
 Asn Ile Glu Thr Tyr Leu Leu Glu Lys Ser Arg Ala Ile Arg Gln Ala  
 180 185 190  
 Lys Asp Glu Arg Thr Phe His Ile Phe Tyr Gln Leu Leu Ala Gly Ala  
 195 200 205  
 Ser Ala Glu Gln Arg Lys Glu Phe Ile Leu Glu Asp Pro Lys Asn Tyr  
 210 215 220  
 Pro Phe Leu Ser Ser Gly Met Val Ser Val Pro Gly Val Asp Asp Gly  
 225 230 235 240  
 Val Asp Phe Gln Ala Thr Ile Ala Ser Met Ser Ile Met Gly Met Thr  
 245 250 255  
 Asn Asp Asp Leu Ser Ala Leu Phe Arg Ile Val Ser Ala Val Met Leu  
 260 265 270  
 Phe Gly Ser Met Gln Phe Lys Gln Glu Arg Asn Ser Asp Gln Ala Thr  
 275 280 285  
 Leu Pro Asp Asn Thr Val Ala Gln Lys Ile Ala His Leu Leu Gly Leu  
 290 295 300  
 Ser Ile Thr Glu Met Thr Lys Ala Phe Leu Arg Pro Arg Ile Lys Val  
 305 310 315 320  
 Gly Arg Asp Phe Val Thr Lys Ala Gln Thr Lys Glu Gln Val Glu Phe  
 325 330 335  
 Ala Val Glu Ala Ile Ser Lys Ala Cys Tyr Glu Arg Met Phe Arg Trp  
 340 345 350

ES 2 660 018 T3

Leu Val Asn Arg Ile Asn Arg Ser Leu Asp Arg Thr Lys Arg Gln Gly  
 355 360 365

Ala Ser Phe Ile Gly Ile Leu Asp Met Ala Gly Phe Glu Ile Phe Glu  
 370 375 380

Ile Asn Ser Phe Glu Gln Leu Cys Ile Asn Tyr Thr Asn Glu Lys Leu  
 385 390 395 400

Gln Gln Leu Phe Asn His Thr Met Phe Ile Leu Glu Gln Glu Glu Tyr  
 405 410 415

Gln Arg Glu Gly Ile Glu Trp Lys Phe Ile Asp Phe Gly Leu Asp Leu  
 420 425 430

Gln Pro Thr Ile Asp Leu Ile Asp Lys Pro Met Gly Val Met Ala Leu  
 435 440 445

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

Glu Lys Leu Val Gly Ala His Ser Val His Pro Lys Phe Ile Lys Thr  
 465 470 475 480

Asp Phe Arg Gly Val Ala Asp Phe Ala Val Val His Tyr Ala Gly Lys  
 485 490 495

Val Asp Tyr Ser Ala Ala Gln Trp Leu Met Lys Asn Met Asp Pro Leu  
 500 505 510

Asn Glu Asn Val Val Gln Leu Leu Gln Asn Ser Gln Asp Pro Phe Val  
 515 520 525

Ile His Ile Trp Lys Asp Ala Glu Ile Val Gly Met Ala His Gln Ala  
 530 535 540

Leu Ser Asp Thr Gln Phe Gly Ala Arg Thr Arg Lys Gly Met Phe Arg  
 545 550 555 560

Thr Val Ser Gln Leu Tyr Lys Asp Gln Leu Ser Lys Leu Met Ile Thr  
 565 570 575

Leu Arg Asn Thr Asn Pro Asn Phe Val Arg Cys Ile Leu Pro Asn His  
 580 585 590

Glu Lys Arg Ala Gly Lys Ile Asp Ala Pro Leu Val Leu Asp Gln Leu  
 595 600 605

ES 2 660 018 T3

Arg Cys Asn Gly Val Leu Glu Gly Ile Arg Ile Cys Arg Gln Gly Phe  
 610 615 620

Pro Asn Arg Ile Pro Phe Gln Glu Phe Arg Gln Arg Tyr Glu Leu Leu  
 625 630 635 640

Thr Pro Asn Val Ile Pro Lys Gly Phe Met Asp Gly Lys Lys Ala Cys  
 645 650 655

Glu Lys Met Ile Asn Ala Leu Glu Leu Asp Pro Asn Leu Tyr Arg Val  
 660 665 670

Gly Gln Ser Lys Ile Phe Phe Arg Ala Gly Val Leu Ala His Leu Glu  
 675 680 685

Glu Glu Arg Asp Tyr Lys Ile Thr Asp Leu Ile Ala Asn Phe Arg Ala  
 690 695 700

Phe Cys Arg Gly Tyr Leu Ala Arg Arg Asn Tyr Gln Lys Arg Leu Gln  
 705 710 715 720

Gln Leu Asn Ala Ile Arg Ile Ile Gln Arg Asn Cys Ser Ala Tyr Leu  
 725 730 735

Lys Leu Arg Asn Trp Gln Trp Trp Arg Leu Tyr Thr Lys Val Lys Pro  
 740 745 750

Leu Leu Glu Val Thr Lys Gln Glu Glu Lys Leu Thr Gln Lys Glu Asp  
 755 760 765

Glu Leu Lys Gln Val Arg Glu Lys Leu Asp Asn Gln Val Arg Ser Lys  
 770 775 780

Glu Glu Tyr Glu Lys Arg Leu Gln Asp Ala Leu Glu Glu Lys Ala Ala  
 785 790 795 800

Leu Ala Glu Gln Leu Gln Ala Glu Val Glu Leu Cys Ala Glu Ala Glu  
 805 810 815

Glu Met Arg Ala Arg Leu Ala Val Arg Lys Gln Glu Leu Glu Glu Ile  
 820 825 830

Leu His Asp Leu Glu Ala Arg Ile Glu Glu Glu Glu Gln Arg Asn Thr  
 835 840 845

Val Leu Ile Asn Glu Lys Lys Lys Leu Thr Leu Asn Ile Ala Asp Leu



ES 2 660 018 T3

His Glu Val Ser Leu Thr Glu Met Arg His Lys His Thr Gln Glu  
 1100 1105 1110

Val Ala Ala Leu Asn Glu Gln Leu Glu Gln Leu Lys Lys Ala Lys  
 1115 1120 1125

Ser Ala Leu Glu Lys Ser Lys Ala Gln Leu Glu Gly Glu Ala Ala  
 1130 1135 1140

Glu Leu Ala Asn Glu Leu Glu Thr Ala Gly Thr Ser Lys Gly Glu  
 1145 1150 1155

Ser Glu Arg Lys Arg Lys Gln Ala Glu Ser Ser Leu Gln Glu Leu  
 1160 1165 1170

Ser Ser Arg Leu Leu Glu Met Glu Arg Thr Lys Ala Glu Leu Gln  
 1175 1180 1185

Glu Arg Val Gln Lys Leu Ser Ala Glu Ala Asp Ser Val Asn Gln  
 1190 1195 1200

Gln Leu Glu Ala Ala Glu Leu Lys Ala Ser Ala Ala Leu Lys Ala  
 1205 1210 1215

Ser Gly Thr Leu Glu Thr Gln Leu Gln Glu Ala Gln Val Leu Leu  
 1220 1225 1230

Glu Glu Glu Thr Arg Gln Lys Leu Ser Leu Thr Thr Lys Leu Lys  
 1235 1240 1245

Gly Leu Glu Ser Glu Arg Asp Ala Leu Lys Glu Gln Leu Tyr Glu  
 1250 1255 1260

Glu Asp Glu Gly Arg Lys Asn Leu Glu Lys Gln Met Ala Ile Leu  
 1265 1270 1275

Asn Gln Gln Val Ala Glu Ser Lys Lys Lys Ser Glu Glu Glu Thr  
 1280 1285 1290

Glu Lys Ile Thr Glu Leu Glu Glu Ser Arg Lys Lys Leu Leu Lys  
 1295 1300 1305

Asp Ile Glu Ile Leu Gln Arg Gln Val Glu Glu Leu Gln Val Thr  
 1310 1315 1320

Asn Asp Lys Leu Glu Lys Gly Lys Lys Lys Leu Gln Ser Glu Leu  
 1325 1330 1335

ES 2 660 018 T3

Glu Asp Leu Thr Ile Asp Leu Glu Ser Gln Arg Thr Lys Val Val  
 1340 1345 1350  
  
 Glu Leu Glu Lys Lys Gln Arg Asn Phe Asp Lys Val Leu Ala Glu  
 1355 1360 1365  
  
 Glu Lys Ala Leu Ser Gln Gln Ile Thr His Glu Arg Asp Ala Ala  
 1370 1375 1380  
  
 Glu Arg Glu Ala Arg Glu Lys Glu Thr Arg Val Leu Ser Leu Thr  
 1385 1390 1395  
  
 Arg Glu Leu Asp Glu Phe Met Glu Lys Ile Glu Glu Leu Glu Arg  
 1400 1405 1410  
  
 Ser Lys Arg Gln Leu Gln Ala Glu Leu Asp Glu Leu Val Asn Asn  
 1415 1420 1425  
  
 Gln Gly Thr Thr Asp Lys Ser Val His Glu Leu Glu Arg Ala Lys  
 1430 1435 1440  
  
 Arg Val Leu Glu Ser Gln Leu Ala Glu Gln Lys Ala Gln Asn Glu  
 1445 1450 1455  
  
 Glu Leu Glu Asp Glu Leu Gln Met Thr Glu Asp Ala Lys Leu Arg  
 1460 1465 1470  
  
 Leu Glu Val Asn Met Gln Ala Leu Arg Ala Gln Phe Glu Arg Asp  
 1475 1480 1485  
  
 Leu Gln Gly Lys Glu Glu Ser Gly Glu Glu Lys Arg Arg Gly Leu  
 1490 1495 1500  
  
 Leu Lys Gln Leu Arg Asp Ile Glu Ala Glu Leu Glu Asp Glu Arg  
 1505 1510 1515  
  
 Lys Gln Arg Thr Ala Ala Val Ala Ser Arg Lys Lys Ile Glu Ala  
 1520 1525 1530  
  
 Asp Phe Lys Asp Val Glu Gln Gln Leu Glu Met His Thr Lys Val  
 1535 1540 1545  
  
 Lys Glu Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Lys Cys Gln Val Gln Leu  
 1550 1555 1560  
  
 Lys Asp Ala Ile Arg Asp Ala Glu Glu Ala Arg Leu Gly Arg Glu  
 1565 1570 1575

ES 2 660 018 T3

Glu Leu Gln Ala Ala Ala Lys Glu Ala Glu Arg Lys Trp Lys Gly  
 1580 1585 1590  
  
 Leu Glu Thr Glu Leu Ile Gln Val Gln Glu Asp Leu Met Ala Ser  
 1595 1600 1605  
  
 Glu Arg Gln Arg Arg Ala Ala Glu Ala Glu Arg Asp Glu Val Val  
 1610 1615 1620  
  
 Glu Glu Ala Asn Lys Asn Val Lys Ser Leu Ser Asn Leu Leu Asp  
 1625 1630 1635  
  
 Glu Lys Lys Arg Leu Glu Ala Gln Cys Ser Gly Leu Glu Glu Glu  
 1640 1645 1650  
  
 Leu Glu Glu Glu Leu Ser Asn Asn Glu Ala Leu Gln Asp Lys Ala  
 1655 1660 1665  
  
 Arg Lys Ala Gln Leu Ser Val Glu Gln Leu Asn Ala Glu Leu Ala  
 1670 1675 1680  
  
 Ala Glu Arg Ser Asn Val Gln Lys Leu Glu Gly Thr Arg Leu Ser  
 1685 1690 1695  
  
 Met Glu Arg Gln Asn Lys Glu Leu Lys Ala Lys Leu Asn Glu Leu  
 1700 1705 1710  
  
 Glu Thr Leu Gln Arg Asn Lys Phe Lys Ala Asn Ala Ser Leu Glu  
 1715 1720 1725  
  
 Ala Lys Ile Thr Asn Leu Glu Glu Gln Leu Glu Asn Glu Ala Lys  
 1730 1735 1740  
  
 Glu Lys Leu Leu Leu Gln Lys Gly Asn Arg Lys Leu Asp Lys Lys  
 1745 1750 1755  
  
 Ile Lys Asp Leu Leu Val Gln Leu Glu Asp Glu Arg Arg His Ala  
 1760 1765 1770  
  
 Asp Gln Tyr Lys Glu Gln Val Glu Lys Ile Asn Val Arg Val Lys  
 1775 1780 1785  
  
 Thr Leu Lys Arg Thr Leu Asp Asp Ala Glu Glu Glu Met Ser Arg  
 1790 1795 1800  
  
 Glu Lys Thr Gln Lys Arg Lys Ala Leu Arg Glu Leu Glu Asp Leu

ES 2 660 018 T3

1805 1810 1815

Arg Glu Asn Tyr Asp Ser Leu Leu Arg Glu Asn Asp Asn Leu Lys  
1820 1825 1830

Asn Lys Leu Arg Arg Gly Gly Gly Ile Ser Gly Ile Ser Ser Arg  
1835 1840 1845

Leu Gly Gly Ser Lys Arg Gly Ser Ile Pro Gly Glu Asp Ser Gln  
1850 1855 1860

Gly Leu Asn Asn Thr Thr Asp Glu Ser Val Asp Gly Asp Asp Ile  
1865 1870 1875

Ser Asn Pro  
1880

<210> 336

<211> 108

<212> PRT

5 <213> *Lygus hesperus*

<400> 336

Lys Lys Ile Leu Glu Glu Ile Ile Ala Glu Val Asp Ala Asp Gly Ser  
1 5 10 15

Gly Gln Leu Glu Phe Glu Glu Phe Val Ala Leu Ala Ala Gly Phe Leu  
20 25 30

Thr Glu Asp Glu Thr Gln Asp Ala Glu Ala Met Gln Gln Glu Leu Arg  
35 40 45

Glu Ala Phe Arg Leu Tyr Asp Lys Glu Gly Asn Gly Tyr Ile Thr Thr  
50 55 60

Asp Val Leu Arg Glu Ile Leu Lys Glu Leu Asp Asp Lys Ile Thr Ser  
65 70 75 80

Gln Glu Leu Asp Met Met Ile Ala Glu Ile Asp Ser Asp Gly Ser Gly  
85 90 95

Thr Val Asp Phe Asp Glu Phe Met Glu Met Met Thr  
100 105

<210> 337

<211> 141

ES 2 660 018 T3

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 337

Ile Pro Ile Met Thr Ile Ala Leu Asn Ala Phe Asp Arg Asp His Ser  
1 5 10 15

Gly Ser Ile Pro Thr Asp Met Val Ala Asp Ile Leu Arg Leu Met Gly  
20 25 30

Gln Pro Phe Asn Lys Lys Ile Leu Asp Glu Leu Ile Glu Glu Val Asp  
35 40 45

Ala Asp Lys Ser Gly Arg Leu Glu Phe Glu Glu Phe Ile Thr Leu Ala  
50 55 60

Ala Lys Phe Ile Val Glu Glu Asp Asp Glu Ala Met Gln Lys Glu Leu  
65 70 75 80

Arg Glu Ala Phe Arg Leu Tyr Asp Lys Glu Gly Asn Gly Tyr Ile Pro  
85 90 95

Thr Ser Cys Leu Lys Glu Ile Leu His Glu Leu Asp Glu Gln Leu Thr  
100 105 110

Asn Glu Glu Leu Asp Met Ile Ile Glu Glu Ile Asp Ser Asp Gly Ser  
115 120 125

Gly Thr Val Asp Phe Asp Glu Phe Met Glu Met Met Thr  
130 135 140

5 <210> 338

<211> 58

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 338

ES 2 660 018 T3

Trp Val Lys Glu Gly Ala Cys Ser Glu Gln Ser Ser Arg Met Thr Ala  
1 5 10 15

Met Asp Asn Ala Ser Lys Asn Ala Ala Glu Met Ile Asp Lys Leu Thr  
20 25 30

Leu Thr Phe Asn Arg Thr Arg Gln Ala Val Ile Thr Arg Glu Leu Ile  
35 40 45

Glu Ile Ile Ser Gly Ala Ser Ala Leu Glu  
50 55

<210> 339

<211> 130

<212> PRT

5 <213> Lygus hesperus

<400> 339

<210> 340

<211> 131

<212> PRT

<213> *Lygus hesperus*

<400> 340

Val Asp Gly Gly Leu Asn Ile Pro His Ser Thr Lys Arg Phe Pro Gly  
1 5 10 15

Tyr Asp Ser Glu Ser Lys Glu Phe Asn Ala Glu Val His Arg Lys His  
20 25 30

Ile Phe Gly Ile His Val Ala Asp Tyr Met Arg Gln Leu Ala Glu Glu  
35 40 45

5 Asp Asp Asp Ala Tyr Lys Lys Gln Phe Ser Gln Tyr Val Lys Asn Gly  
50 55 60

Val Thr Ala Asp Ser Ile Glu Ser Ile Tyr Lys Lys Ala His Glu Ala  
65 70 75 80

Ile Arg Ala Asp Pro Thr Arg Lys Pro Leu Glu Lys Lys Glu Val Lys  
85 90 95

Lys Lys Arg Trp Asn Arg Ala Lys Leu Ser Leu Ser Glu Arg Lys Asn  
100 105 110

Thr Ile Asn Gln Lys Lys Ala Thr Tyr Leu Lys Lys Val Glu Ala Gly  
115 120 125

Glu Ile Glu  
130

<210> 341

<211> 214

10 <212> PRT

<213> *Lygus hesperus*

<400> 341

ES 2 660 018 T3

Met Ala Pro Lys Gly Asn Asn Met Ile Pro Asn Gly His Phe His Lys  
 1 5 10 15

Asp Trp Gln Arg Phe Ile Lys Thr Trp Phe Asn Gln Pro Ala Arg Lys  
 20 25 30

Leu Arg Arg Arg Asn Lys Arg Leu Glu Lys Ala Gln Arg Leu Ala Pro  
 35 40 45

Arg Pro Ala Gly Pro Leu Arg Pro Ala Val Arg Cys Pro Thr Val Arg  
 50 55 60

Tyr His Thr Lys Leu Arg Pro Gly Arg Gly Phe Thr Leu Glu Glu Ile  
 65 70 75 80

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

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

Val Gln Arg Leu Lys Glu Tyr Arg Ala Lys Leu Ile Leu Phe Pro His  
 115 120 125

Lys Asn Ala Lys Lys Leu Lys Lys Gly Glu Ala Thr Glu Glu Glu Arg  
 130 135 140

Lys Val Ala Thr Gln Gln Pro Leu Pro Val Met Pro Ile Lys Gln Pro  
 145 150 155 160

Val Ile Lys Phe Lys Ala Arg Val Ile Thr Asp Asp Glu Lys Lys Tyr  
 165 170 175

Ser Ala Phe Thr Ala Leu Arg Lys Gly Arg Ala Asp Gln Arg Leu Val  
 180 185 190

Gly Ile Arg Ala Lys Arg Ala Lys Glu Ala Ala Glu Asn Ala Glu Asp  
 195 200 205

Pro Ser Lys Ala Pro Lys  
 210

<210> 342

5 <211> 134

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 342

Met Asp Ile Glu Glu Pro Ala Ala Ala Pro Thr Glu Pro Ser Asp Val  
1 5 10 15

Asn Thr Ala Leu Gln Glu Val Leu Lys Ala Ala Leu Gln His Gly Val  
20 25 30

Val Val His Gly Ile His Glu Ser Ala Lys Ala Leu Asp Lys Arg Gln  
35 40 45

Ala Leu Leu Cys Val Leu Ala Glu Asn Cys Asp Glu Pro Met Tyr Lys  
50 55 60

Lys Leu Val Gln Ala Leu Cys Ser Glu His His Ile Pro Leu Val Lys  
65 70 75 80

Val Asp Ser Asn Lys Lys Leu Gly Glu Trp Thr Gly Leu Cys Lys Ile  
85 90 95

Asp Lys Thr Gly Lys Ser Arg Lys Ile Val Gly Cys Ser Cys Val Val  
100 105 110

Ile Lys Asp Trp Gly Glu Asp Thr Pro His Leu Asp Leu Leu Lys Asp  
115 120 125

Tyr Ile Arg Asp Val Phe  
130

<210> 343

<211> 148

5 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 343

ES 2 660 018 T3

Met Lys Met Asn Lys Leu Val Thr Ser Ser Arg Arg Lys Asn Arg Lys  
1 5 10 15

Arg His Phe Thr Ala Pro Ser His Ile Arg Arg Lys Leu Met Ser Ala  
20 25 30

Pro Leu Ser Lys Glu Leu Arg Gln Lys Tyr Asn Val Arg Thr Met Pro  
35 40 45

Val Arg Lys Asp Asp Glu Val Gln Val Val Arg Gly His Tyr Lys Gly  
50 55 60

Gln Gln Val Gly Lys Val Leu Gln Val Tyr Arg Lys Lys Phe Ile Ile  
65 70 75 80

Tyr Ile Glu Arg Ile Gln Arg Glu Lys Ala Asn Gly Ala Ser Val Tyr  
85 90 95

Val Gly Ile His Pro Ser Lys Cys Val Ile Val Lys Leu Lys Val Asp  
100 105 110

Lys Asp Arg Lys Glu Ile Leu Asp Arg Arg Ser Lys Gly Arg Asp Leu  
115 120 125

Ala Leu Gly Lys Asp Lys Gly Lys Tyr Thr Glu Asp Ser Thr Thr Ala  
130 135 140

Met Asp Thr Ser  
145

<210> 344

<211> 65

<212> PRT

5 <213> Lygus hesperus

<400> 344

Met Glu Lys Pro Val Val Leu Ala Arg Val Ile Lys Ile Leu Gly Arg  
1 5 10 15

Thr Gly Ser Gln Gly Gln Cys Thr Gln Val Lys Val Glu Phe Ile Gly  
20 25 30

ES 2 660 018 T3

Glu Gln Asn Arg Gln Ile Ile Arg Asn Val Lys Gly Pro Val Arg Glu  
 35 40 45

Gly Asp Ile Leu Thr Leu Leu Glu Ser Glu Arg Glu Ala Arg Arg Leu  
 50 55 60

Arg  
 65

<210> 345

<211> 229

<212> PRT

5 <213> Lygus hesperus

<400> 345

Leu Phe Tyr Phe Pro Phe Ser Arg Lys Trp Gly Asp Val Gln Arg Gly  
 1 5 10 15

Val Ile Gly Thr Val Lys Thr Ser His Thr Pro Lys Ser Arg Phe Cys  
 20 25 30

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

Lys Ala Arg Val Glu Asp Phe Pro Leu Cys Val His Leu Val Ser Asp  
 50 55 60

Glu Tyr Glu Gln Leu Ser Ser Glu Ala Leu Glu Ala Gly Arg Ile Cys  
 65 70 75 80

Cys Asn Lys Tyr Leu Val Lys Asn Cys Gly Lys Asp Gln Phe His Ile  
 85 90 95

Arg Met Arg Leu His Pro Phe His Val Ile Arg Ile Asn Lys Met Leu  
 100 105 110

Ser Cys Ala Gly Ala Asp Arg Leu Gln Thr Gly Met Arg Gly Ala Phe  
 115 120 125

Gly Lys Pro Gln Gly Thr Val Ala Arg Val Arg Ile Gly Gln Pro Ile  
 130 135 140

Met Ser Val Arg Ser Ser Asp Arg Tyr Lys Ala Ala Val Ile Lys Ala  
 145 150 155 160

Leu Arg Arg Ala Lys Phe Lys Phe Pro Gly Arg Gln Lys Ile Tyr Val  
 165 170 175

ES 2 660 018 T3

Ser Lys Lys Trp Gly Phe Thr Lys Phe Asp Arg Glu Glu Tyr Glu Gly  
180 185 190

Leu Arg Asn Asp Asn Lys Leu Ala Asn Asp Gly Cys Asn Val Lys Leu  
195 200 205

Arg Pro Asp His Gly Pro Leu Gln Ala Trp Arg Lys Ala Gln Leu Asp  
210 215 220

Ile Ala Ala Gly Leu  
225

<210> 346

<211> 220

5 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 346

ES 2 660 018 T3

Met Gly Arg Arg Pro Ala Arg Cys Tyr Arg Tyr Cys Lys Asn Lys Pro  
 1 5 10 15

Tyr Pro Lys Ser Arg Phe Cys Arg Gly Val Pro Asp Pro Lys Ile Arg  
 20 25 30

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

Cys Val His Leu Val Ser Asp Glu Tyr Glu Gln Leu Ser Ser Glu Ala  
 50 55 60

Leu Glu Ala Gly Arg Ile Cys Cys Asn Lys Tyr Leu Val Lys Asn Cys  
 65 70 75 80

Gly Lys Asp Gln Phe His Ile Arg Met Arg Leu His Pro Phe His Val  
 85 90 95

Ile Arg Ile Asn Lys Met Leu Ser Cys Ala Gly Ala Asp Arg Leu Gln  
 100 105 110

Thr Gly Met Arg Gly Ala Phe Gly Lys Pro Gln Gly Thr Val Ala Arg  
 115 120 125

Val Arg Ile Gly Gln Pro Ile Met Ser Val Arg Ser Ser Asp Arg Tyr  
 130 135 140

Lys Ala Ala Val Ile Glu Ala Leu Arg Arg Ala Lys Phe Lys Phe Pro  
 145 150 155 160

Gly Arg Gln Lys Ile Tyr Val Ser Lys Lys Trp Gly Phe Thr Lys Phe  
 165 170 175

Asp Arg Glu Glu Tyr Glu Gly Leu Arg Asn Asp Asn Lys Leu Ala Asn  
 180 185 190

Gly Gly Cys Asn Val Lys Leu Arg Pro Asp His Gly Pro Leu Gln Ala  
 195 200 205

Trp Arg Lys Ala Gln Leu Asp Ile Ala Ala Gly Leu  
 210 215 220

<210> 347

5 <211> 159

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

ES 2 660 018 T3

<400> 347

Met Thr Asn Ser Lys Gly Tyr Arg Arg Gly Thr Arg Asp Leu Phe Ser  
1 5 10 15

Arg Pro Phe Arg His His Gly Val Ile Pro Leu Ser Thr Tyr Met Lys  
20 25 30

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

Gln Lys Gly Met Pro His Lys Val Tyr His Gly Lys Thr Gly Arg Val  
50 55 60

Tyr Asn Val Thr Pro Arg Ala Leu Gly Val Ile Val Asn Lys Arg Val  
65 70 75 80

Arg Gly Lys Ile Leu Pro Lys Arg Ile Asn Ile Arg Ile Glu His Val  
85 90 95

Asn His Ser Lys Cys Arg Glu Asp Phe Leu Lys Arg Val Arg Glu Asn  
100 105 110

Glu Arg Leu Arg Lys Phe Ala Lys Glu Thr Gly Thr Arg Val Glu Leu  
115 120 125

Lys Arg Gln Pro Ala Gln Pro Arg Pro Ala His Phe Val Gln Ala Lys  
130 135 140

Glu Val Pro Glu Leu Leu Ala Pro Ile Pro Tyr Glu Phe Ile Ala  
145 150 155

<210> 348

<211> 131

5 <212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 348

ES 2 660 018 T3

Thr Tyr Met Lys Val Tyr Arg Val Gly Asp Ile Val Ser Ile Lys Gly  
1 5 10 15

Asn Gly Ala Val Gln Lys Gly Met Pro His Lys Val Tyr His Gly Lys  
20 25 30

Thr Gly Arg Val Tyr Asn Val Thr Pro Arg Ala Leu Gly Val Ile Val  
35 40 45

Asn Lys Arg Val Arg Gly Lys Ile Leu Pro Lys Arg Ile Asn Ile Arg  
50 55 60

Ile Glu His Val Asn His Ser Lys Cys Arg Glu Asp Phe Leu Lys Arg  
65 70 75 80

Val Arg Glu Asn Glu Arg Leu Arg Lys Phe Ala Lys Glu Thr Gly Thr  
85 90 95

Arg Val Glu Leu Lys Arg Gln Pro Ala Gln Pro Arg Pro Ala His Phe  
100 105 110

Val Gln Ala Lys Glu Val Pro Glu Leu Leu Ala Pro Ile Pro Tyr Glu  
115 120 125

Phe Ile Ala  
130

<210> 349

<211> 150

<212> PRT

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 349

Lys Lys Ala Lys Lys Gly Phe Met Thr Pro Glu Arg Lys Lys Lys Leu  
1 5 10 15

Arg Leu Leu Leu Arg Lys Lys Ala Ala Glu Glu Leu Lys Lys Glu Gln  
20 25 30

Glu Arg Lys Ala Ala Glu Arg Arg Arg Ile Ile Glu Glu Arg Cys Gly  
35 40 45

Lys Pro Lys Leu Ile Asp Glu Ala Asn Glu Glu Gln Val Arg Asn Tyr

ES 2 660 018 T3

50

55

60

Cys Lys Leu Tyr His Gly Arg Ile Ala Lys Leu Glu Asp Gln Lys Phe  
65 70 75 80

Asp Leu Glu Tyr Leu Val Lys Lys Lys Asp Met Glu Ile Ala Glu Leu  
85 90 95

Asn Ser Gln Val Asn Asp Leu Arg Gly Lys Phe Val Lys Pro Thr Leu  
100 105 110

Lys Lys Val Ser Lys Tyr Glu Asn Lys Phe Ala Lys Leu Gln Lys Lys  
115 120 125

Ala Ala Glu Phe Asn Phe Arg Asn Gln Leu Lys Val Val Lys Lys Lys  
130 135 140

Glu Phe Thr Leu Glu Glu  
145 150

<210> 350

<211> 279

<212> PRT

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 350

ES 2 660 018 T3

Gln Trp Tyr Gln Arg Arg Val Arg Gly Asp Ile Glu Glu Lys Arg Gln  
 1 5 10 15

Arg Leu Glu Glu Ala Glu Lys Lys Arg Gln Ala Met Met Gln Ala Leu  
 20 25 30

Lys Asp Gln Asn Lys Asn Lys Gly Pro Asn Phe Thr Ile Thr Lys Arg  
 35 40 45

Asp Ala Ser Ser Asn Leu Ser Ala Ala Gln Leu Glu Arg Asn Lys Thr  
 50 55 60

Lys Glu Gln Leu Glu Glu Glu Lys Lys Ile Ser Leu Ser Ile Arg Ile  
 65 70 75 80

Lys Pro Leu Val Val Asp Gly Leu Gly Val Asp Lys Leu Arg Leu Lys  
 85 90 95

Ala Gln Glu Leu Trp Glu Cys Ile Val Lys Leu Glu Thr Glu Lys Tyr  
 100 105 110

Asp Leu Glu Glu Arg Gln Lys Arg Gln Asp Tyr Asp Leu Lys Glu Leu



ES 2 660 018 T3

Ala Leu Gln Asn Glu Leu Glu Glu Ser Arg Thr Leu Leu Glu Gln Ala  
1                   5                   10                   15

Asp Arg Ala Arg Arg Gln Ala Glu Gln Glu Leu Gly Asp Ala His Glu  
          20                   25                   30

Gln Leu Asn Asp Leu Gly Ala Gln Asn Gly Ser Leu Ser Ala Ala Lys  
          35                   40                   45

Arg Lys Leu Glu Thr Glu Leu Gln Thr Leu His Ser Asp Leu Asp Glu

ES 2 660 018 T3

50

55

60

Leu Leu Asn Glu Ala Lys Asn Ser Glu Glu Lys Ala Lys Lys Ala Met  
65 70 75 80

Val Asp Ala Ala Arg Leu Ala Asp Glu Leu Arg Ala Glu Gln Asp His  
85 90 95

Ala Gln Thr Gln Glu Lys Leu Arg Lys Ala Leu Glu Ser Gln Ile Lys  
100 105 110

Asp Leu Gln Val Arg Leu Asp Glu Ala Glu Ala Asn Ala Leu Lys Gly  
115 120 125

Gly Lys Lys Ala Ile Ala Lys Leu Glu Gln Arg Val Arg Glu Leu Glu  
130 135 140

Asn Glu Leu Asp Gly Glu Gln Arg Arg His Ala Asp Ala Gln Lys Asn  
145 150 155 160

Leu Arg Lys Ser Glu Arg Arg Ile Lys Glu Leu Ser Leu Gln Ala Glu  
165 170 175

Glu Asp Arg Lys Asn His Glu Lys Met Gln Asp Leu Val Asp Lys Leu  
180 185 190

Gln Gln Lys Ile Lys Thr His Lys Arg Gln Ile Glu Glu Ala Glu Glu  
195 200 205

Ile Ala Ala Leu Asn Leu Ala Lys Phe Arg Lys Ala Gln Gln Glu Leu  
210 215 220

Glu Glu Ala Glu Glu Arg Ala Asp Leu Ala Glu Gln Ala Ile Val Lys  
225 230 235 240

Phe Arg Thr Lys Gly Arg Ser Gly Ser Ala Ala Arg Gly Ala Ser Pro  
245 250 255

Ala Pro Gln Arg Gln Arg Pro Thr Phe Gly Met Gly Asp Ser Leu Gly  
260 265 270

Gly Ala Phe Pro Pro Arg Phe Asp Leu Ala Pro Asp Phe Glu  
275 280 285

<210> 352

<211> 197

<212> PRT

5 <213> nilaparvata lugens

ES 2 660 018 T3

<400> 352

Met Ala Asp Asp Glu Ala Lys Lys Ala Lys Gln Ala Glu Ile Asp Arg  
1 5 10 15

Lys Arg Ala Glu Val Arg Lys Arg Met Glu Glu Ala Ser Lys Ala Lys  
20 25 30

Lys Ala Lys Lys Gly Phe Met Thr Pro Asp Arg Lys Lys Lys Leu Arg  
35 40 45

Leu Leu Leu Arg Lys Lys Ala Ala Glu Glu Leu Lys Lys Glu Gln Glu  
50 55 60

Arg Lys Ala Ala Glu Arg Arg Arg Ile Ile Glu Glu Arg Cys Gly Lys  
65 70 75 80

Ala Val Asp Leu Asp Asp Gly Ser Glu Glu Lys Val Lys Ala Thr Leu  
85 90 95

Lys Thr Tyr His Asp Arg Ile Gly Lys Leu Glu Asp Glu Lys Phe Asp  
100 105 110

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

Ser Gln Val Asn Asp Leu Arg Gly Lys Phe Val Lys Pro Thr Leu Lys  
130 135 140

Lys Val Ser Lys Tyr Glu Asn Lys Phe Ala Lys Leu Gln Lys Lys Ala  
145 150 155 160

Ala Glu Phe Asn Phe Arg Asn Gln Leu Lys Val Val Lys Lys Lys Glu  
165 170 175

Phe Thr Leu Glu Glu Glu Asp Lys Glu Pro Lys Lys Ser Glu Lys Ala  
180 185 190

Glu Trp Gln Lys Lys  
195

<210> 353

<211> 184

5 <212> PRT

<213> nilaparvata lugens

<400> 353

ES 2 660 018 T3

Met Met Ala Ala Leu Lys Asp Gln Ser Lys Ser Lys Gly Pro Asn Phe

1                    5                    10                    15

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

Arg Asn Lys Thr Lys Glu Gln Leu Glu Glu Lys Lys Ile Ser Leu  
35                    40                    45

Ser Phe Arg Ile Lys Pro Leu Ala Ile Glu Asn Met Ser Ile Asn Ala  
50                    55                    60

Leu Arg Ala Lys Ala Gln Glu Leu Trp Asp Cys Ile Val Lys Leu Glu  
65                    70                    75                    80

Thr Glu Lys Tyr Asp Leu Glu Glu Arg Gln Lys Arg Gln Asp Tyr Asp  
85                    90                    95

Leu Lys Glu Leu Lys Glu Arg Gln Lys Gln Gln Leu Arg His Lys Ala  
100                    105                    110

Leu Lys Lys Gly Leu Asp Pro Glu Ala Leu Thr Gly Lys Tyr Pro Pro  
115                    120                    125

Lys Ile Gln Val Ala Ser Lys Tyr Glu Arg Arg Val Asp Thr Arg Ser  
130                    135                    140

Tyr Asp Asp Lys Lys Lys Leu Phe Glu Gly Gly Trp Asp Thr Leu Thr  
145                    150                    155                    160

Ser Glu Thr Asn Glu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Asn Asp Gln Phe Ser  
165                    170                    175

Asn Arg Ser Lys Ala Lys Leu Pro  
180

<210> 354

5 <211> 122

<212> PRT

<213> nilaparvata lugens

<400> 354

ES 2 660 018 T3

Ala Phe Asp Arg Glu Arg Ser Gly Ser Ile Pro Thr Asp Met Val Ala  
1 5 10 15

Asp Ile Leu Arg Leu Met Gly Gln Pro Phe Asn Lys Lys Ile Leu Asp  
20 25 30

Glu Leu Ile Glu Glu Val Asp Ala Asp Lys Ser Gly Arg Leu Glu Phe

35 40 45

Asp Glu Phe Val Thr Leu Ala Ala Lys Phe Ile Val Glu Glu Asp Asp  
50 55 60

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

Glu Gly Asn Gly Tyr Ile Pro Thr Ser Cys Leu Lys Glu Ile Leu Arg  
85 90 95

Glu Leu Asp Asp Gln Leu Thr Asn Glu Glu Leu Asn Met Met Ile Asp  
100 105 110

Glu Ile Asp Ser Asp Gly Ser Gly Thr Val  
115 120

<210> 355

5 <211> 73

<212> PRT

<213> nilaparvata lugens

<400> 355

Val Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Pro Ser  
1 5 10 15

Asp Thr Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile  
20 25 30

Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp  
35 40 45

Gly Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His  
50 55 60

Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Thr  
65 70

<210> 356

<211> 253

<212> PRT

<213> Acyrthosiphon pisum

5 <400> 356

Met Ala Asp Asp Glu Ala Lys Lys Ala Lys Gln Ala Glu Ile Asp Arg  
1 5 10 15

Lys Arg Ala Glu Val Arg Lys Arg Met Glu Glu Ala Ser Lys Ala Lys  
20 25 30

ES 2 660 018 T3

Lys Ala Lys Lys Gly Phe Met Thr Pro Asp Arg Lys Lys Lys Leu Arg  
 35 40 45

Leu Leu Leu Lys Lys Lys Ala Ala Glu Glu Leu Lys Lys Glu Gln Glu  
 50 55 60

Arg Lys Ala Ala Glu Arg Arg Arg Ile Ile Glu Glu Arg Cys Gly Gln  
 65 70 75 80

Pro Lys Asn Ile Asp Asp Ala Gly Glu Glu Glu Leu Ala Glu Ile Cys  
 85 90 95

Glu Glu Leu Trp Lys Arg Val Tyr Thr Val Glu Gly Ile Lys Phe Asp  
 100 105 110

Leu Glu Arg Asp Ile Arg Met Lys Val Phe Glu Ile Ser Glu Leu Asn  
 115 120 125

Ser Gln Val Asn Asp Leu Arg Gly Lys Phe Val Lys Pro Thr Leu Lys  
 130 135 140

Lys Val Ser Lys Tyr Glu Asn Lys Phe Ala Lys Leu Gln Lys Lys Ala  
 145 150 155 160

Ala Glu Phe Asn Phe Arg Asn Gln Leu Lys Val Val Lys Lys Lys Glu  
 165 170 175

Phe Thr Leu Glu Glu Glu Asp Lys Glu Lys Lys Pro Asp Trp Ser Lys  
 180 185 190

Lys Gly Asp Glu Lys Lys Gly Glu Gly Glu Asp Gly Asp Gly Thr Glu  
 195 200 205

Asp Glu Lys Thr Asp Asp Gly Leu Thr Thr Glu Gly Glu Ser Val Ala  
 210 215 220

Gly Asp Leu Thr Asp Ala Thr Glu Asp Ala Gln Ser Asp Asn Glu Ile  
 225 230 235 240

Leu Glu Pro Glu Pro Val Val Glu Pro Glu Pro Glu Pro  
 245 250

<210> 357

<211> 179

<212> PRT

5 <213> Acyrthosiphon pisum

<400> 357

ES 2 660 018 T3

Val Met Arg Cys Gly Lys Lys Lys Val Trp Leu Asp Pro Asn Glu Ile  
1 5 10 15

Asn Glu Ile Ala Asn Thr Asn Ser Arg Gln Asn Ile Arg Lys Leu Ile  
20 25 30

Lys Asp Gly Leu Ile Ile Lys Lys Pro Val Ala Val His Ser Arg Ala  
35 40 45

Arg Ala Arg Lys Asn Ala Asp Ala Arg Arg Lys Gly Arg His Cys Gly  
50 55 60

Phe Gly Lys Arg Lys Gly Thr Ala Asn Ala Arg Thr Pro Gln Lys Asp  
65 70 75 80

Leu Trp Val Lys Arg Met Arg Val Leu Arg Arg Leu Leu Lys Lys Tyr  
85 90 95

Arg Glu Ala Lys Lys Ile Asp Asn His Leu Tyr His Gln Leu Tyr Met  
100 105 110

Lys Ala Lys Gly Asn Val Phe Lys Asn Lys Arg Val Leu Met Glu Phe  
115 120 125

Ile His Lys Lys Lys Ala Glu Lys Ala Arg Ala Lys Met Leu Ser Asp  
130 135 140

Gln Ala Glu Ala Arg Arg Gln Lys Val Lys Glu Ala Arg Lys Arg Lys  
145 150 155 160

Glu Ala Arg Phe Leu Gln Asn Arg Lys Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Ala  
165 170 175

Arg Glu Asp

<210> 358

<211> 275

<212> PRT

5 <213> Acyrthosiphon pisum

<400> 358

Gly Leu Glu Val Glu Ser Ser Asp Ser Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys  
1 5 10 15

Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe  
20 25 30

ES 2 660 018 T3

Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile  
 35 40 45

Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met  
 50 55 60

Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val  
 65 70 75 80

Glu Ser Ser Asp Ser Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys  
 85 90 95

Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln  
 100 105 110

Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser  
 115 120 125

Thr Leu His Leu Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met Gln Ile Phe Val  
 130 135 140

Lys Thr Leu Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Ser Ser Asp  
 145 150 155 160

Ser Ile Glu Asn Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro  
 165 170 175

Pro Asp Gln Gln Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly  
 180 185 190

Arg Thr Leu Ser Asp Tyr Asn Ile Gln Lys Glu Ser Thr Leu His Leu  
 195 200 205

Val Leu Arg Leu Arg Gly Gly Met Gln Ile Phe Val Lys Thr Leu Thr  
 210 215 220

Gly Lys Thr Ile Thr Leu Glu Val Glu Ser Ser Asp Ser Ile Glu Asn  
 225 230 235 240

Val Lys Ala Lys Ile Gln Asp Lys Glu Gly Ile Pro Pro Asp Gln Gln  
 245 250 255

Arg Leu Ile Phe Ala Gly Lys Gln Leu Glu Asp Gly Arg Thr Leu Ser  
 260 265 270

Asp Tyr Asn

<210> 359

<211> 56

<212> PRT

<213> Acyrthosiphon pisum

5 <400> 359

Asp Leu Leu His Pro Thr Ala Ile Glu Glu Arg Arg Lys His Lys Leu  
1 5 10 15

Lys Arg Leu Val Gln His Pro Asn Ser Phe Phe Met Asp Val Lys Cys  
20 25 30

Pro Gly Cys Tyr Lys Ile Thr Thr Val Phe Ser His Ala Gln Ser Val  
35 40 45

Val Ile Cys Thr Gly Cys Ser Thr  
50 55

<210> 360

<211> 20

<212> ADN

10 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 360

atcatgcagg cgtacgcccg 20

15 <210> 361

<211> 19

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 361

5 cggagggggc gagatcact 19

<210> 362

<211> 62

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Amplicon

<400> 362

atcatgcagg cgtacgcccg agaagacgag gctgccgtca aaaagtgatc tcgccccctc 60

cg 62

<210> 363

15 <211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 363

tgtgttggt actggtggct ac 22

<210> 364

<211> 25

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 364

tcggatggaa ctggacaaat tcaag 25

10 <210> 365

<211> 137

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Amplicon

<400> 365

tgtgttggt actggtggct acggcagagc ttacttttca tgcacttcag ctcacacttg 60

cacgggagat ggccaagcaa tggtttcacg agctgggctt cccaacgaag atcttgaatt 120

tgtccagttc catccga 137

<210> 366

<211> 21

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 366

5 gcaaccctg ttctcaaag c 21

<210> 367

<211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 367

tcaactgta ttctgtact ttcaaacc 28

<210> 368

15 <211> 146

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Amplicon

20 <400> 368

ES 2 660 018 T3

gcaaccctg ttctccaaag ccagatacac tgtgcatcc ttcggtatca ggcgtaacga 60  
aaaaatcgcc gttcactgca ctgtcagggg cgccaaagca gaggaaattc tggagcgtgg 120  
tttgaagta cgagaatcag agttga 146

<210> 369

<211> 21

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 369

atggccgacg atgaagctaa g 21

10 <210> 370

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 370

tggttctggt tcgggttcaa 20

<210> 371

<211> 20

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 371

5 cggtaatgcg atgcbgtaag 20

<210> 372

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<400> 372

tcattcttctc gggcgtatgc 20

<210> 373

15 <211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <400> 373

tttgaagtt gagtcacag attcc 25

<210> 374

<211> 24

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 374

gttgtagtcg gaaaggtac gtcc 24

10 <210> 375

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 375

attgtggaac atccgtaca 20

<210> 376

<211> 23

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 376

5 aagacttgct tcatcctact gca 23

<210> 377

<211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<220>

<221> misc\_feature

<222> (20)..(20)

15 <223> n is a, c, g, or t

<400> 377

ccaagaaggc caagaagggn ttyatgac 28

<210> 378

<211> 29

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 378

5 tcctcctcca gggatgaactc ytttytytt 29

<210> 379

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Primer

<220>

<221> misc\_feature

<222> (21)..(21)

15 <223> n is a, c, g, or t

<220>

<221> misc\_feature

<222> (24)..(24)

<223> n is a, c, g, or t

20 <400> 379

gccaagaagg gcttcatgac nccnga 26

<210> 380

<211> 27

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 380

gaagttgaac tcggcggcyt tyttytg 27

10 <210> 381

<211> 26

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<220>

<221> misc\_feature

<222> (24)..(24)

<223> n is a, c, g, or t

20 <400> 381

ctggaggagg ccgagaaraa rmgnc 26

<210> 382

<211> 22

<212> ADN

5 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<220>

<221> misc\_feature

10 <222> (14)..(14)

<223> n is a, c, g, or t

<400> 382

tgccgggccg ctcncraac ca 22

<210> 383

15 <211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

20 <220>

<221> misc\_feature

<222> (20)..(20)

<223> n is a, c, g, or t

<220>

5 <221> misc\_feature

<222> (23)..(23)

<223> n is a, c, g, or t

<400> 383

agatcgccat cctgaggaan gcnttyra 28

10 <210> 384

<211> 31

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

15 <223> Primer

<400> 384

cggatcatcat ctccatgaac tcrtcraart c 31

<210> 385

<211> 170

20 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Intron

<400> 385

|   |   |     |
|---|---|-----|
|   | tctagaaggt aagtgtacac actacat                                     | 60  |
|   | ttt catgaacatt attgcgaccg ttgagattct                              |     |
|   | cattgtttgg tgattgatta tctaaagtag aagcatgaat agatataaca taaactagta | 120 |
| 5 | actaatgggt tagttatggg tataacttcat gcttttctct caggctcgag           | 170 |

<210> 386

<211> 521

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

10 <400> 386

|  |   |     |
|--|---|-----|
|  | tcgatttttc atttttcttt tattatttgg agtgggcctg ttgtggctgt tatcaaatg  | 60  |
|  | ggtaaaataa tgaaatctgg taaagtcgta ttggtccttg gaggccgata cgctggaaga | 120 |
|  | aaggcagtag tcataaaaaa ttacgatgat gggacgtcag ataaacaata tggacatgcc | 180 |
|  | gtggtggctg gaatcgatag gtaccctaga aaaatccaca aacgtatggg caaaggaaaa | 240 |
|  | atgcacaaga ggtccaaaat caagcccttc cttaaggtgc tcaactataa ccatttgatg | 300 |
|  | cctacaagat attcagtgga tttgactctg gacttgaaag tggcgcccaa agacctcaag | 360 |
|  | gatccagtga agaggaagaa gattaggttc caaaccagag ttaaattcga agagagatac | 420 |
|  | aagcaaggaa aacacaaatg gtttttccag aaattgaggt tctagattct ataaatttaa | 480 |
|  | ccattttgta atccaccac ctttttgttc aaataaattg t                      | 521 |

<210> 387

<211> 475

<212> ADN

15 <213> leptinotarsa decemlineata

ES 2 660 018 T3

<400> 387

|  |     |
|--|-----|
| tatcgcgaaa aatatacaac ttacaaaatg aggaacacgt atgagttgag ccctaaagaa  | 60  |
| gcagcaaatt tcaactcgtcg aaatttagca gatactcttc gaagcaggag tccatatcat | 120 |
| gttaatcttc tcttggtcg atagacaag aaagacgggg ctgagttgta ttacatggat    | 180 |
| tatctagcgt ctggtgctag tgttgattac gctgcccattg gatcaggagg atatttctcc | 240 |
| ctttccataa tggatcgcaa ttatttgaaa accctgtcga aagatcaagg atacgaactt  | 300 |
| ctgaaggaat gtgttaaaga agttcaaaag agacttgcta taaatttacc aaatttcaaa  | 360 |
| gttcaggtta ttgataaaga tggattaaag gatatgcta atataacttc aaaaggtttg   | 420 |
| aattgattaa gcaacttcag tttcagattt ttttctaaat aaacatttaa agtgt       | 475 |

<210> 388

<211> 467

5 <212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 388

|  |     |
|--|-----|
| gcggggactg gatacatctc taaaacacag aaaaatgaaa ttcttcaagt caggaatata  | 60  |
| ttctgttgta tttttggcaa ttatattttc tttggtcact gaggaagtgg aaggtcgaag  | 120 |
| gactatttta agagggcgta aaacactgac gagaacctat tttogtgaca atgcagtccc  | 180 |
| agcatacgtc atagtgatac togttggaaat aggagaaatc attttgggag ctatcctgta | 240 |
| tgttataatg aggaaaacga taatagattt tcctttatca gggagttacg cagtggcccc  | 300 |
| tactcaagaa gcataaatcc cattgaaatt gtgactgttt actttctttg gaaaaatgtg  | 360 |
| tataataaat acaattcatt tataatattt atatttggaa cttaaaatac ttacaaaatt  | 420 |
| accatttaca tgatcaaata actaataaag ttctgtctca attataa                | 467 |

<210> 389

10 <211> 906

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 389

ES 2 660 018 T3

ggattggaag taaaaatata caattcatgc tgtagctgta gtgtaaaaac tgaactgaaa 60  
 gccataaaat aaagaccttg caagaaacat gtccaagatt aatgaggtgt ctaatttgta 120  
 caacaactg aaatcagaat ggaacacatc caatccaaat ttaagcaaat gtgaaaagct 180  
 tttgtcagat ttgaagcttg agctaacaca cttaatgttc cttccaactt caaacgccac 240  
 tgcttcaaaa caagaacttc ttctggcaag agatgttctg gaaattgggg tacaatggag 300  
 tatagctgca aatgatatac ctgccttga aagatacatg gcacagttga aatgttatta 360  
 tttcgattat aagaatcaac ttcccgaatc ttctttcaaa tatcagttac tgggtctgaa 420  
 tttactattt ttgttatcac aaaatagagt ggcagagttc cacacagaat tagaattggt 480  
 gcctgctgac cacattcaga atgatgtata catcaggcac cctccatcta ttgaacagta 540  
 ccttatggaa ggaagttata ataagatatt tctggcaaag ggaaatgtcc cagcaacaaa 600  
 ttacaatfff tttatggata tacttctaga tactatcaga ggggagattg cagattgtct 660  
 agagaaaagca tatgaaaaaa tatcaattaa agatgttgct aggatgctat acttgggcag 720  
 tgaagaatcg gccaaaggcct ttgtaacaaa gagtaagaca tggaaattag aaaaggacaa 780  
 cttctttcac ttcaogcccg aggttaaaaa gacacatgag ccaattctat ccaaagaatt 840  
 ggcaacaaca gctattgaat atgcaaaaaga actggaaatg attgtttaaa gtaataaagt 900  
 ttttca 906

<210> 390

<211> 135

<212> PRT

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 390

ES 2 660 018 T3

Met Gly Lys Ile Met Lys Ser Gly Lys Val Val Leu Val Leu Gly Gly  
1 5 10 15

Arg Tyr Ala Gly Arg Lys Ala Val Val Ile Lys Asn Tyr Asp Asp Gly  
20 25 30

Thr Ser Asp Lys Gln Tyr Gly His Ala Val Val Ala Gly Ile Asp Arg  
35 40 45

Tyr Pro Arg Lys Ile His Lys Arg Met Gly Lys Gly Lys Met His Lys  
50 55 60

Arg Ser Lys Ile Lys Pro Phe Leu Lys Val Leu Asn Tyr Asn His Leu  
65 70 75 80

Met Pro Thr Arg Tyr Ser Val Asp Leu Thr Ser Asp Leu Lys Val Ala  
85 90 95

Pro Lys Asp Leu Lys Asp Pro Val Lys Arg Lys Lys Ile Arg Phe Gln  
100 105 110

Thr Arg Val Lys Phe Glu Glu Arg Tyr Lys Gln Gly Lys His Lys Trp  
115 120 125

Phe Phe Gln Lys Leu Arg Phe  
130 135

<210> 391

<211> 141

<212> PRT

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 391

Tyr Arg Glu Lys Tyr Thr Thr Tyr Lys Met Arg Asn Thr Tyr Glu Leu  
1 5 10 15

Ser Pro Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Arg Arg Asn Leu Ala Asp Thr  
20 25 30

Leu Arg Ser Arg Ser Pro Tyr His Val Asn Leu Leu Leu Ala Gly Tyr  
35 40 45

Asp Lys Lys Asp Gly Ala Gln Leu Tyr Tyr Met Asp Tyr Leu Ala Ser  
50 55 60

ES 2 660 018 T3

Val Ala Ser Val Asp Tyr Ala Ala His Gly Tyr Gly Gly Tyr Phe Ser  
65 70 75 80

Leu Ser Ile Met Asp Arg Asn Tyr Leu Lys Thr Leu Ser Lys Asp Gln  
85 90 95

Gly Tyr Glu Leu Leu Lys Glu Cys Val Lys Glu Val Gln Lys Arg Leu  
100 105 110

Ala Ile Asn Leu Pro Asn Phe Lys Val Gln Val Ile Asp Lys Asp Gly  
115 120 125

Ile Lys Asp Met Pro Asn Ile Thr Ser Lys Gly Leu Asn  
130 135 140

<210> 392

<211> 104

<212> PRT

5 <213> leptinotarsa decemlineata

<400> 392

Arg Gly Leu Asp Thr Ser Leu Lys His Arg Lys Met Lys Phe Phe Lys  
1 5 10 15

Ser Gly Ile Tyr Ser Val Val Phe Leu Ala Ile Ile Phe Ser Leu Val  
20 25 30

Thr Glu Glu Val Glu Gly Arg Arg Thr Ile Leu Arg Gly Arg Lys Thr  
35 40 45

Leu Thr Arg Thr Tyr Phe Arg Asp Asn Ala Val Pro Ala Tyr Val Ile  
50 55 60

Val Ile Leu Val Gly Ile Gly Glu Ile Ile Leu Gly Ala Ile Leu Tyr  
65 70 75 80

Val Ile Met Arg Lys Thr Ile Ile Asp Phe Pro Leu Ser Gly Ser Tyr  
85 90 95

Ala Val Ala Pro Thr Gln Glu Ala  
100

<210> 393

<211> 266

ES 2 660 018 T3

<212> PRT

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 393

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

ES 2 660 018 T3

Glu Tyr Ala Lys Glu Leu Glu Met Ile Val  
 260 265

<210> 394

<211> 750

5 <212> ADN

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 394

|            |            |             |            |            |            |     |
|------------|------------|-------------|------------|------------|------------|-----|
| cgcccagcag | tggtatcaac | gcagagtacg  | cgggagacat | tcaagtcttg | tgatagtgca | 60  |
| ggcacggcag | ttcaaataaa | ctggtgcctt  | caatttattt | atatatttat | acttttttac | 120 |
| tagaaaccaa | atactaacca | atcaacatgt  | gtgacgaaga | ggttgccgca | ttagtcgtag | 180 |
| acaatggatc | tggtatgtgc | aaagctggat  | ttgctgggga | tgatgcccc  | cgtgcagttt | 240 |
| tcccatccat | tgttggtcgt | ccaagacatc  | aaggagtatt | ggtaggaatg | ggccaaaagg | 300 |
| actcgtatgt | aggagatgaa | gccc aaagca | aaagaggtat | ccttaccttg | aaatacccca | 360 |
| ttgaacacgg | tattgtcaca | aactgggatg  | atatggagaa | aatctggcac | cataccttct | 420 |
| acaatgaact | tcgagttgcc | cccgaagagc  | accctgtttt | gttgacagag | gcaccattga | 480 |
| accccaaagc | caacagggag | aagatgacct  | agatcatggt | tgaaaccttc | aatacccccg | 540 |
| ccatgtacgt | cgccatccaa | gctgtattgt  | ctctgtatgc | ttctggtcgt | acaactggta | 600 |
| ttgtgctgga | ttctggagat | ggtgtttctc  | acacagtacc | aatctatgaa | ggttatgccc | 660 |
| ttcctcatgc | catccttcgt | ttggacttgg  | ctggtagaga | cttgactgat | taccttatga | 720 |
| aaattctgac | tgaacgtggt | tactctttca  |            |            |            | 750 |

<210> 395

10 <211> 204

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 395

ES 2 660 018 T3

Pro Ile Asn Met Cys Asp Glu Glu Val Ala Ala Leu Val Val Asp Asn  
 1 5 10 15

Gly Ser Gly Met Cys Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg  
 20 25 30

Ala Val Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Gln Gly Val Met  
 35 40 45

Val Gly Met Gly Gln Lys Asp Ser Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser  
 50 55 60

Lys Arg Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val  
 65 70 75 80

Thr Asn Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn  
 85 90 95

Glu Leu Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala  
 100 105 110

Pro Leu Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe  
 115 120 125

Glu Thr Phe Asn Thr Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu  
 130 135 140

Ser Leu Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly  
 145 150 155 160

Asp Gly Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro  
 165 170 175

His Ala Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Tyr  
 180 185 190

Leu Met Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe  
 195 200

<210> 396

5 <211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 396

gcgtaatac g actcactata ggatgtgtga cgaagaggtt gccg 44

<210> 397

5 <211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

10 <400> 397

gtcaacaaaa cagggtgctc ttcg 24

<210> 398

<211> 22

<212> ADN

15 <213> Artificial

<220>

<223> Primer

<400> 398

atgtgtgacg aagaggttgc cg 22

20 <210> 399

ES 2 660 018 T3

<211> 46

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

5 <223> Primer

<400> 399

gcgtaatagc actcactata gggtaacaa aacagggtgc tcttcg 46

<210> 400

<211> 320

10 <212> ADN

<213> *Leptinotarsa decemlineata*

<400> 400

atgtgtgacg aagaggttgc cgcattagtc gtagacaatg gatctggtat gtgcaaagct 60  
ggatttgctg gggatgatgc cccccgtgca gttttcccat ccattggttg tegtccaaga 120  
catcaaggag ttatggtagg aatgggcca aaggactcgt atgtaggaga tgaagcccaa 180  
agcaaaagag gtatccttac cttgaaatac ccattgaac acggtattgt cacaaactgg 240  
gatgatatgg agaaaatctg gcaccatacc ttctacaatg aacttcgagt tgcccccgaa 300  
gagcaccctg ttttggtgac 320

<210> 401

15 <211> 1152

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Hairpin

<400> 401

|   |      |
|---|------|
| tgacgacctt gagttggttt ctgaagtga actcggcagc cttcttctgg agcttggcga  | 60   |
| atltgttttc gtacttggaa acctttttca aggtaggttt gacgaattta ccacggaggt | 120  |
| cgttgacctg gctgttgagg tggcgatct caaggtcacg tctctccact tcgaattoga  | 180  |
| tgtcaatltt actcctctcc agagcgtcaa ttcgcttatg gtagtctgtg cagagtttct | 240  |
| tcaaggttgc ttcattggcg ttgtcgacgt cggcaatttg cccgcagcgc tcctcaatcg | 300  |
| ttcgctcctc ctcagctgct ttgcgttctc gctccttctt cagttcctca gcggcttttt | 360  |
| tcctcagcag gagtggaggt ttcttcttcc tttccgggggt catgaaacc cttcttgctt | 420  |
| tcttcgcctt agaggcttcc tccatcctct tgcgcacttc agcgcgcttc ctctcgattt | 480  |
|   |      |
| cggcctgttt gtctagaag taagtgtaca cactacattt tcatgaacat tattgcgacc  | 540  |
| gttgagattc tcattgtttg gtgattgatt atctaaagta gaagcatgaa tagatataac | 600  |
| ataaactagt aactaatggg ttagttatgg gtatacttca tgcttttctc tcaggctoga | 660  |
| gcaaacaggc cgaaatcgag aggaagcgcg ctgaagtgcg caagaggatg gaggaagcct | 720  |
| ctaaggcgaa gaaagccaag aagggtttca tgaccccgga aaggaagaag aaactccgac | 780  |
| tcctgctgag gaaaaagcc gctgaggaac tgaagaagga gcaggaacgc aaagcagctg  | 840  |
| agaggaggcg aacgattgag gagcgtcgcg ggcaaattgc cgacgtcgac aacgccaatg | 900  |
| aagcaacctt gaagaaactc tgcacagact accataagcg aattgacgct ctggagagga | 960  |
| gtaaaattga catcgaattc gaagtggaga gacgtgacct tgagatcgcc gacctcaaca | 1020 |
| gccaggtcaa cgacctcctg ggtaaattcg tcaaacctac cttgaaaaag gtttccaagt | 1080 |
| acgaaaaaca attcgccaag ctccagaaga aggtgcccga gttcaacttc agaaaccaac | 1140 |
| 5 tcaaggtcgt ca   | 1152 |

<210> 402

<211> 1192

<212> ADN

<213> Artificial

10 <220>

<223> Hairpin

ES 2 660 018 T3

<400> 402

|   |      |
|---|------|
| ctcttgcttc ttggtggcga tctctcctc ggcctcttc ttgcctcct tgacctgag     | 60   |
| acgtctcgcc tctgcctggt ccttcaacat ctttgatctc gccttttcag ctttcttctt | 120  |
| gtgaatgaag tccatcagta ccctcttggt ttggaagcgt ttacctttgg ctttcatgta | 180  |
| aaggtcgtgg tacatttgcc tatcgatctt cttggcttct ctgtattttt taaggagccg | 240  |
| tgcgaggact ctcatctgt tgaccacag gaccttcaca ggcattctgg cgttggcgg    | 300  |
| acccttctc ttaccgaagc cacagtgacg acccttcctg ctggcttctg tgtttttacg  | 360  |
| gacgcgggct ctggagtga cagccacagg ctttttgatg atcaaaccat cttgatcag   | 420  |
| cttacggatg ttttgctag agttggtgtt ggcgatttcg ttgatttcat tagggcca    | 480  |
| ccacactttc ttcttgccgc atctcatcac ctctagaagg taagtgtaca cactacattt | 540  |
| tcatgaacat tattgcgacc gttgagattc tcatgtttg gtgattgatt atctaaagta  | 600  |
| gaagcatgaa tagatataac ataaactagt aactaatggg ttagttatgg gtatacttca | 660  |
| tgcttttctc tcaggctcga gggatgatg atgcggcaag aagaaagtgt ggttggacct  | 720  |
| taatgaaatc aacgaaatcg ccaacaccaa ctctaggcaa aacatccgta agctgatcaa | 780  |
| ggatggttg atcatcaaaa agcctgtggc tgtccactcc agagcccgcg tccgtaaaaa  | 840  |
| cacagaagcc agacggaagg gtcgtcactg tggcttcggt aagaggaagg gtaccgcca  | 900  |
|   |      |
| cgccagaatg cctgtgaagg tctgtgggt caacagaatg agagtcctgc gacggctcct  | 960  |
| taaaaaatac agagaagcca agaagatcga taggcaaatg taccacgacc tttacatgaa | 1020 |
| agccaaaggt aacgtcttca aaaacaagag ggtactgatg gacttcattc acaagaagaa | 1080 |
| ggctgaaaag gcgagatcaa agatgttgaa ggaccaggca gaggcgagac gtctcaaggt | 1140 |
| caaggaggcg aagaagaggc gcgaggagag gatcggcacc aagaagcaag ag         | 1192 |

5 <210> 403

<211> 792

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Hairpin

<400> 403

ES 2 660 018 T3

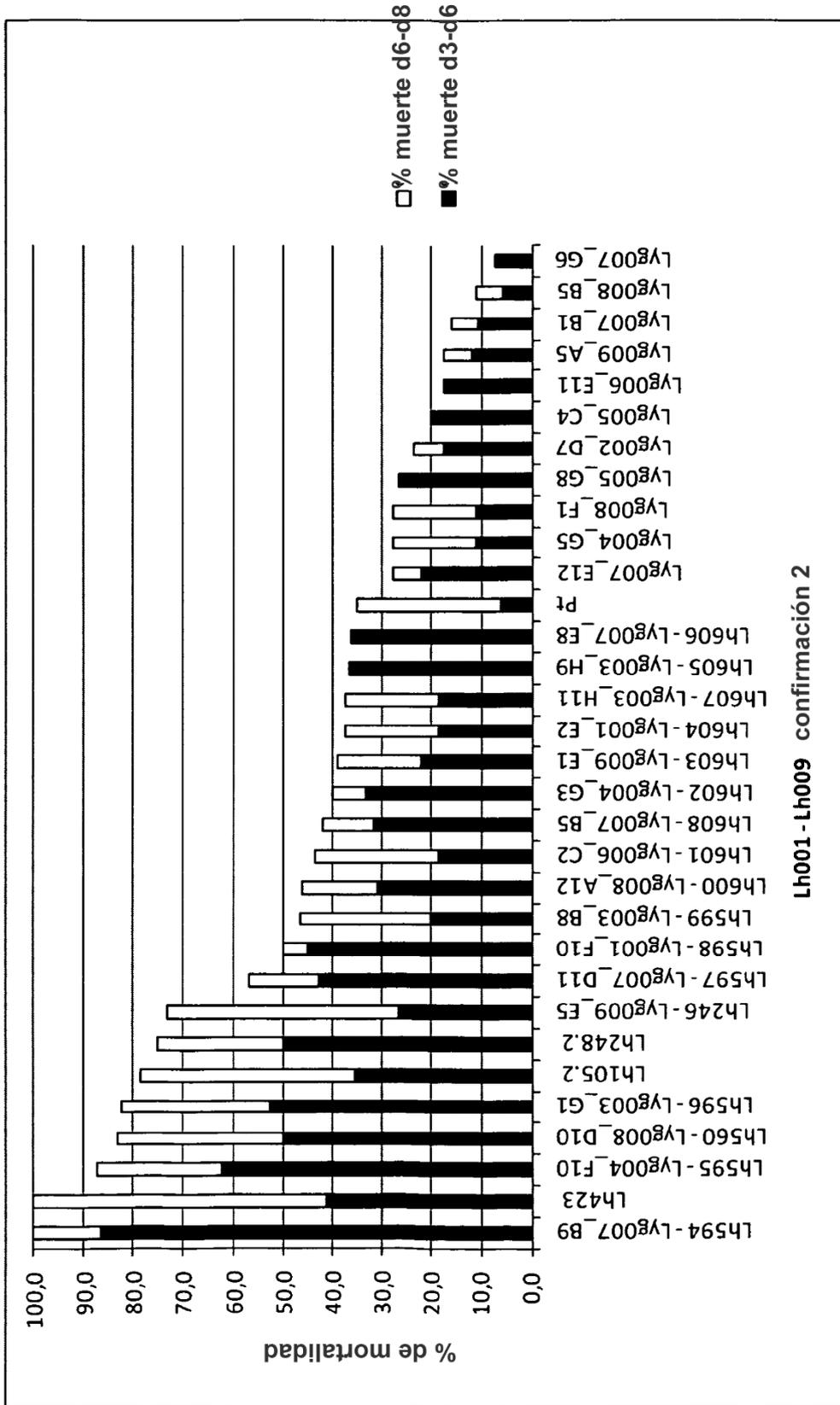
|   |     |
|---|-----|
| actctgtctg gcttttggct gtgacgcaca gttcatagag ataaccttca cccgaatatg | 60  |
| ccttgcgagg tcgcaaaatc ggcgaaatc catacctggt caccgacgac ggcgctggat  | 120 |
| caattccaca gttttcgcga tocagactga atgcccacag gccgtcagat tttttgattt | 180 |
| cagatacgtc cacttttccc ggcaataaca tacggcgtga catcggcttc aaatggcgta | 240 |
| tagccgcctt gatgctccat cacactttgc cgtaatgagt gaccgcatcg aaacgcagca | 300 |
| cgatacgtg gtctagaagg taagtgtaca cactacattt tcatgaacat tattgcgacc  | 360 |
| gttgagattc tcattgtttg gtgattgatt atctaaagta gaagcatgaa tagatataac | 420 |
| ataaactagt aactaatggg ttagttatgg gtatacttca tgcttttctc tcaggctcga | 480 |
| gccagcgtat cgtgctgcgt ttcgatgcgg tcactcatta cggcaaagtg tgatggagca | 540 |
| tcagggcggc tatacgccat ttgaagccga tgtaacgccc tatggtattg ccgggaaaag | 600 |
| tgtacgtatc tgaatcaaa aaactcgacg gcctgtgggc attcagtctg gatcgcgaaa  | 660 |
| actgtggaat tgatccagcg ccgtcgtcgg tgaacaggta tggatttcg ccgattttgc  | 720 |
| gacctcgcaa ggcatattcg ggtgaaggtt atctctatga actgtgcgtc acagccaaaa | 780 |
| gccagacaga gt   | 792 |

## REIVINDICACIONES

1. Una planta transgénica, o material reproductor o de propagación para una planta transgénica o una célula vegetal transgénica cultivada, que expresa o es capaz de expresar al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga, en la que el ARN interferente comprende al menos un elemento silenciador en la que el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85% complementaria a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas.
2. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 1, en la que el ARN comprende al menos dos elementos silenciadores, en la que cada elemento silenciador comprende o consiste en una secuencia de nucleótidos que es complementaria a una secuencia de nucleótidos diana dentro de un gen diana.
3. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de cualquiera de las reivindicaciones 1-2, en la que dicha especie de plaga de insectos se selecciona de las especies de insectos que pertenecen a los órdenes: *Coleoptera*, *Hemiptera*, *Lepidoptera*, *Diptera*, *Dichoptera*, *Orthoptera* y *Siphonaptera*.
4. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 3, en la que dicha especie de plaga de insectos se selecciona del grupo que consiste en *Leptinotarsa* spp. (por ejemplo, *L. decemlineata* (escarabajo de la patata de Colorado), *L. juncta* (falso escarabajo de la patata) o *L. texana* (falso escarabajo de la patata de Texas)); *Nilaparvata* spp. (por ejemplo, *N. lugens* (saltamontes pardo del arroz)); *Lygus* spp. (por ejemplo, *L. lineolaris* (chinche manchada) o *L. hesperus* (chinche manchada del oeste)); *Myzus* spp. (por ejemplo, *M. persicae* (pulgón verde del melocotonero)); *Diabrotica* spp. (por ejemplo, *D. virgifera virgifera* (gusano de la raíz del maíz occidental), *D. barberi* (gusano de la raíz del maíz norteño), *D. undecimpunctata howardi* (gusano de la raíz del maíz sureño), *D. virgifera zeae* (gusano de la raíz del maíz mexicano)).
5. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de cualquiera de las reivindicaciones 1-4, en la que dicho gen diana codifica una proteína troponina I de insecto.
6. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 5, en la que la regulación por disminución de la expresión de dicho gen diana de la plaga causa disminución del crecimiento, desarrollo, reproducción o supervivencia de dicha plaga en comparación con dicha especie de plaga expuesta a un ARN interferente dirigido a un gen no esencial o un ARN interferente que no regula por disminución ninguno de los genes dentro de dicha especie de plaga.
7. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en la que dicha planta transgénica, material de la misma o célula vegetal comprende adicionalmente un gen heterólogo.
8. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 7, en la que dicho gen heterólogo codifica una proteína tóxica para una especie de plaga para las plantas.
9. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 8, en la que dicha proteína se selecciona del grupo que consiste en una patatina, una proteína insecticida de *Bacillus thuringiensis*, una proteína insecticida de *Xenorhabdus*, una proteína insecticida de *Photorhabdus*, una proteína insecticida de *Bacillus laterosporus* y una proteína insecticida de *Bacillus sphaericus*.
10. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 9, en la que dicha proteína insecticida de *Bacillus thuringiensis* se selecciona del grupo que consiste en una Cry1, una Cry3, una TIC851, una CryET170, una Cry22, una TIC901, una TIC201, una TIC407, una TIC417, una proteína insecticida binaria CryET80 y CryET76, una proteína insecticida binaria TIC100 y TIC101, una combinación de una proteína insecticida ET29 o ET37 con una proteína insecticida TIC810 o TIC812, y una proteína insecticida binaria PS149B1.
11. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 7, en la que dicho gen heterólogo codifica una proteína que confiere tolerancia a herbicidas.

- 5 12. La planta transgénica, material reproductor o de propagación para una planta transgénica, o célula vegetal transgénica cultivada de la reivindicación 11, en la que dicha proteína se selecciona de una versión insensible a glifosato de una 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS), una enzima catabólica que es capaz de descomponer dicamba, tal como dicamba monooxigenasa o un gen de la fosfinotricina acetil transferasa que es capaz de catabolizar glufosinato de amonio.
13. Semilla transgénica producida a partir de la planta transgénica de cualquiera de las reivindicaciones 1-12, en la que dicha semilla transgénica expresa o es capaz de expresar un ácido ribonucleico (ARN) interferente como se define en la reivindicación 1.
- 10 14. Un método para generar una planta transgénica resistente a la infestación por parte de una especie de plaga de insectos que comprende:
- 15 (a) transformar una célula vegetal con una construcción de ADN que comprende una secuencia polinucleotídica que codifica un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga de insectos, en el que el ARN interferente comprende al menos un elemento silenciador en el que el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85% complementaria a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas;
- 20 (b) regenerar una planta a partir de la célula vegetal transformada; y
- (c) cultivar la planta transformada en condiciones adecuadas para la expresión del ARN interferente de la construcción de ADN, siendo dicha planta, por tanto, resistente a dicha plaga en comparación con una planta sin transformar.
- 25 15. Un método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 14, en el que dicha planta resistente a la infestación por una plaga de insectos se elige de algodón, patata, arroz, colza, girasol, sorgo, mijo, maíz, fresas, soja, alfalfa, tomate, berenjena, pimiento y tabaco.
- 30 16. Un método para prevenir y/o controlar la infestación por una plaga de insectos en un campo de plantas de cultivo, comprendiendo dicho método expresar en dichas plantas una cantidad eficaz de un ácido ribonucleico (ARN) interferente que funciona tras la captación por una especie de plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga de insectos, en el que el ARN interferente comprende al menos un elemento silenciador en el que el elemento silenciador es una región de ARN bicatenario que comprende hebras complementarias hibridadas, una hebra de las cuales comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos que es al menos un 85% complementaria a cualquiera de las SEQ ID NO: 1, 174, 180, 188, 2, 175, 181, 189 o el complemento de las mismas.

Figura 1



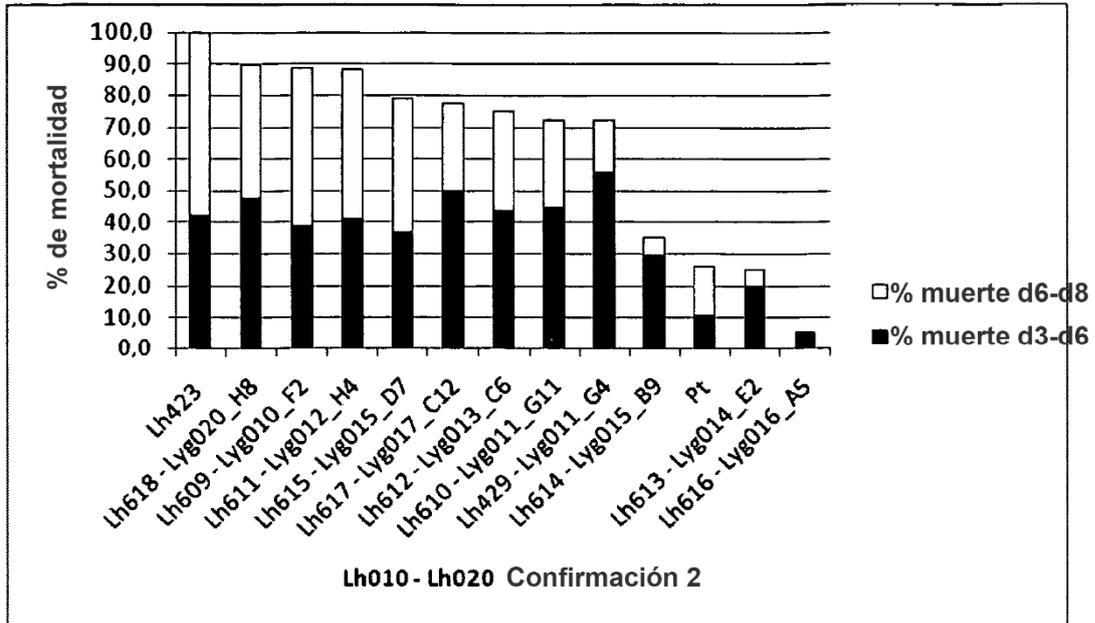


Figura 2

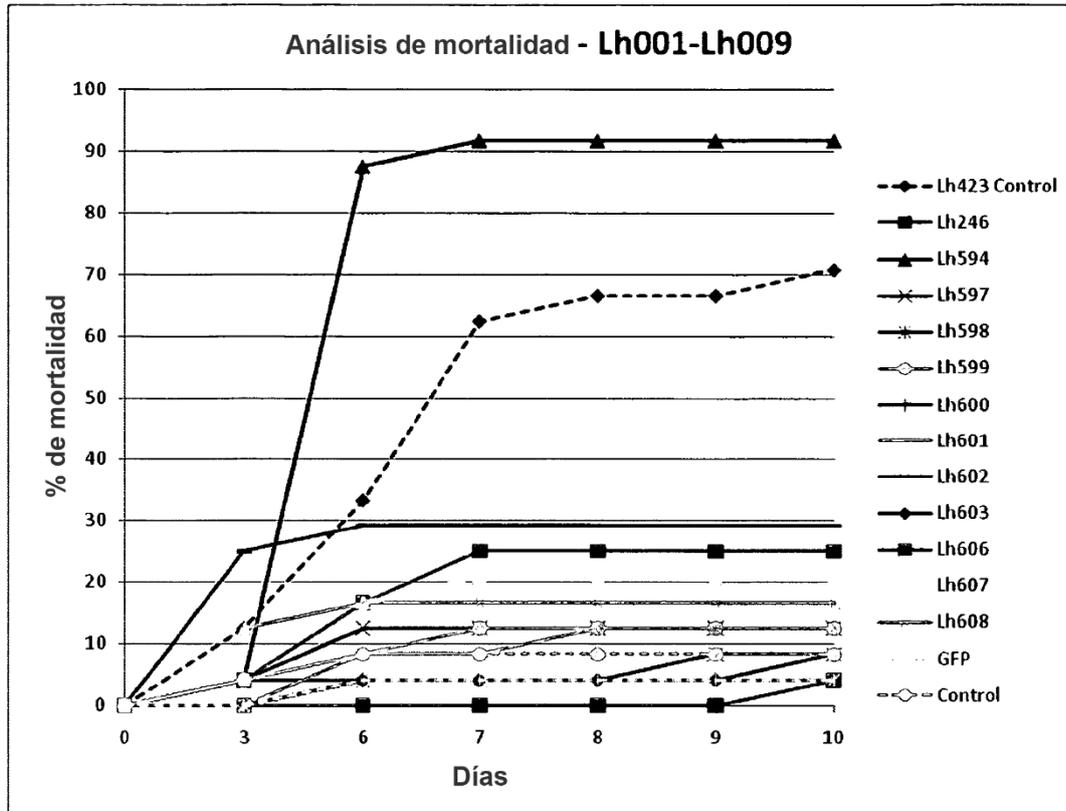


Figura 3

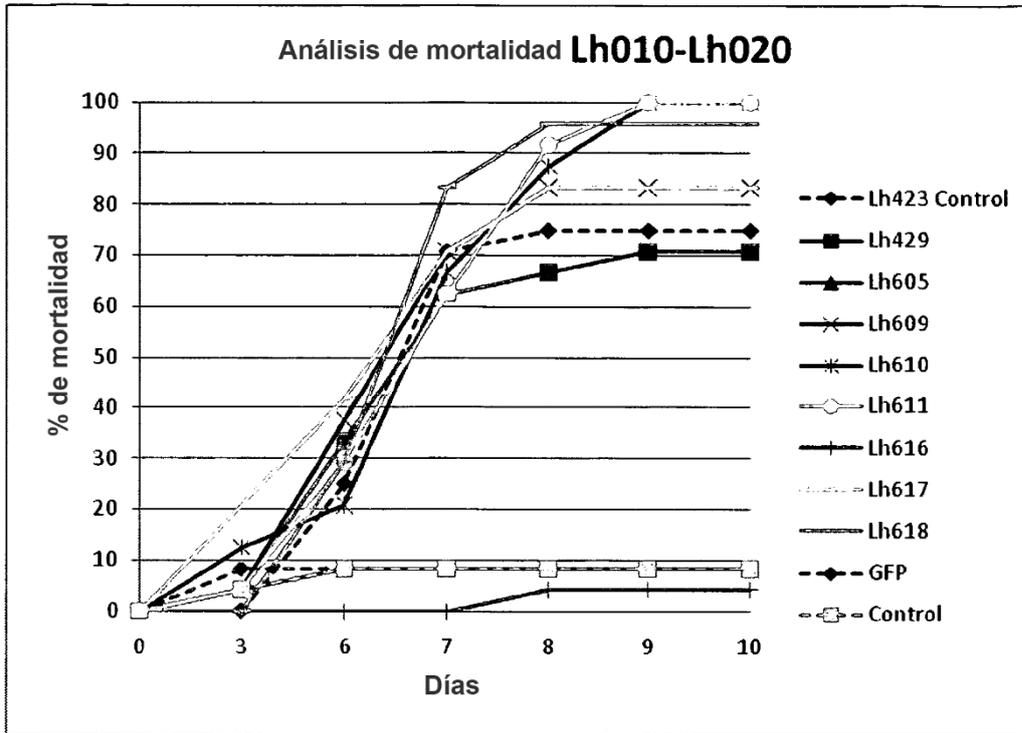


Figura 4

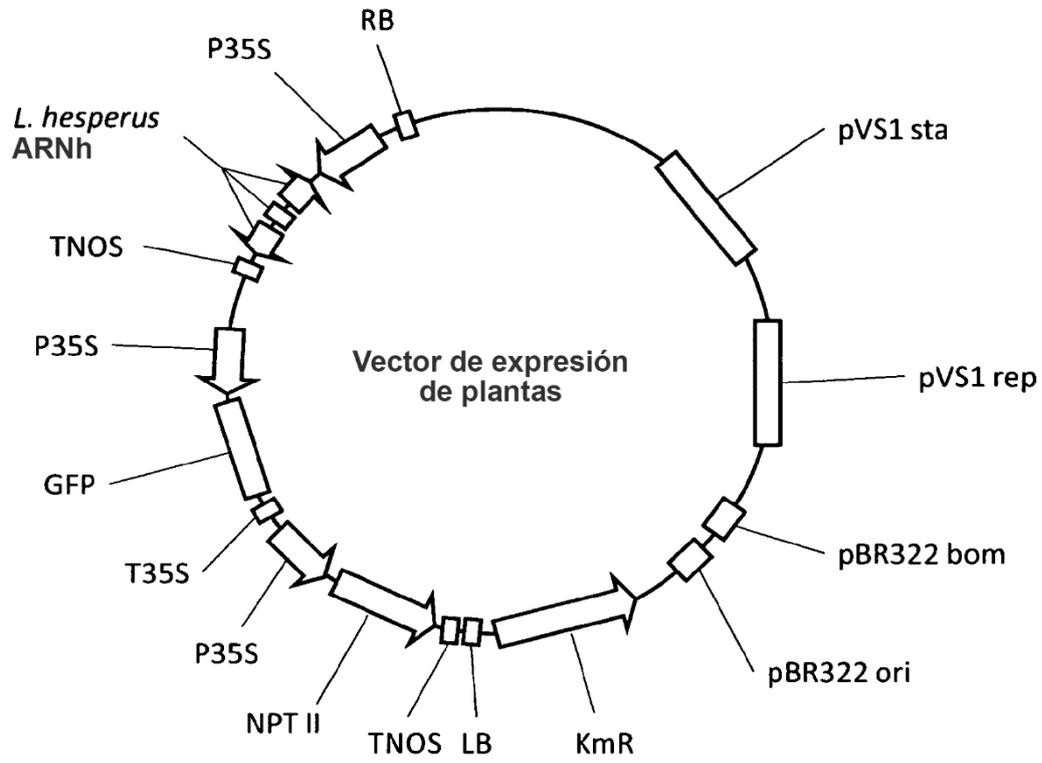


Figura 5

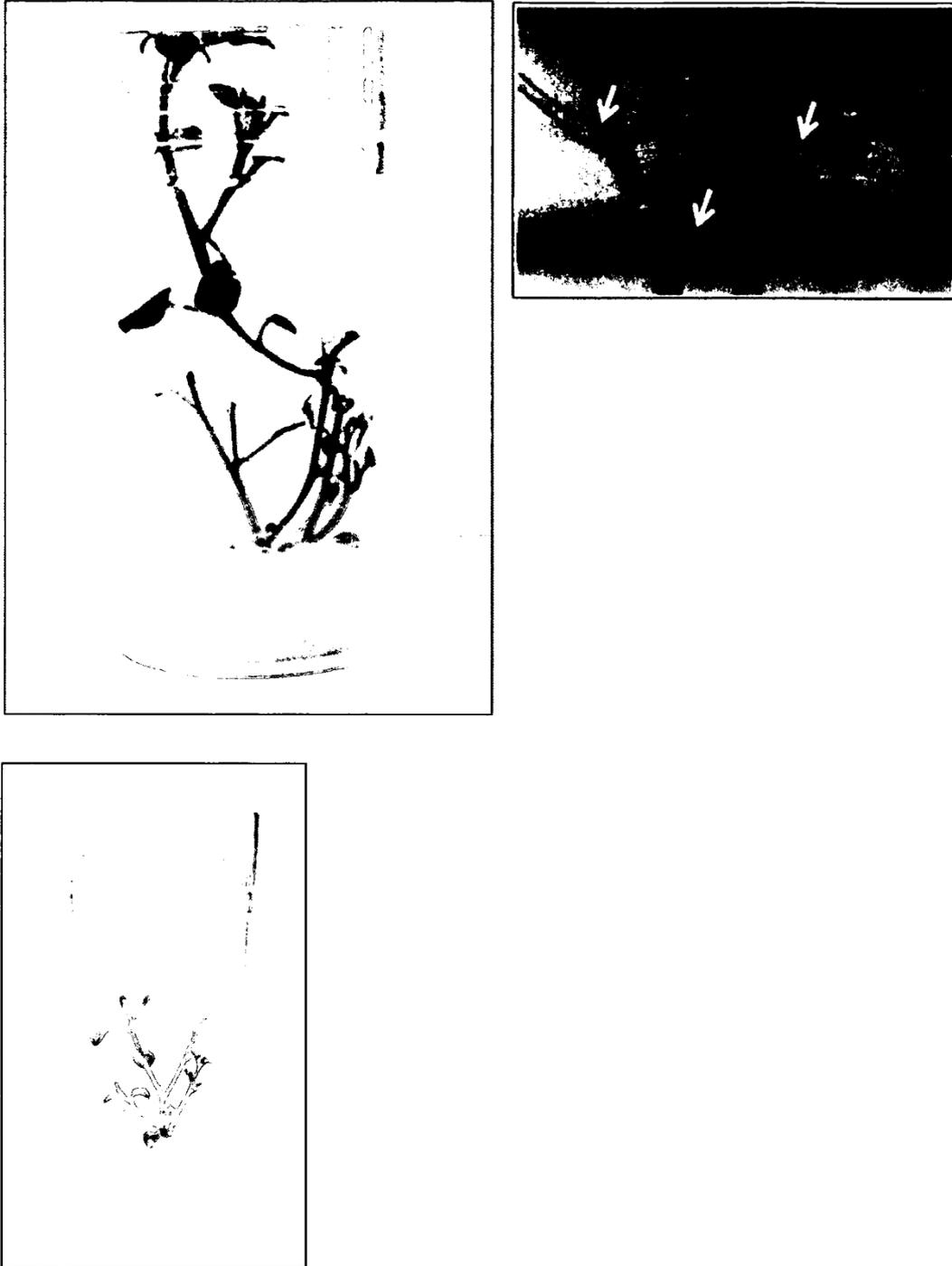


Figura 6

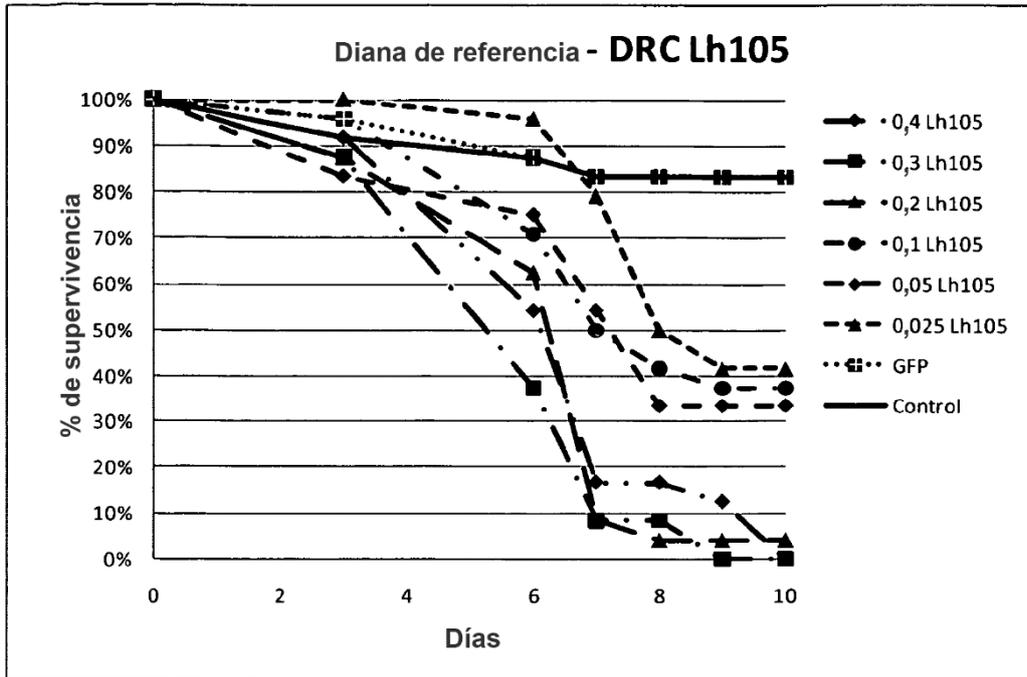


Figura 7

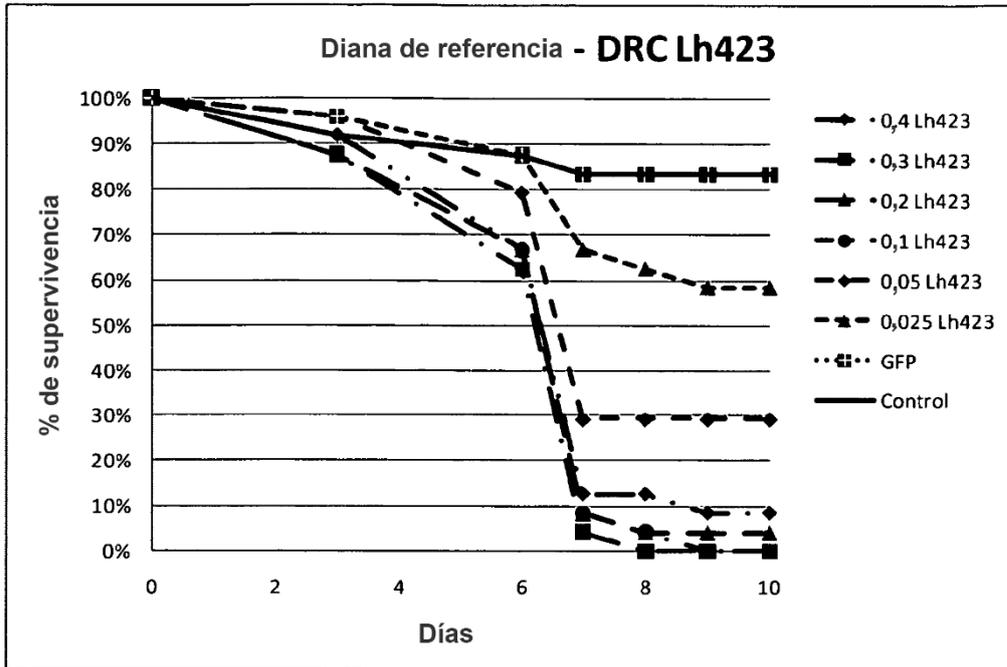


Figura 7 continuación

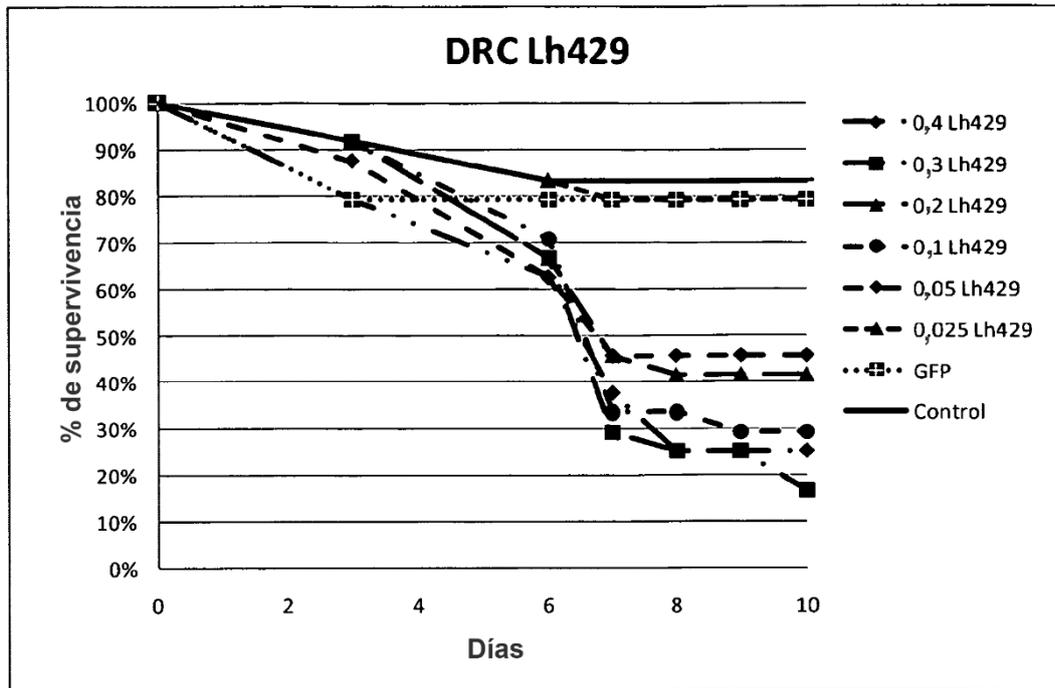


Figura 7 continuación

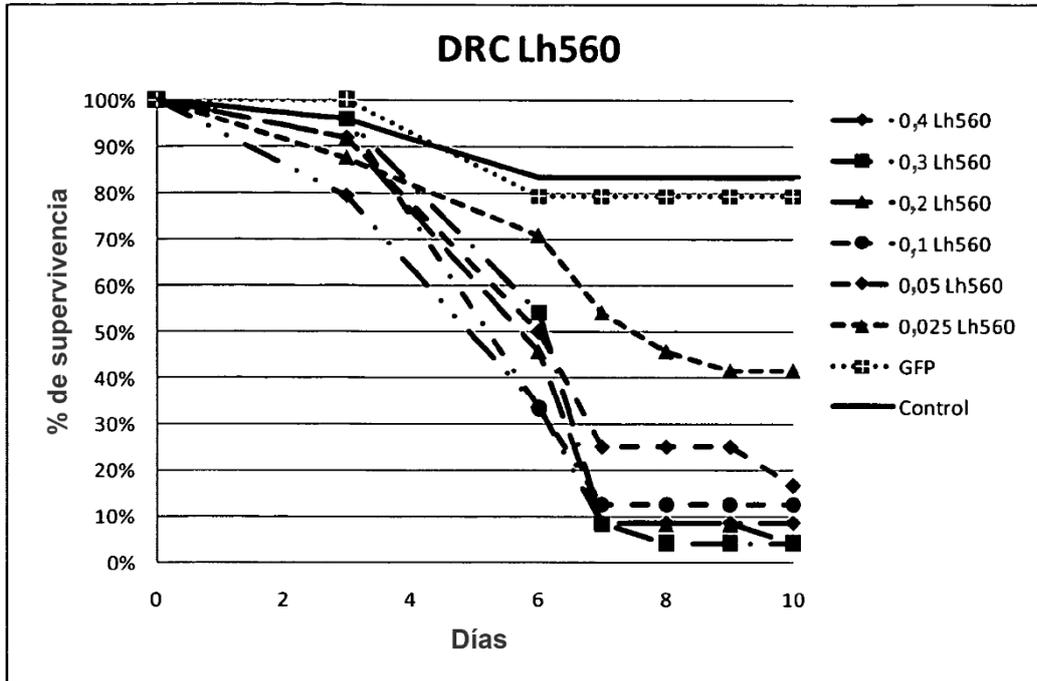


Figura 8

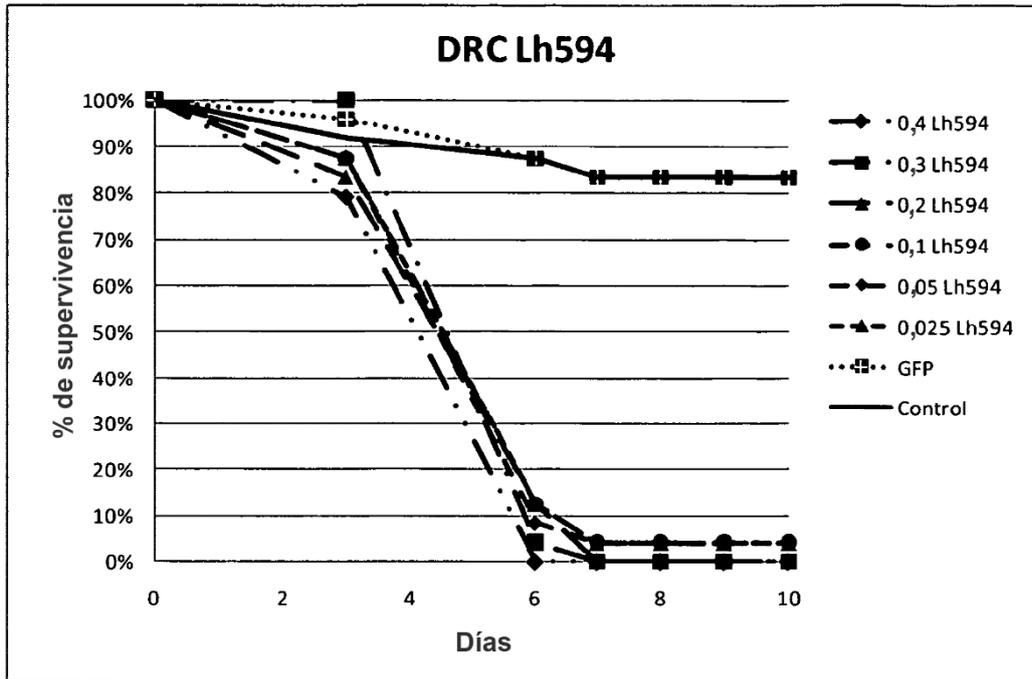


Figura 8 continuación

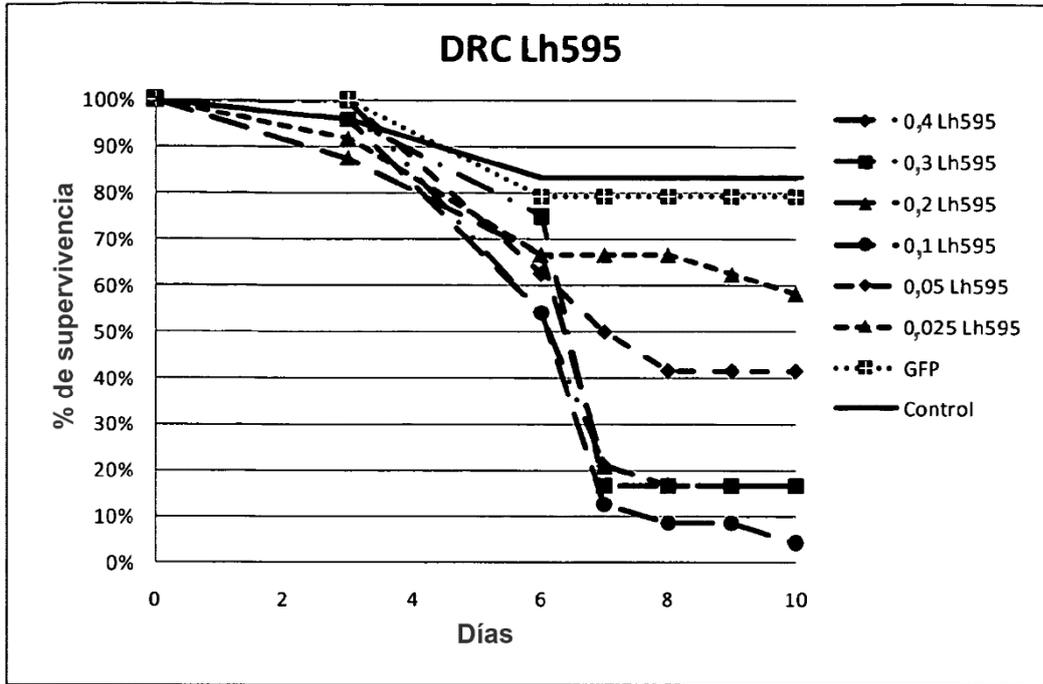


Figura 8 continuación

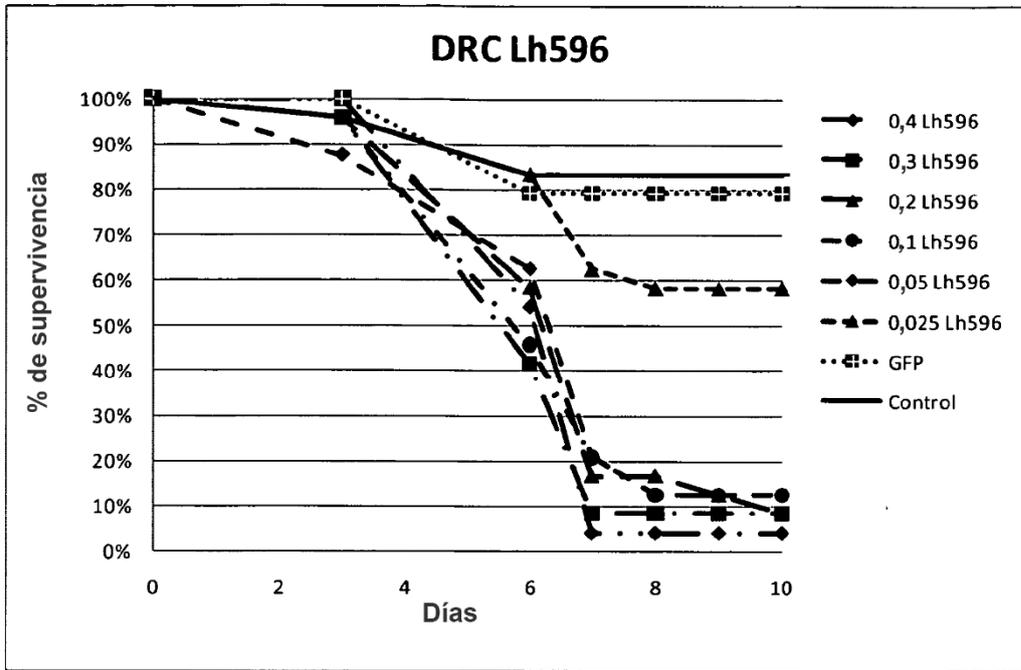


Figura 9

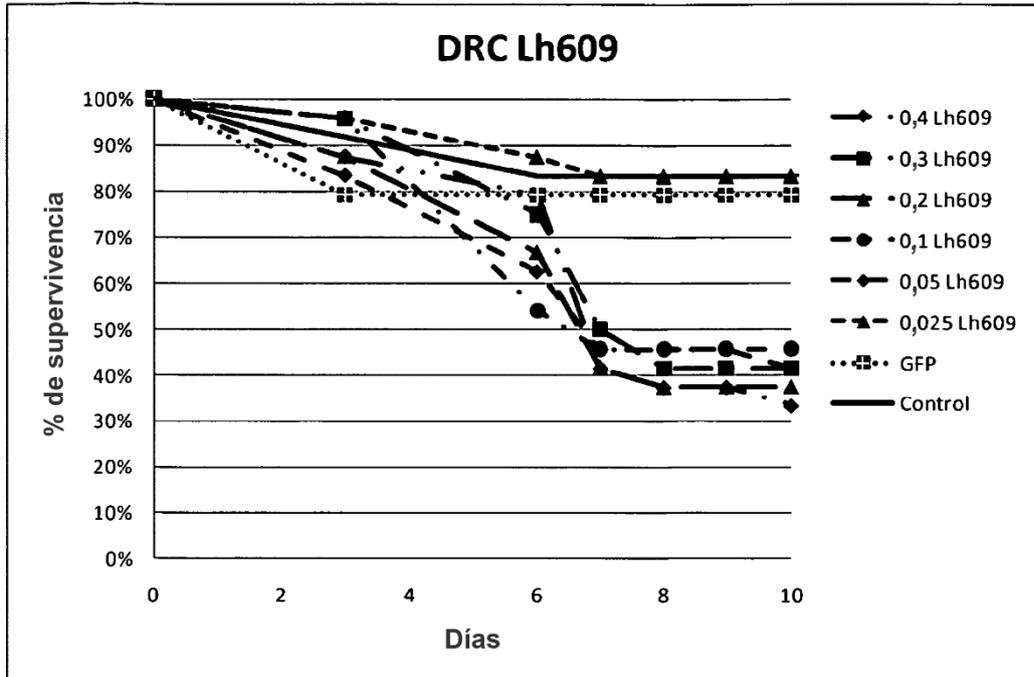


Figura 9 continuación

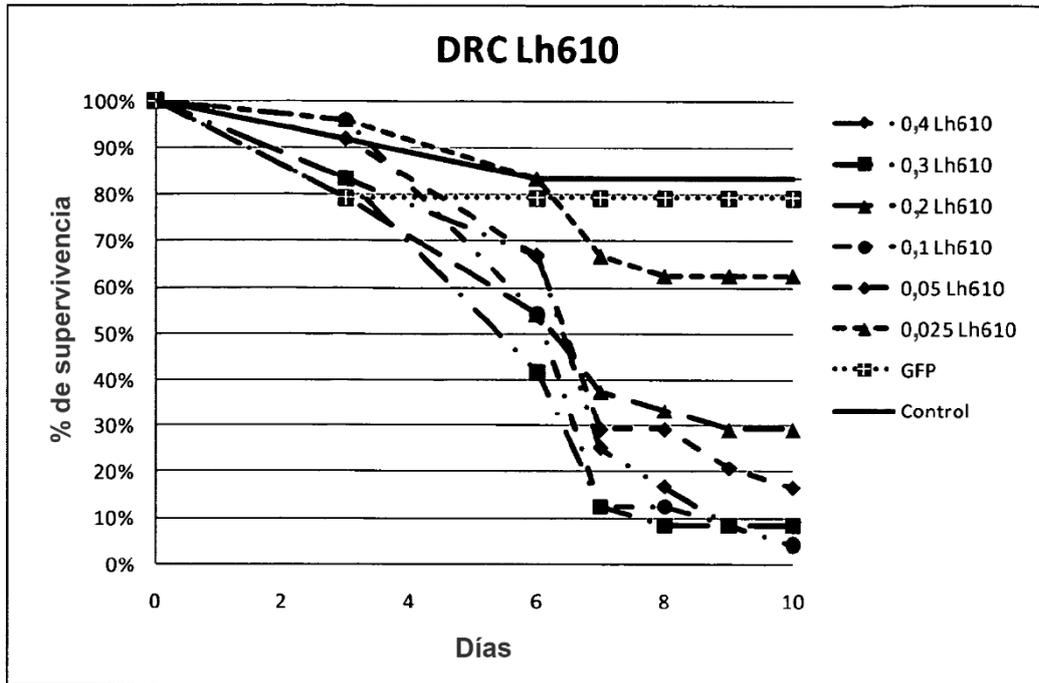


Figura 9 continuación

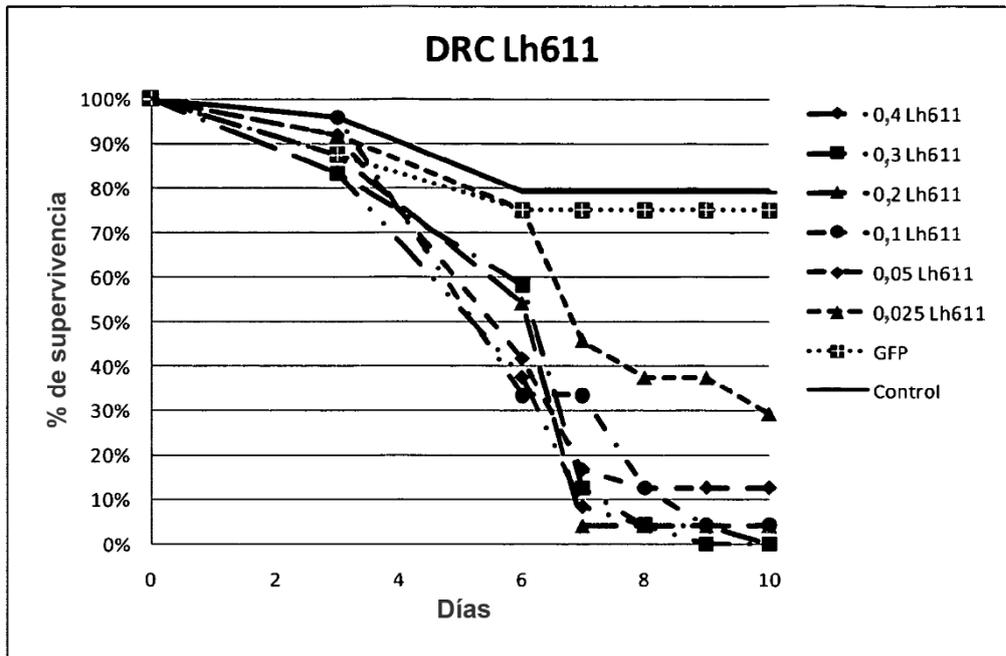


Figura 10

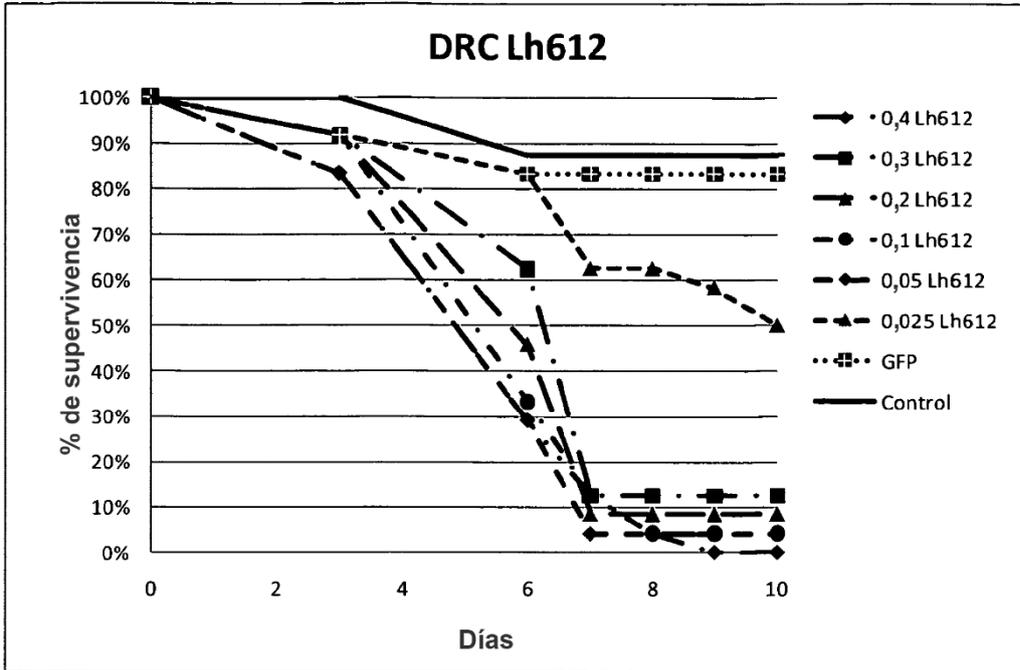


Figura 10 continuación

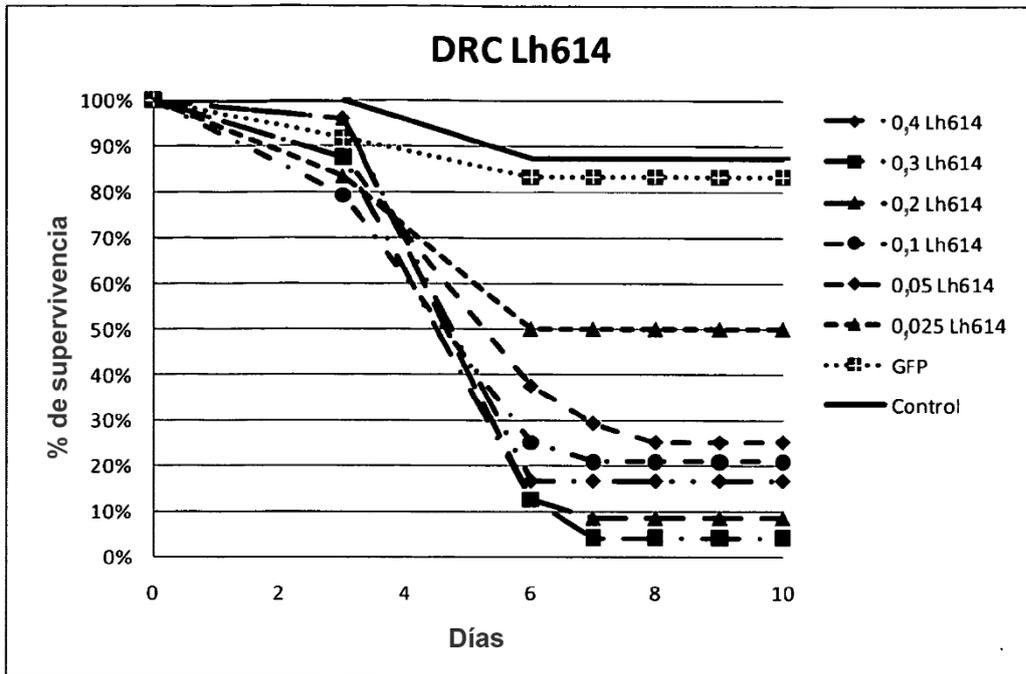


Figura 10 continuación

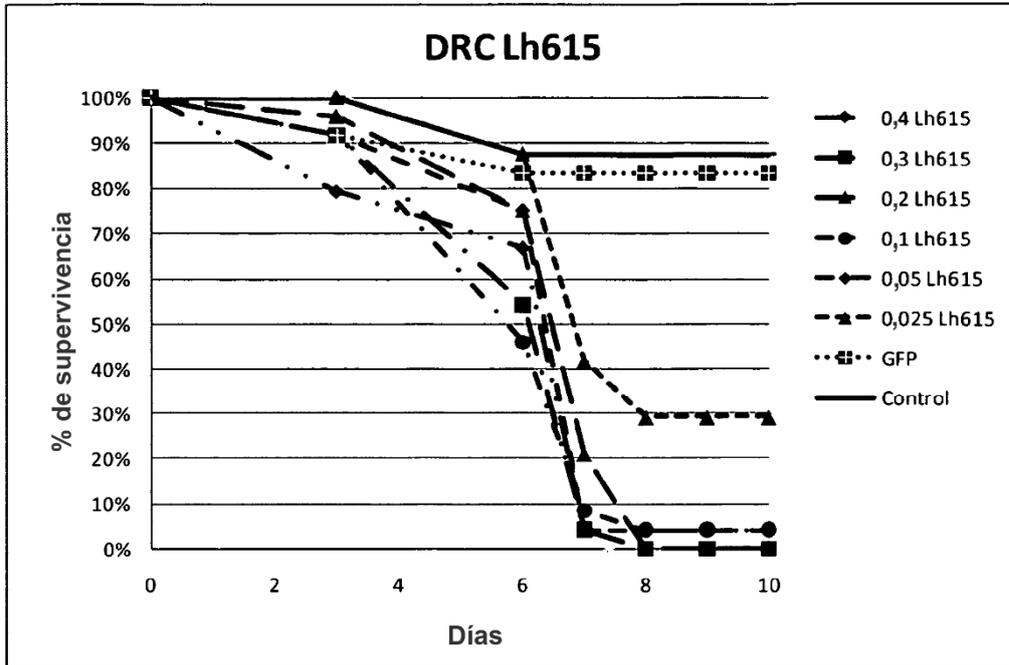


Figura 11

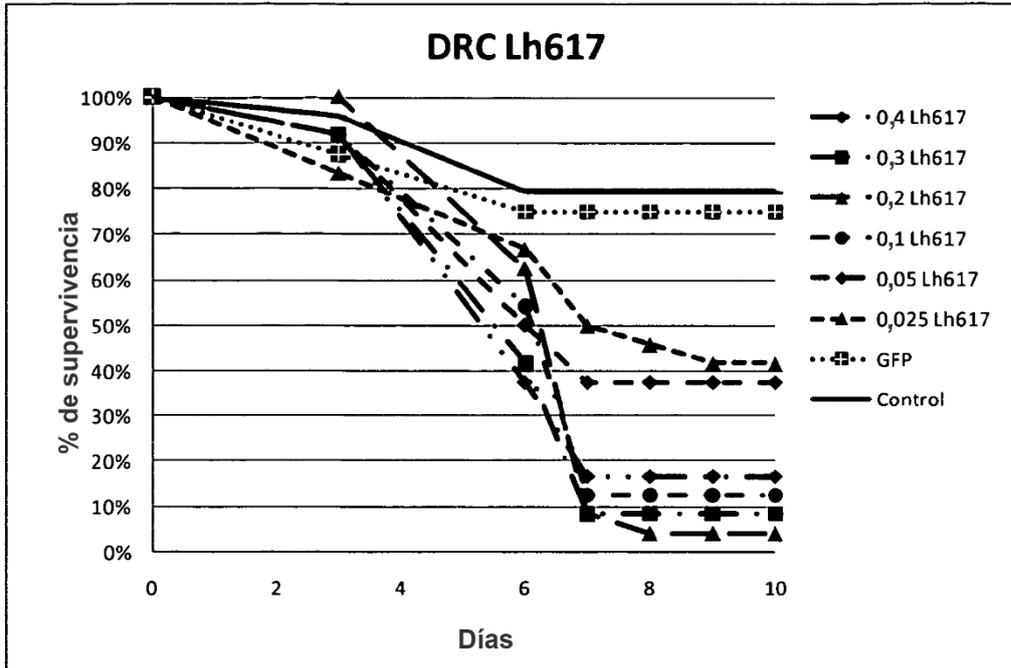


Figura 11 continuación

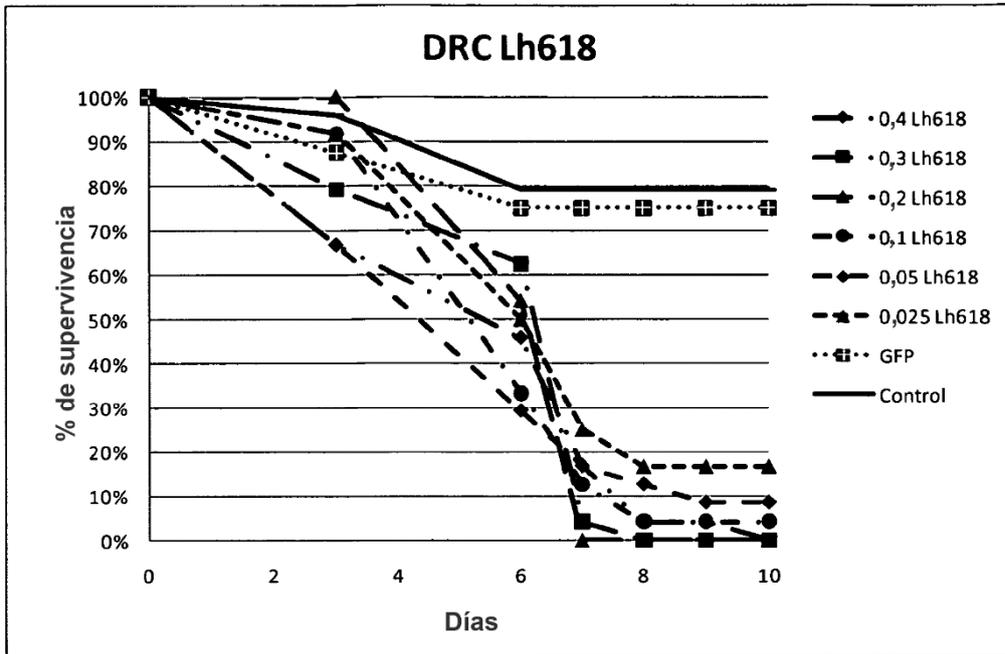


Figura 11 continuación

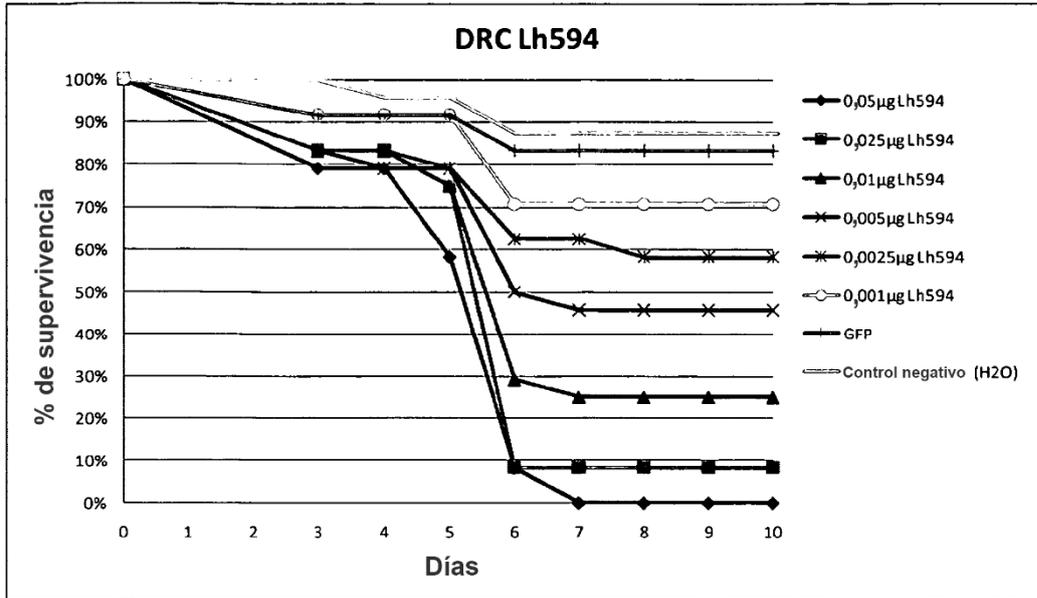
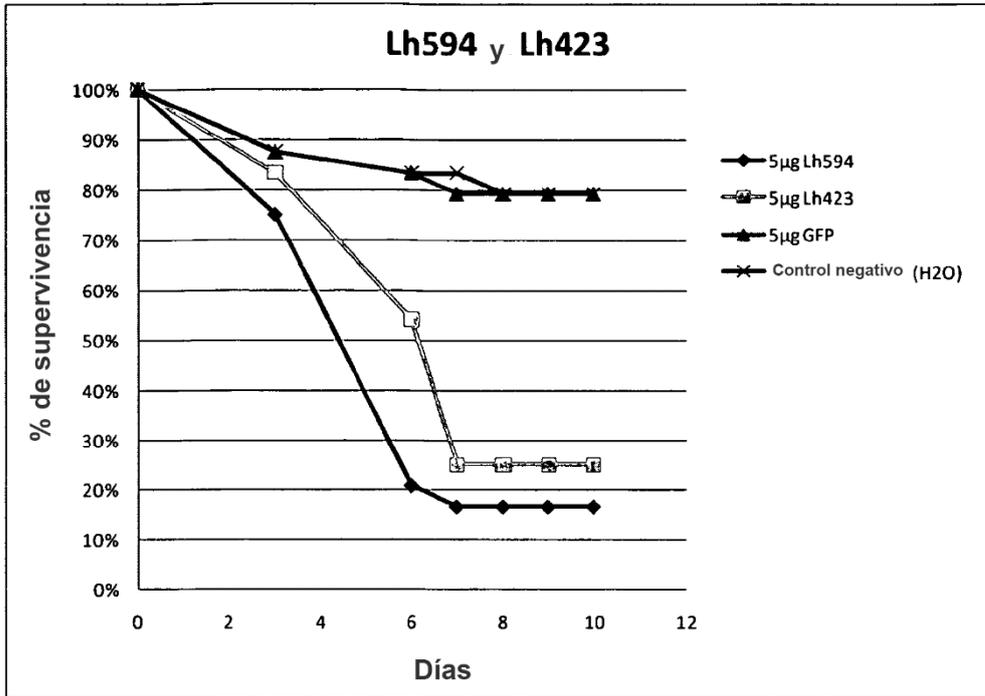


Figura 12

A.



B.

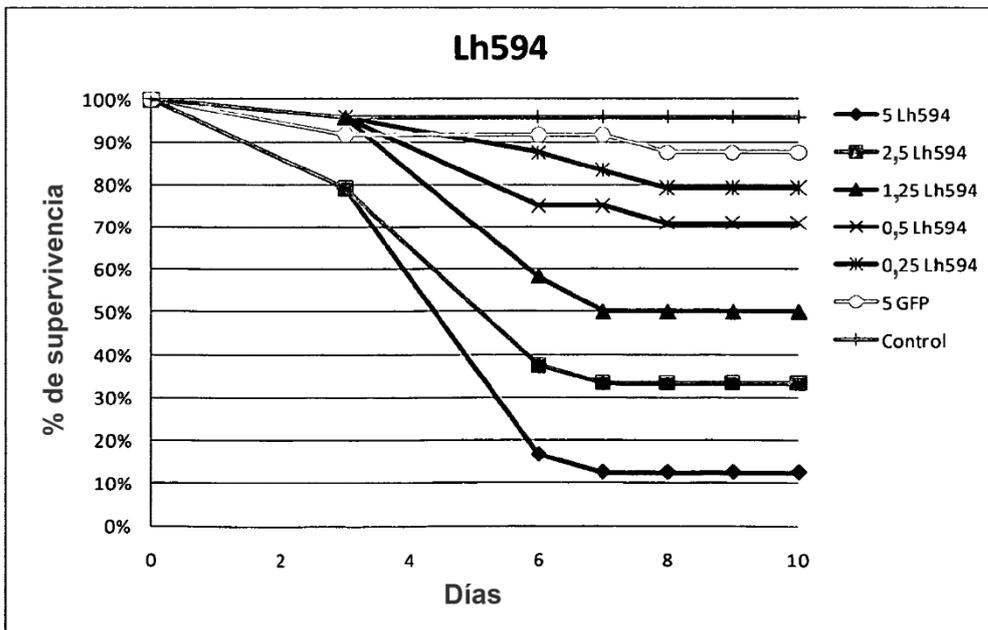


Figura 13