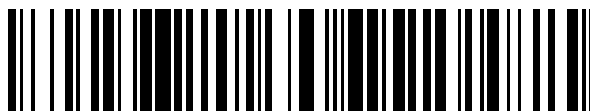


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 670 620**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

C07K 14/435 (2006.01)

A01H 5/00 (2008.01)

A01H 5/10 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **02.05.2012 PCT/EP2012/058037**

87 Fecha y número de publicación internacional: **24.01.2013 WO13010690**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **02.05.2012 E 12721788 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **14.03.2018 EP 2734624**

54 Título: **Regulación por disminución de la expresión de genes en plagas de insectos**

30 Prioridad:

18.07.2011 US 201161508826 P
20.04.2012 WO PCT/EP2012/057332

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la
traducción de la patente:
31.05.2018

73 Titular/es:

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

72 Inventor/es:

BEGHYN, MYRIAM;
BOGAERT, THIERRY;
FELDMAN, PASCALE y
RAEMAEKERS, ROMAN

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

ES 2 670 620 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

Regulación por disminución de la expresión de genes en plagas de insectos

Campo de la invención

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 composiciones y combinaciones que contienen las moléculas de ARN interferente de la invención para su uso en aplicaciones tóxicas, por ejemplo, en forma de insecticidas.

Antecedentes de la invención

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.

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.

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.

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.

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*.

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

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, 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 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, 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 la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma.

5 En un aspecto particular de la invención, 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 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 algunas realizaciones, la presente invención se refiere a 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.

15 En una realización, el gen diana codifica la proteína Rpn 12 (por ejemplo, un ortólogo de insecto de la proteína CG4157 Dm), estando representado dicho gen diana por la SEQ ID NO: 389. En una realización preferida, el ortólogo de insecto tiene al menos un 85%, 90%, 92%, 94%, 96%, 98%, 99% o 100% de identidad de secuencia de aminoácidos con la SEQ ID NO: 393.

20 De acuerdo con un segundo aspecto de la invención, se proporciona una composición para prevenir y/o controlar la infestación por parte de una plaga de insectos que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente y al menos un portador, excipiente o diluyente adecuado, en la que el ARN interferente funciona tras la captación por la plaga regulando por disminución la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga, en la que el ARN 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% idéntica a la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma.

25 La composición de la invención se puede utilizar para la prevención y/o el control de la infestación por parte de plagas. En algunas realizaciones, la composición se puede utilizar como pesticida para una planta o para la propagación o material reproductor de una planta. En un aspecto adicional, en este documento se proporciona una combinación para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas que comprende la composición de la invención y al menos otro agente activo.

30 En un aspecto adicional, en este documento se proporciona un método para regular por disminución la expresión de un gen diana en una especie de plaga de insectos con el fin de prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas, que comprende poner en contacto dicha especie de plaga con una cantidad eficaz de al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente, donde el ARN interferente funciona tras la captación por la plaga regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha plaga, en el que el ARN 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%, 90%, 95%, 98% o 99% idéntica a la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma, o.

40 De acuerdo con un aspecto adicional de la invención, se proporciona un polinucleótido aislado seleccionado 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, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada por la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma y donde dicho polinucleótido es no más largo de 10 000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos.

45 En un aspecto particular de la invención, 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.

50 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.

De acuerdo con otras realizaciones, la presente invención 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.

5 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 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.

10 **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.

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

15 **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.

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.

20 **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 Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en el escarabajo de la patata de Colorado (CPB).

Tabla 8 Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en CPB.

25 **Tabla 9** ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) que corresponde a genes diana de CPB y cebadores para producir los ARNbc.

Tabla 10 Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en el saltamontes pardo del arroz (BPH).

Tabla 11 Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en BPH.

Tabla 12 ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) correspondientes a los genes diana de BPH y los cebadores para producir los ARNbc.

30 **Tabla 13** Cebadores utilizados para la amplificación de ADNc de áfidos, basados en la secuencia genómica de pulgón del guisante.

Tabla 14 Secuencias polinucleotídicas de genes diana identificados en áfidos.

Tabla 15 Secuencias de aminoácidos de genes diana identificados en áfidos.

35 **Tabla 16** ARNbc (hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente) correspondientes a los genes diana de áfidos y los cebadores para producir los ARNbc.

Tabla 17 Cebadores degenerados utilizados para la amplificación de ADNc de Ld594 de CPB

Tabla 18 Cebadores degenerados utilizados para la amplificación de ADNc de BPH

Tabla 19: Dianas novedosas de *Leptinotarsa decemlineata* de la detección.

Tabla 20: Diana novedosa identificada de *Nilaparvata lugens*.

40 **Tabla 21:** Dianas novedosas identificadas de *Acyrtosiphon pisum*.

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".

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).

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).

Figuras 5 a 9 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.

Figura 10 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.

Figura 11 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.

Figura 12 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 13 Resultados del ensayo para las dianas de la ruta de troponina de *Lygus*, ensayadas a 0,5 µg/µl fijos.

Figuras 14 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.

Figuras 15 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.

Figura 16 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.

Figura 17 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 18 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.

Figura 19 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 20 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 21 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

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.

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.

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, por ejemplo, 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.

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.

A continuación se enumeran genes diana adicionales interesantes en este complejo de troponina/miofilamento.

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

Por lo tanto, de acuerdo con una realización, la presente invención se refiere a 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 la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma.

En una realización preferida, el gen diana codifica una proteína de partícula reguladora no ATP-asa 12 de insecto.

Por tanto, en un aspecto, la invención proporciona 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 plaga de insectos.

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.

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. Las especies de insectos pueden comprender y especies que pertenecen a los órdenes *Coleoptera*, *Lepidoptera*, *Diptera*, *Dichoptera*, *Orthoptera*, *Hemiptera* o *Siphonaptera*.

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* (saltahoja verde) o *N. nigropictus* (saltahoja 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 norteño), *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 una realización más específica, la invención es aplicable para 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 para 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 cacahuate), *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 platanoide* (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, pimienta, 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 hemípteros pertenecen a *Nilaparvata ssp.* (por ejemplo, *N. lugens*, *Sogatella furcifera*) y causan daños a las plantas del arroz. Otros hemípteros 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 hemípteros pertenecen a la familia de los Pentatomoidea 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, 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.

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, yuca, coliflor, un cereal, apio, cereza, cítrico, clementina, café, maíz, algodón, pepino, berenjena, escarola, eucalipto, higos, uvas, pomelo, cacahuètes, 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, pimienta, caqui, piña, plátano grande, ciruela, granada, patata, calabaza, achicoria, rábano, semilla de colza, frambuesa, arroz, centeno, sorgo, soja, semilla de soja, espinacas, fresa, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, batata, mandarina, té, tabaco, tomate, una vid, sandía, trigo, ñames y calabacín.

En realizaciones específicas, la presente invención 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.

En realizaciones preferidas, la presente invención proporciona genes diana seleccionados del grupo de genes (i) que tienen una secuencia de nucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 389, o el complemento de la misma, 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 la SEQ ID NO: 389, o el complemento de la misma;

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" 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 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 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 la SEQ ID NO: 389. También se divulgan estos homólogos y/u ortólogos de plagas. Los homólogos y/u ortólogos preferidos 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 la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma. Otros homólogos son genes que son alelos de un gen que comprende una secuencia representada por la SEQ ID NO: 389. Homólogos

preferidos adicionales son genes que comprenden al menos un polimorfismo de un único nucleótido (SNP) en comparación con un gen que comprende una secuencia representada por la SEQ ID NO: 389.

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.

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 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 una realización de la invención, el elemento silenciador comprende o consiste en una secuencia de al menos 30 nucleótidos contiguos complementarios a una secuencia de nucleótidos diana dentro del gen diana.

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 transcritos primarios 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.

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.

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 una realización preferida de la presente invención, 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 la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma. En una realización más preferida 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 la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma, en la que dicho polinucleótido no es más largo de 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500 nucleótidos. 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.

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.

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.

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.

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.

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

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.

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.

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.

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.

5 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
10 determinarse por el método de producción y la formulación para la liberación del ARN interferente a células. Preferiblemente, el ARN interferente de la presente divulgación 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.

15 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.

20 En este documento también se proporciona un polinucleótido aislado seleccionado 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, 1200, 1300, 1400, 1500, 2000 o 3000 nucleótidos contiguos de una secuencia de nucleótidos representada en la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma y en la que dicho polinucleótido no es más largo de 10000, 9000, 8000, 7000, 6000, 5000, 4000, 3000, 2000 o 1500
25 nucleótidos.

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 ARN_{bc} comprende una secuencia de nucleótidos complementaria a una secuencia
30 de nucleótidos ubicada dentro del transcrito de ARN del gen diana. La hebra codificante del ARN_{bc}, 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
35 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, viral o de levadura. 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
40 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
45 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
50 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.

Opcionalmente, una o más secuencias de terminación de transcripción pueden incorporarse en la construcción de
55 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 la presente invención 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*.

Además, de acuerdo con otro aspecto de la invención, en este documento se proporciona una composición para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de insectos que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente y, opcionalmente, al menos un portador, excipiente o diluyente adecuado, en la que el ARN interferente funciona tras la captación por la plaga regulando por disminución la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga. El ARN interferente puede ser cualquiera de los divulgados 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. El "gen diana" puede ser cualquiera de los genes diana de plagas divulgados en otras partes de este documento que incluyen, aunque sin limitación, genes implicados en la regulación de la supervivencia, crecimiento, desarrollo, reproducción y patogenicidad de las plagas. De forma alternativa, la composición comprende al menos una célula hospedadora que comprende al menos una molécula de ARN interferente o construcción de ADN que codifica la misma y, opcionalmente, al menos un portador, excipiente o diluyente adecuado, en la que el ARN interferente funciona tras la captación de la célula hospedadora por la plaga de insectos regulando por disminución la expresión de un gen diana dentro de dicha plaga.

En la aplicación práctica de la invención, la composición se puede utilizar para la prevención y/o control de cualquier plaga de insectos que pertenece a los órdenes *Coleoptera*, *Lepidoptera*, *Diptera*, *Dichyoptera*, *Orthoptera*, *Hemiptera* y *Siphonaptera*. Por lo tanto, la composición puede estar en cualquier forma adecuada para la aplicación a plagas de insectos o para la aplicación a sustratos y/u organismos, en particular plantas, susceptibles de infestación por parte de dicha plaga de insectos. En una realización, la composición es para su uso en la prevención y/o control de la infestación

5 por parte de una plaga de plantas o propagación o material reproductor de plantas y, por lo tanto, está destinada a las especies de plagas de insectos que infestan plantas. La composición de la presente invención es particularmente eficaz cuando la plaga de insectos pertenece a la categoría de insectos “masticadores” que causan un daño considerable a las plantas comiendo tejidos vegetales tales como raíces, hojas, flores, yemas, ramillas y similares. Los ejemplos de esta gran categoría de insectos incluyen los escarabajos y sus larvas.

La composición de la invención se puede utilizar para controlar plagas de insectos en todas las etapas de su ciclo vital, por ejemplo, la etapa de adulto maduro, las etapas de larva y de huevos.

10 En el contexto de la composición de la invención, el ARN interferente se puede producir a partir de una construcción de ADN, en particular una construcción de expresión como se describe en otras partes de este documento, que comprende un polinucleótido que codifica el mismo. En realizaciones preferidas, el ARN interferente se puede producir dentro de una célula u organismo hospedadores manipulados para que expresen dicho ARN interferente a partir de un polinucleótido que codifica el mismo.

15 Los organismos hospedadores adecuados para su uso en las composiciones de la presente invención incluyen, aunque sin limitación, microorganismos de los que se tiene constancia de que colonizan el ambiente sobre las plantas o cultivos de interés y/o alrededor de ellos, es decir, plantas o cultivos susceptibles de infestación por parte de especies de plagas de insectos. Dichos microorganismos incluyen, aunque sin limitación, aquellos que ocupan el filoplano (la superficie de las hojas de las plantas) y/o la rizósfera (el suelo que rodea las raíces de las plantas). Estos microorganismos se seleccionan de modo que sean capaces de competir con éxito con cualesquiera organismos de tipo silvestre presentes en el ambiente de la planta. Los microorganismos adecuados para su uso como hospedadores incluyen varias especies de bacterias, algas y hongos. Es evidente que los microorganismos elegidos no deben ser tóxicos para las plantas. Dichas composiciones aplicadas a las plantas susceptibles de infestación por parte de especies de plagas de insectos serán ingeridas por las plagas de insectos que se alimenten de las plantas tratadas.

25 Los organismos hospedadores que no colonizan de forma natural plantas y/o su ambiente también se encuentran dentro del alcance de la presente invención. Dichos organismos pueden servir solamente como un medio para generar el ARN interferente de la composición. Por ejemplo, en una realización, el ARN interferente se fermenta/produce en un hospedador bacteriano y las bacterias posteriormente se inactivan/matan. Las bacterias resultantes se pueden procesar y utilizar como aerosol insecticida de la misma manera que las cepas de *Bacillus thuringiensis* se han utilizado como insecticida para una aplicación de aerosol. En algunas realizaciones, un lisado o extracto bacteriano se puede purificar de forma adecuada para que deje un extracto que contenga ARN interferente sustancialmente puro, el cual posteriormente se formula en forma de una de las composiciones de la invención. Las técnicas de extracción/purificación estándar serían conocidas para un experto en la materia.

30 Las composiciones de la invención pueden estar en cualquier forma física adecuada para su aplicación a insectos. Por ejemplo, la composición puede estar en forma sólida (polvo, pellet o un cebo), forma líquida (que incluye una forma que se administra como insecticida en aerosol) o forma de gel. En una realización específica, la composición puede ser un recubrimiento, pasta o polvo que se puede aplicar a un sustrato con el fin de proteger dicho sustrato de la infestación por parte de insectos. En esta realización, la composición se puede utilizar para proteger cualquier sustrato o material que sea susceptible de infestación por parte de un insecto o daño causado por este.

40 La naturaleza de los excipientes y la forma física de la composición pueden variar en función de la naturaleza del sustrato que se desee tratar. Por ejemplo, la composición puede ser un líquido que se aplica utilizando un cepillo o se aplica como aerosol o se marca en el material o sustrato que se ha de tratar, o un recubrimiento o polvo que se aplica al material que se ha de tratar.

45 En una realización, la composición se encuentra en forma de cebo. El cebo se diseña para atraer al insecto a que entre en contacto con la composición. Tras entrar en contacto con ella, la composición es a continuación internalizada por el insecto, mediante ingestión, por ejemplo, y media la iARN para así matar al insecto. Dicho cebo puede comprender una sustancia de alimento tal como un alimento basado en proteínas, por ejemplo, harina de pescado. También se puede utilizar ácido bórico como cebo. El cebo puede depender de la especie a la que se dirige. También se puede utilizar un atrayente. El atrayente puede ser una feromona tal como una feromona masculina o femenina, por ejemplo. Como ejemplo, las feromonas a las que se hace referencia en el libro “*Insect Pheromones and their use in Pest Management*” (Howse *et al*, Chapman y Hall, 1998) se pueden utilizar en la invención. El atrayente actúa atrayendo al insecto hacia el cebo y puede dirigirse a un insecto particular o puede atraer a toda una variedad de insectos. El cebo puede encontrarse en cualquier forma adecuada tal como una forma sólida, de pasta, de pellet o en polvo.

50 El cebo también puede ser transportado por el insecto de vuelta a la colonia. El cebo puede actuar entonces como fuente de alimento para otros miembros de la colonia, lo que proporciona, por tanto, un control eficaz de un gran número de insectos y potencialmente una colonia de plaga de insectos entera. Esta es una ventaja asociada con el uso del ARN bicatenario de la invención, ya que la acción retardada de los efectos mediados por la iARN en las plagas permite que el cebo sea transportado de vuelta a la colonia, con lo cual proporciona un impacto máximo en términos de exposición a los insectos.

Además, las composiciones que entran en contacto con los insectos pueden permanecer en la cutícula del insecto. Cuando se limpia, ya sea un insecto individual que se limpia a sí mismo o insectos que se limpian entre sí, las composiciones pueden ser ingeridas y pueden por tanto mediar sus efectos en el insecto. Esto requiere que la composición sea suficientemente estable para que el ARN interferente permanezca intacto y pueda mediar la iARN incluso cuando se expone a condiciones ambientales externas durante un espacio de tiempo, que puede ser un periodo de días, por ejemplo.

Los cebos se pueden proporcionar en una "carcasa" o "trampa" adecuada. Dichas carcassas y trampas se pueden adquirir de distribuidores comerciales y las trampas existentes se pueden adaptar para que incluyan las composiciones de la invención. Cualquier carcasa o trampa que pueda atraer a un insecto para que entre en ella se incluye dentro del alcance de la invención. La carcasa o trampa puede tener forma de caja, por ejemplo, y se puede proporcionar en una condición preformada o se puede formar a partir de cartón plegable, por ejemplo. Los materiales adecuados para una carcasa o trampa incluyen plásticos y cartón, particularmente cartón corrugado. Las dimensiones adecuadas para dicha carcasa o trampa son, por ejemplo, 7-15 cm de anchura, 15-20 cm de longitud y 1-5 cm de altura. Las superficies internas de las trampas se pueden revestir con una sustancia pegajosa con el fin de restringir el movimiento del insecto una vez dentro de la trampa. La carcasa o trampa puede contener un comedero adecuado dentro que pueda mantener el cebo en su lugar. Una trampa se distingue de una carcasa porque el insecto no puede dejar fácilmente la trampa después de entrar, mientras que una carcasa actúa como una "estación de alimentación" que proporciona al insecto un ambiente preferido en el que se pueda alimentar y sentirse a salvo de los depredadores.

En consecuencia, en un aspecto adicional, la invención proporciona una carcasa o trampa para insectos que contiene una composición de la invención, que puede incorporar cualquiera de las características de la composición descritas en este documento.

En una realización alternativa adicional, la composición se puede proporcionar en forma de aerosol. Por tanto, un usuario humano puede aplicar como aerosol la composición directamente sobre la plaga. La composición es internalizada posteriormente por el insecto, desde donde esta puede medir la interferencia de ARN, con lo cual controla así al insecto. El aerosol es preferiblemente un aerosol presurizado/aerosolizado o un aerosol con bomba. Las partículas pueden ser de un tamaño adecuado para que se adhieran al insecto, por ejemplo, al exoesqueleto, y se pueden absorber a partir de este. El tamaño de partícula se puede medir mediante métodos conocidos tales como mediante el uso de un Mastersizer, que es un dispositivo que se puede adquirir a partir de distribuidores comerciales.

En otra realización adicional, el portador es un polvo o partícula cargado electrostáticamente que se adhiere al insecto. Los polvos y partículas adecuados que son capaces de adherirse a un insecto y suministrar, por tanto, las construcciones de ARN de la invención se describen en detalle en los documentos WO 94/00980 y WO 97/33472.

De forma alternativa, el portador puede comprender partículas magnéticas que se adhieren a la cutícula del insecto. Las partículas magnéticas adecuadas que son capaces de adherirse a un insecto y suministrar, por tanto, las construcciones de ARN de la invención, se describen en detalle en el documento WO 00/01236.

En otra realización adicional, el portador de la composición comprende partículas metálicas que inicialmente no están magnetizadas, pero que son capaces de polarizarse magnéticamente cuando se someten al campo eléctrico proporcionado por el cuerpo del insecto. Este modo de acción se describe en detalle en el documento WO 2004/049807.

Preferiblemente, la composición incorpora un portador que aumenta la captación del ARN interferente en la plaga de insectos. Un portador de este tipo puede ser un portador basado en lípidos, preferiblemente que comprenda uno o más de emulsiones de aceite en agua, micelas, colesterol, lipopoliaminas y liposomas. Otros agentes que promueven la captación de las construcciones de la invención son muy conocidos para los expertos en la materia e incluyen policationes, dextranos, y lípidos (tris)catiónicos tales como CS096, CS102, etc. Los liposomas que se pueden adquirir de distribuidores comerciales incluyen LIPOFECTIN® y CELLFECTIN®, etc. Una serie de portadores adecuados se enumeran bajo el encabezamiento "*Transfecting promoting agent*" en el documento WO 03/004644 y cada uno de los ejemplos proporcionados.

En una realización preferida adicional, el portador es un agente de condensación de ácidos nucleicos. Preferiblemente, el agente de condensación de ácidos nucleicos comprende sulfato de protamina o espermidina o un derivado de estos. Cuando la composición de la invención es para su uso en la prevención y/o control de la infestación por parte de una plaga de una planta, la composición puede contener un portador adecuado en agricultura. Un portador de este tipo puede ser cualquier material que la planta que se va a tratar pueda tolerar, que no cause un daño excesivo al ambiente u otros organismos en este y que permita que el ARN interferente continúe siendo eficaz contra la especie de plaga de insectos. En particular, las composiciones de la invención se pueden formular para que se suministren a las plantas de acuerdo con las prácticas de agricultura rutinarias utilizadas en la industria de los bioinsecticidas. La composición puede contener componentes adicionales capaces de desempeñar otras funciones que incluyen, aunque sin limitación, (i) aumento o promoción de la captación del ARN interferente por parte de las células de la plaga y (ii) estabilización de los componentes activos de la composición. Ejemplos específicos de dichos componentes adicionales que contiene la composición que comprende el ARN interferente son ARNt de levaduras o ARN total de levaduras.

Las composiciones se pueden formular para una aplicación directa o como una concentración de una composición primaria que requiere dilución antes de su uso. De forma alternativa, la composición se puede suministrar como un kit que comprende el ARN interferente o la célula hospedadora que comprende o expresa el mismo en un recipiente y el diluyente o portador adecuado para el ARN o célula hospedadora en un recipiente separado. En la aplicación práctica de la invención, la composición se puede aplicar a una planta o cualquier parte de una planta en cualquier etapa del desarrollo de la planta. En una realización, la composición se aplica a las partes aéreas de una planta, por ejemplo, durante el cultivo de cultivos vegetales en un campo. En una realización adicional, la composición se aplica a las semillas de una planta mientras se encuentran en almacenamiento o una vez que están sembradas en el suelo. Por lo general, es importante obtener un buen control de plagas en las etapas tempranas del crecimiento de la planta, ya que este es el momento en el que la planta puede ser dañada más gravemente por la especie de plaga.

La composición se puede aplicar al ambiente de una plaga de insectos mediante varias técnicas que incluyen, aunque sin limitación, aplicación mediante aerosol, atomización, espolvoreado, dispersión, vertido, recubrimiento de semillas, tratamiento de semillas, introducción en el suelo e introducción en el agua de riego. En el tratamiento de plantas susceptibles de infestación por parte de plagas, la composición se puede suministrar a la planta o parte de una planta antes de la aparición de la plaga (a efectos de prevención) o una vez que los signos de infestación por parte de la plaga comienzan a aparecer (a efectos de control de plagas).

En una realización adicional de la invención, las composiciones de la invención se pueden formular de modo que contengan al menos un agente activo adicional. Por tanto, la composición se puede proporcionar como un "kit de partes" que comprende la composición que contiene el ARN interferente en un recipiente y uno o más principios activos, por ejemplo, un pesticida químico o biológico, en un recipiente separado. De forma alternativa, las composiciones se pueden proporcionar como una mezcla que sean estables y para que se utilicen conjuntamente entre sí.

Los principios activos adecuados que pueden actuar de forma complementaria a las moléculas de ARN interferente de la presente invención incluyen, aunque sin limitación, los siguientes: Clorpirifóx, Aletrina, Resmetrina, Tetrabromoetilo, ácido dimetolciclopropanocarboxílico (que generalmente se incluyen en composiciones líquidas); e Hidrametilnona, Avermectina, Clorpirifóx, Sulfuramida, Hidropreno, Fipronilo (receptor GABA), metilcarbamato de isopropilfenilo, Indoxacarb (PARA), Noviflumurón (inhibidor de la síntesis de quitina), Imiprotrina (PARA), Abamectina (canal de cloruro regulado por glutamato), Imidacloprida (receptor de acetilcolina) (que generalmente se incluyen en las composiciones de cebos).

En una realización preferida, se tiene constancia de que el principio activo es un insecticida preferido en términos de consideraciones de salud y medioambiente tal como, por ejemplo, Hidrametilnona y Avermectina.

En una realización adicional de la invención, la composición se formula de modo que contenga al menos un agente agronómico adicional, por ejemplo, un herbicida o un pesticida adicional. Como se utiliza en este documento, un "segundo pesticida" o "pesticida adicional" se refiere a un pesticida distinto de la molécula de ARN interferente original o primera de la composición. De forma alternativa, la composición de la invención se puede suministrar combinada con al menos otro agente agronómico, por ejemplo, un herbicida o un segundo pesticida. En una realización, la composición se proporciona combinada con un herbicida seleccionado a partir de cualquiera conocido en la materia, por ejemplo, glifosato, imidazolinona, sulfonilurea y bromoxinilo. En una realización adicional, la composición se proporciona combinada con al menos un pesticida adicional. El pesticida adicional se puede seleccionar a partir de cualesquiera pesticidas conocidos en la materia y/o puede comprender un ácido ribonucleico interferente que funciona tras la captación por una plaga regulando por disminución la expresión de un gen diana en dicha especie de plaga. En una realización, la plaga diana es una especie de plaga de insectos y el ARN interferente se selecciona a partir de cualquiera de los ARN interferentes descritos en este documento. En una realización adicional, el pesticida adicional comprende un ARN interferente que funciona regulando por disminución la expresión de un gen conocido en cualquier especie de plaga diana, que no se limita a plagas de insectos. La molécula de ARN interferente original de la composición y el o los pesticidas segundos o adicionales pueden dirigirse a la misma especie de plaga de insectos o pueden estar destinados a dirigirse a especies de plagas de insectos diferentes. Por ejemplo, el ARN interferente original y el segundo pesticida pueden dirigirse a especies diferentes de plagas de insectos o pueden dirigirse a diferentes familias o clases de organismos de plagas, por ejemplo, hongos o nematodos o insectos. Será evidente para un experto en la materia cómo evaluar combinaciones de moléculas de ARN interferente y otros agentes agronómicos en cuanto a efectos sinérgicos. En una realización preferida, la composición contiene una primera molécula de ARN interferente descrita en otras partes de este documento y uno o más pesticidas adicionales, cada uno tóxico para la misma plaga de insectos, en la que el o los pesticidas adicionales se seleccionan a partir de una patatina, una proteína insecticida de *Bacillus thuringiensis*, una proteína insecticida de *Xenorhabdus*, una proteína insecticida de *Photorhabdus*, una proteína insecticida de *Bacillus laterosporous*, una proteína insecticida de *Bacillus spaericus* y una lignina, y en la que dicha proteína insecticida de *Bacillus thuringiensis* se selecciona a partir del grupo que consiste en una Cry1Ab, una Cry1C, una Cry2Aa, una Cry3, una TIC851, una CryET70, una Cry22, una VIP, una TIC901, una TIC1201, una TIC407, una TIC417, una proteína insecticida binaria seleccionada a partir de CryET33 y CryET34, CryET80 y CryET76, TIC100 y TIC101 y PS149B1, y quimeras insecticidas de cualquiera de las proteínas insecticidas anteriores.

Los diferentes componentes de las combinaciones descritas en este documento se pueden administrar, por ejemplo, a un organismo hospedador susceptible de infestación por parte de una plaga, en cualquier orden. Los componentes se pueden suministrar simultánea o secuencialmente al área u organismo que se ha de tratar.

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.

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 insectos 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.

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.

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

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

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 12. 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.

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.

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.

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 mitocondrial	mt:Coll
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

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

- 5 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.
- 10
- 15 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*

- 20 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.
- 25 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
- 30

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*

5 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.

15 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**.

20 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 5 a 9**) 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**).

25 **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 µg/µl 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 µg/µl de ARNbc (**Figura 6**), el experimento de Lh594 por lo tanto se repitió, incluidas concentraciones más bajas en el intervalo de 0,05 a 0,001 µg/µl de ARNbc (**Figura 10**). En conclusión, la actividad de Lh594 se observó a una concentración de 0,0025 µg/µl y aproximadamente un 90% de destrucción (correspondiente a aproximadamente un 10% de supervivencia) se obtuvo en el día 6 con 0,025 µg 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 µg/µl en ausencia de ARNt (**Figura 11 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 11 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 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 9 días (**Figuras 15 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 µg/µl 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 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 Lh594 (Troponina I) como control positivo y se utilizó ARNbc de GFP y dieta de sacarosa como controles negativos (**Figura 13**). 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 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 14 A-B**).

Ejemplo 4 Identificación de genes diana en *Leptinotarsa decemlineata***4.1. 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 9**) y al clon de control de FP negativo es la SEQ ID NO 104 (véase la **Tabla 4**).

4.2. 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 tóxica 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 pretratados 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 21**).

4.3. 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 17**. Las secuencias de ADNc y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana se determinaron y se proporcionan en las **Tablas 7 y 9** respectivamente.

4.4. 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 9**. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de los genes diana se proporciona en la **Tabla 9**.

4.5. 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 16**). 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 17**).

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 18**).

Ejemplo 5 Identificación de genes diana en *Nilaparvata lugens*

5.1 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 18**.

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 10 y 11**, respectivamente.

5.2 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 12**. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de cada uno de los genes diana se proporciona en la **Tabla 12**.

5.3 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 transcurso de 9 días.

Los resultados del bioensayo mostraron que en BPH, NI594, NI619 y NI626 también fueron dianas de iARN potentes en BPH (**Figura 19**).

Ejemplo 6 Identificación de genes diana en *Acyrtosiphon pisum***6.1 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 13**).

Las secuencias de ADN y las secuencias de aminoácidos deducidas de estos genes diana se determinaron y se proporcionan en las **Tablas 14 y 15** respectivamente.

6.2 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 16**. La hebra codificante del ARNbc resultante producida de cada uno de los genes diana se proporciona en la **Tabla 16**.

6.3 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 20**).

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

ID de la diana	Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 2
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
Lh619	SEQ ID NO 330
Lh620	SEQ ID NO 331
Lh621	SEQ ID NO 332
Lh622	SEQ ID NO 333
Lh623	SEQ ID NO 334
Lh624	SEQ ID NO 335
Lh625	SEQ ID NO 336
Lh626	SEQ ID NO 337
Lh614	SEQ ID NO 338
Lh627	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 2 670 620 T3

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

ES 2 670 620 T3

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

Lh595	SEQ ID NO 274 SEQ ID NO 276	SEQ ID NO 275 SEQ ID NO 277	SEQ ID NO 169
Lh596	SEQ ID NO 278 SEQ ID NO 280	SEQ ID NO 279 SEQ ID NO 281	SEQ ID NO 173

Tabla 7

ID de la diana	Secuencia de ADNc (hebra codificante) 5' → 3'
Ld594	SEQ ID NO 174
Ld594 (b)	SEQ ID NO 404
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 8

ID de la diana	Secuencia de aminoácidos correspondiente al clon de ADNc como se representa en la Tabla 9
Ld594	SEQ ID NO 349
Ld594 (b)	SEQ ID NO 405
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 9

ID de la diana	Cebadores directos 5' → 3'	Cebadores inversos 5' → 3'	ARNbc: hebra codificante representada por la secuencia de ADN equivalente 5' → 3'
Ld594	SEQ ID NO 282 SEQ ID NO 284	SEQ ID NO 283 SEQ ID NO 285	SEQ ID NO 175
Ld619	SEQ ID NO 286 SEQ ID NO 288	SEQ ID NO 287 SEQ ID NO 289	SEQ ID NO 177

Ld620	SEQ ID NO 290	SEQ ID NO 291	SEQ ID NO 179
	SEQ ID NO 292	SEQ ID NO 293	
Ld513	SEQ ID NO 396	SEQ ID NO 397	SEQ ID NO 400
	SEQ ID NO 398	SEQ ID NO 399	

Tabla 10

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 11

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 12

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

Tabla 13

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 14

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 15

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 16

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

Tabla 17

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

Tabla 18

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 19

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 20

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 21

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> DEVGEN NV

<120> Regulación por disminución de la expresión de genes en plagas de insectos

<130> NLW/P122274W001

<160> 405

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

<211> 1096

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 1

gcgatctaag gcaggtggca gacagctcga tgacggcagt gggccaagca ataattggata	60
gtcattcata gcacccacgc ttactaagc tctgccgtag tgttggttg ggagcggata	120
caattcacca cagaacagct atgacatgat acgcagtcg aataccctca taaaggacta	180
gtctgcaggt ttaacgatcg cgtagcagtg tatcacgcag agtacatggg gactgactgt	240
gtgaacctgc tgggtacatc atcaccctc tccttcttca gttatataag acacagtccc	300
taaaggacac cagcaaaaat ggcggatgat gaggcgaaga aggccaaaca ggccgaaatc	360
gagaggaagc gcgctgaagt gcgcaagagg atggaggaag cctctaaggc gaagaaagcc	420
aagaaggggtt tcatgacccc ggaaaggaag aagaaactcc gactcctgct gaggaaaaaa	480
gccgctgagg aactgaagaa ggagcaggaa cgcaagcag ctgagaggag gcgaacgatt	540
gaggagcgct gcgggcaaat tgccgacgtc gacaacgcca atgaagcaac cttgaagaaa	600
ctctgcacag actaccataa gcgaattgac gctctggaga ggagtaaaat tgacatcgaa	660
ttcgaagtgg agagacgtga ccttgagatc gccgacctca acagccaggt caacgacctc	720
cgtggtaaat tcgtcaaacc taccttgaaa aaggtttcca agtacgaaa caaattcgcc	780
aagctccaga agaaggctgc cgagttcaac ttcagaaacc aactcaaggt cgtcaaaaag	840
aaagaattca ccctggaaga agaagacaaa gagccgaaga aatcggaaaa ggcggagtgg	900
cagaagaaat gaagggaaaa caagcacacc atctcacaaa ataaaataaa cgaaaatctt	960
tcacacgttt accaatttta taacacggtc ctcacaaatt atgttcctta aataatttgt	1020
ataatccatc ctgcactac aatcaatatt aatatttaaa tacaaaacca aaaaaaaaaa	1080
aaaaaaaaa aaaaaa	1096

<210> 2

<211> 491

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 2

ES 2 670 620 T3

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

<210> 3

<211> 431

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 3

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

<210> 4

<211> 332

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 4

gggcatcatg tcgaaagctg aactcgcttg tgtttactcc gctctcatcc tcatcgacga	60
cgatgtcgcc gtgacgggtg agaagattca aaccatcctg aaggctgcca gtgtcgacat	120
cgagccgtac tggcccggtc tgttcgccaa ggccctcgag ggtatcaacc ccaaagacct	180
catctcctcc attggaagcg gagttggtgc tggagcgccg gctgtcgggtg gagctgcacc	240
tgccgccgct gctgccctg ccgctgaggc taagaaggaa gagaagaaga aggtcgaaag	300
cgatccagaa tccgatgatg acatgggctt cg	332

<210> 5

<211> 468

<212> ADN

ES 2 670 620 T3

<213> *Lygus hesperus*

<400> 5

atgggggcag gtcttctcca taaccataga ttatcttcgt gtatcgtgtc gggctttcgg	60
ctgaggtcct aattagtaaa taatgattcc gcctacgtcg cggcctcagg tcaactgtcta	120
cagtgacaaa aatgaggcca ccgggactct cctcaacctc ccggctgtct tcaacgcccc	180
cattcgcccc gatgttgtga acttcgttca ccaaaatgtc gctaaaaacc acaggcagcc	240
ctactgtgtc tccgctcaag ctggcatca gacttcagct gagtcctggg gtaccggtcg	300
tgctgtggct cgtatcccc gtgttcgctg aggtgggtact caccgctcag gtcaggggtc	360
ttttggcaac atgtgtcgcg gcggtaggat gttcgctccc actcgcccat ggcgtcgttg	420
gcaccgcaaa atcaacgtta accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa	468

<210> 6

<211> 429

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 6

gggcaggctct tctccataac catagattat cttcgtgtat cgtgtcgggc tttcggctga	60
ggtcctaatt agtaaataat gattccgcct acgtcgcggc ctcaggtcac tgtctacagt	120
gacaaaaatg aggccaccgg gactctcttc aacctcccg ctgtcttcaa cgccccatt	180
cgccccgatg ttgtgaactt cgttcaccaa aatgtcgcta aaaaccacag gcagccctac	240
tgtgtctccg ctcaagctgg tcatcagact tcagctgagt cctggggtag cggtcgtgct	300
gtggctcgta tccccctgt tcgcggaggt ggtactcacc gctcaggta ggggtccttt	360
ggcaacatgt gtcgcggcgg taggatgttc gctccactc gcccatggcg tcgttggcac	420
cgcaaaatc	429

<210> 7

<211> 523

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 7

atgggatctc tatgctgaaa aggtcgccac cagaggtttg tgtgctattg cacaagctga	60
atccctccgt tacaaactca ttggcggctc tgctgtccga ggggcttgct atggtgtcct	120
tcgcttcac atggaaaatg gtgccaaggg ttgcgaagtc gtagtatctg gaaaactgcg	180
tggtcagaga gccaaagtcaa tgaagttcgt ggatggtttg atgatccaca gtggggatcc	240
ctgtaacgaa tatgttgata ctgtacccg acatgtgtc cttagacaag gtgtcctggg	300
aataaagggtg aagattatgt tgccgtggga cgttaccggc aaaaatgggc cgaagaaccc	360
tcttccgcac caggtcagcg ttctcttacc taaggaggag ctaccaaatt tggccgttag	420

ES 2 670 620 T3

tgtgcctgga tccgacatca aaccaagcc tgaagtacca gcacccgctt tgtgaatata 480

aacttctttt ttgtaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 523

<210> 8

<211> 431

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 8

attgcacaag ctgaatccct ccgttacaaa ctcatggcg gtcttgctgt ccgaggggct 60

tgctatgggt tcttcgctt catcatggaa aatgggtgcca agggttgcga agtcgtagta 120

tctggaaaac tgcgtggtca gagagccaag tcaatgaagt tcgtggatgg tttgatgac 180

cacagtgggg atccctgtaa cgaatatgtt gatactgcta cccgacatgt gctccttaga 240

caaggtgtcc tgggaataaa ggtgaagatt atgttgccgt gggacgttac cggcaaaaat 300

gggccaaga accctcttcc cgaccacgtc agcgttctct tacctaagga ggagctacca 360

aatttggccg ttagtgtgcc tggatccgac atcaaacc aa gcctgaagt accagcacc 420

gctttgtgaa t 431

<210> 9

<211> 823

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 9

catggggaca ctctctttt cttcatcgcg tggctcgctg ccgtgtgggt agggagtttc 60

ctactttaat ttttagtgt aattcatctt caaaatgacg tcgaaggttt ctctgagac 120

cctctacgag tgcataatg gagtcatcca gtccctccag gagaagaaga ggaacttcgt 180

ggagactgtg gagatccaga tcggtctgaa gaactacgat cccagaagg acaagcgttt 240

ctcgggaact gtcaagctga agcacattcc aaggcctaaa atgcaggttt gcatcctcgg 300

agatcaacag cattgcgacg aggccaaagc caacaacgtg ccctacatgg acgtcgaggc 360

tctgaagaag ctcaacaaaa acaagaagct cgtcaagaaa ttggccaaga aatacgacgc 420

tttcctcgcc tcagaagccc tcatcaagca gatcccagc ctccctcgac ccggtctcaa 480

caaggcgggc aagttccctg gtctcctctc tcaccaggag tccatgatga tgaagatcga 540

cgaagtcaag gccaccatca agttccaaat gaagaagtg ttgtgcctct cagtggctgt 600

cggtcacgtc ggcagtactg ctgatgagct cgtccagaac gtgcacttgt cggtaactt 660

cctcgtttcg ctctcaaga agcactggca gaacgtcagg tctctccacg tcaaatccac 720

gatgggacct cccagaggc ttactaaac atcttgtttt ttacttttga cgaataaaat 780

tcgttttatt ctgaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 823

<210> 10

<211> 607

ES 2 670 620 T3

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 10

ccctctacga gtgcatcaat ggagtcattcc agtcctccca ggagaagaag aggaacttcg	60
tggagactgt ggagatccag atcgggtctga agaactacga tccccagaag gacaagcgtt	120
tctcgggaac tgtcaagctg aagcacattc caaggcctaa aatgcagggtt tgcattcctcg	180
gagatcaaca gcattgcgac gaggccaaag ccaacaacgt gccctacatg gacgtcgagg	240
ctctgaagaa gctcaacaaa aacaagaagc tcgtcaagaa attggccaag aaatacgacg	300
ctttcctcgc ctccagaagcc ctcatcaagc agatccccag gctcctcggg cccgggtctca	360
acaaggcggg caagttccct ggtctcctct ctccaccagga gtccatgatg atgaagatcg	420
acgaagtcaa ggccaccatc aagttccaaa tgaagaaggt gttgtgcctc tcagtggctg	480
tcgggtcacgt cggcatgact gctgatgagc tcgtccagaa cgtgcacttg tcgggtcaact	540
tcctcgtttc gctcctcaag aagcactggc agaacgtcag gtctctccac gtcaaatcca	600
cgatggg	607

<210> 11

<211> 435

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 11

atggggaccaa taaagatcaa ctttcccaga gaaagacttg ctatgccag cataatcagg	60
tccgagaaat ccgcaaaaag atggttaaaa acatcagtga cagcatttcc agctgtgatt	120
tgaggagtgt tgtgaacaag ctgatcccag actccatcgc taaagatata gaaaagaatt	180
gccaaaggaat ctaccactc cagcatgtgt acattcggaa ggtgaagggtg ttgaagaagc	240
cgaggttcga gctcagcaag ctcttgagc ttcacgtcga tggcaaaggg atcgacgaac	300
ccggcgcgaa agtgacgagg actgacgctt acgagcctcc agttcaagag tctgtctaag	360
taaacatttt atataaagt aaacaaaaat aaagggtgtct cgcctgacta aaaaaaaaaa	420
aaaaaaaaaa aaaaa	435

<210> 12

<211> 353

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 12

ccaataaaga tcaactttcc cagagaaaga cttgctatgc ccagcataat cagggtccgag	60
aatccgcaa aaagatggtt aaaaacatca gtgacagcat ttccagctgt gatttgagga	120

ES 2 670 620 T3

gtgttgtgaa caagctgata ccagactcca tcgctaaaga tatagaaaag aattgccaaag	180
gaatctaccc actccacgat gtgtacattc ggaaggtgaa ggtgttgaag aagccgaggt	240
tcgagctcag caagctcctt gagcttcacg tcgatggcaa agggatcgac gaacccggcg	300
cgaaagtac gaggactgac gcttacgagc ctccagttca agagtctgtc taa	353
<210> 13	
<211> 474	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 13	
catgggtacg aatatcgacg gtaaaagaaa ggtgatgttc gccatgaccg ccatcaaagg	60
tgtcggcaga cggtagccca acattgtcct caagaaggcc gatgtcaact tggacaagag	120
ggccggcgaa tgctccgaag aagaagttga aaagatcgtt accatcatgc aaaaccctag	180
gcaatacaaa attcccaact ggttcctcaa cagacaaaaa gacaccgtcg agggcaaata	240
ctctcagttg acttcctccc tgctggattc caagctccgt gacgaccttg agcgactcaa	300
gaagatcagg gccacagag gcatgaggca ctactggggt ttgaggggtgc gtggtcaaca	360
cacgaagacc accggaagga gaggacgaac tgttggtgtg tccaagaaga agtaatttta	420
atttcctaataaattggttt tttcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa	474
<210> 14	
<211> 332	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 14	
gaaaggtgat gttcgccatg accgccatca aaggtgtcgg cagacggtac gccaacattg	60
tcctcaagaa ggccgatgtc aacttggaac agagggcccg cgaatgctcc gaagaagaag	120
ttgaaaagat cgttaccatc atgcaaaacc ctaggcaata caaaattccc aactggttcc	180
tcaacagaca aaaagacacc gtcgagggca aatactctca gttgacttcc tccctgctgg	240
attccaagct ccgtgacgac cttgagcgac tcaagaagat cagggccac agaggcatga	300
ggcactactg gggtttgagg gtgcgtggtc aa	332
<210> 15	
<211> 440	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 15	
gtgagttcct ctgttgatta gtttttctt ccctgaaatt atttcgttga agttaatttg	60
gattaccctg aaagaatccg ctgctttttc tctcgctaaa aatcttttac acccgtcacc	120
acggccccct gtgggcaggc acaagctgaa gcacctgcc gtgcacccta actcgactt	180

ES 2 670 620 T3

catggacgtc aactgccctg ggtgttataa aatoccaaag gtgttctccc ccgcccagaa	240
cgacttcggc tgctggacct gttccaccat cctctgcctg ccacagggg gccgtgccga	300
cctcacaaa agatgctcgt ttaggagaaa tcaacattat tattcttggg gggaaacatt	360
atTTTTTTTg taattaaatt tcaaaactaca aaataacttt tccgaaaaac actacaaaaa	420
aaattaaaaa caaaaaaaaaa	440
<210> 16	
<211> 324	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 16	
cttccctgaa attatttcgt tgaagttaat ttggattacc ctgaaagaat ccgctgcttt	60
ttctctcgct aaaaatcttt tacaccogtc accacggccc cctgtgggca ggcacaagct	120
gaagcacctg ccgctgcacc ctaactcgca cttcatggac gtcaactgcc ctgggtgtta	180
taaaatccca acggtgttct cccccgccca gaacgacttc ggctgctgga cctgttccac	240
catcctctgc ctgcccacag ggggccgtgc cgacctcacc aaaagatgct cgtttaggag	300
aaatcaacat tattattctt ggtg	324
<210> 17	
<211> 357	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 17	
atgggttcaa gagagttaaa gccaaagagg ccaagaagga cgacggtgag 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	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 18	
gttcaagaga gttaaagcca agagggccaa gaaggacgac ggtgagatat ttgccgctaa	60
aaaggaagtc tacaagccct ctgagcagag gaaagcagac cagaaaaaca ttgacaaaca	120
gaccctgaaa gccatcaagc gactcaaggg agacgcttgc ctcatgagga aatacctttg	180
caccatgttc ggattcagga gcagtcaata tccccaccgt atg	223

ES 2 670 620 T3

<210> 19

<211> 632

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 19

```
atggggacctt ttttccgtgt gtctggctta ggccctcgctt gttcttgat ttttacggga      60
aathtagtga aaaagtgtaa atttaacgctg taaaaatggg tcgtatgcac gcacctggta      120
agggtatttc ccagtcagct ctccctatc gtctagcgt cccaacatgg ctgaagctca      180
ctcctgacga cgtcaaggat cagattttca aactcaccaa gaaaggactg actccatctc      240
agatcgggtg catcctcagg gattctcacg gtgtggctca agtcagattc gtcaccgggt      300
cgaagatcct caggatcatg aaagccatcg gcctcgctcc tgacctccca gaggacctct      360
acttctcat caaaaaagcc gttgctatca ggaaacatct tgaaagaaat aggaaagaca      420
aagactctaa attcggactt atccccgtcg agtcaggat ccacaggttg gcaagatact      480
acaaaaccaa gggcaccctt ccaccacct ggaaatacga gtccagcacc gcctctgctc      540
tggtggcttg aatattcaac tttttatttg tctactgttt aattaatata atgtgattta      600
gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa                                     632
```

<210> 20

<211> 457

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 20

```
gggtcgtatg cagcacctg gtaagggtat ttccagtcg gctctccct atcgtcgtag      60
cgtccaaca tggctgaagc tactcctga cgacgtcaag gatcagattt tcaaactcac      120
caagaaagga ctgactccat ctcatcggg tgtcatctc agggattctc acggtgtggc      180
tcaagtcaga ttgctcaccg ggtcgaagat cctcaggatc atgaaagcca tcggcctcgc      240
tcctgacctc ccagaggacc tctacttct catcaaaaaa gccgttgcta tcaggaaaca      300
tcttgaaaga aataggaaag acaaagactc taaattcgga cttatccccg tcgagtccag      360
gatccacagg ttggcaagat actacaaaac caagggcacc cttccacca cctggaaata      420
cgagtccagc accgcctctg ctctggtggc ttgaata                                     457
```

<210> 21

<211> 407

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 21

```
atggggaccgt ttgcctcaca atccagaaca gacaggctgc catatccgtc gtccccctctg      60
cagcctccct cgtaatcaag gccctcaaag agcccccgag ggacaggaag aagaacaaga      120
```

ES 2 670 620 T3

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

<210> 22

<211> 302

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 22

accgtttgcc tcacaatcca gaacagacag gctgccatat ccgtcgtccc ctctgcagcc 60
tccctcgtaa tcaagggcct caaagagccc ccgagggaca ggaagaagaa caagaacatc 120
aaacacgacg gtaacctgag tatggatgac attctcggaa ttgccaaaac catgagggccg 180
aggtcgatgt ccaggaaact ggaaggaacc gtcaaggaaa tccttgggac agctcagtct 240
gtcggatgca cgatcgaagg ccgagctccc cacgacgtca tcgactccat caacaacggc 300
ga 302

<210> 23

<211> 794

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 23

catggggagt caatttggat ctatcgccag atgaagatgt ctctgccgt gttcgctgtt 60
ctgctggtac tttcagcttc ccaggtcttg ggagatgatg catccaagtt ccaacacgag 120
gaaatcatgg aagtcctcag ctcggtcaac aaaaccgtca acaaattgta cgacttgatg 180
tccacgcaga aggaaagaga tattgacttt atcgagaaga aatggatga gacgtaccag 240
caactcagga acaagaggga ggcgccggct 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 aggattttga ctctgcacaa acgcccgttg gtgttttaaac gtattttctta 540
cgtttattat catcgggggt catgaaatca aaaatacacc atcgcatacc acctcgaaaa 600
gaacataata tatgtgaaaa gacaagaaaa ggtgttcaat tgtgtcttta actggtggtt 660
atcacgattc acatgaaata ctactaagaa aacccaaaaa ccgtcatgaa acccgagta 720
tgcttctgta ttacctaat gtgctgataa ttcttaataa aatattatac tgagaaaaaa 780
aaaaaaaaaa aaaa 794

<210> 24

ES 2 670 620 T3

<211> 278

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 24

ttctgctggt actttcagct tcccaggtct tgggagatga tgcattccaag ttccaacacg	60
aggaaatcat ggaagtccctc agctcgggtca acaaaaccgt caacaaattg tacgacttga	120
tgtccacgca gaaggaaaga gatattgact ttatcgagaa gaaaatggat gagacgtacc	180
agcaactcag gaacaagagg gaggcgccgg ctgagaaccc tgaagccatt gacaagatcc	240
aaaacgcggt caaaagcttt caagacggcg tcaaggac	278

<210> 25

<211> 437

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 25

atgggatcca ataataacca ttaaggcaat tggacatcaa tgatactgaa catatgaata	60
ttcagatatc aaaaatatcg aaatagaatc atatataaaa ccaactaacg cattagaaaa	120
taacgaattc cgattacttg aagtagacaa tcgaatcgta ttacctataa aatcaactat	180
ccgaattcta gttacatcat ctgatgtaat tcattcatga accatcccaa gtttgggaa	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

<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
aagtttgga atcaaaattg atggcacacc aggacgatta aatcaaggga gaataaacat	300
aaaccgacca ggactaatat atgggca	327

<210> 27

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 27
 gcgtaatacg actcactata ggcaaacagg ccgaaatcga ga 42
 <210> 28
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 28
 tgacgacctt gagttggttt ctg 23
 <210> 29
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 29
 caaacaggcc gaaatcgaga 20
 <210> 30
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 30
 gcgtaatacg actcactata ggtgacgacc ttgagttggt ttctg 45
 <210> 31
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 31

gcgtaatacg actcactata gggggcatca tgtcgaaagc tg 42

<210> 32

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 32

cgaagcccat gtcacatcg 20

<210> 33

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 33

gggcatcatg tcgaaagctg 20

<210> 34

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 34

gcgtaatacg actcactata ggcgaagccc atgtcatcat cg 42

<210> 35

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 35

gcgtaatacg actcactata gggggcaggt cttctccata acca 44

<210> 36

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 36
 gattttgcgg tgccaacgac 20
 <210> 37
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 37
 gggcaggtct tctccataac ca 22
 <210> 38
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 38
 gcgtaatacg actcactata gggattttgc ggtgccaacg ac 42
 <210> 39
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 39
 gcgtaatacg actcactata ggattgcaca agctgaatcc ctcc 44
 <210> 40
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 40

attcacaaaag cgggtgctgg 20

<210> 41

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 41

attgcacaag ctgaatccct cc 22

<210> 42

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 42

gcgtaatacg actcactata ggattcacaa agcgggtgct gg 42

<210> 43

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 43

gcgtaatacg actcactata ggccctctac gaggatcatca atgg 44

<210> 44

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 44

cccatcgtgg atttgacgtg 20

<210> 45

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 45
 ccctctacga gtgcatcaat gg 22
 <210> 46
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 46
 gcgtaatacg actcactata ggcccatcgt ggatttgacg tg 42
 <210> 47
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 47
 gcgtaatacg actcactata ggccaataaa gatcaacttt cccagag 47
 <210> 48
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 48
 ttagacagac tcttgaactg gaggc 25
 <210> 49
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 49

ccaataaaga tcaactttcc cagag 25

<210> 50

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 50

gcgtaatacg actcactata ggtagacag actcttgaac tggaggc 47

<210> 51

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 51

gcgtaatacg actcactata gggaaaggat atgttcgcca tgac 44

<210> 52

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 52

ttgaccacgc accctcaaac 20

<210> 53

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 53

gaaaggatgat gttcgccatg ac 22

<210> 54

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 54
 gcgtaatacg actcactata ggttgaccac gcaccctcaa ac 42
 <210> 55
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 55
 gcgtaatacg actcactata ggcttcctg aaattatttc gttgaag 47
 <210> 56
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 56
 caccaagaat aataatgttg atttctcc 28
 <210> 57
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 57
 cttccctgaa attatttcgt tgaag 25
 <210> 58
 <211> 50
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 58

gcgtaatacg actcactata ggcaccaaga ataataatgt tgatttctcc 50

<210> 59

<211> 47

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 59

gcgtaatacg actcactata gggttcaaga gagttaaagc caagagg 47

<210> 60

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 60

catacgggtgg ggatattgac tg 22

<210> 61

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 61

gttcaagaga gttaaagcca agagg 25

<210> 62

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 62

gcgtaatacg actcactata ggcatacggg ggggatattg actg 44

<210> 63

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 63
 gcgtaatacg actcactata gggggtcgta tgcacgcacc tg 42
 <210> 64
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 64
 tattcaagcc accagagcag agg 23
 <210> 65
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 65
 gggtcgtatg cacgcacctg 20
 <210> 66
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 66
 gcgtaatacg actcactata ggtattcaag ccaccagagc agagg 45
 <210> 67
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 67

gcgtaatacg actcactata ggaccgtttg cctcacaatc ca 42

<210> 68

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 68

tcgccgttgt tgatggagtc 20

<210> 69

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 69

accgtttgcc tcacaatcca 20

<210> 70

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 70

gcgtaatacg actcactata ggtcgccgtt gttgatggag tc 42

<210> 71

<211> 45

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 71

gcgtaatacg actcactata ggggtatcaa cgcagagtac atggg 45

<210> 72

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 72
 gtccttgacg ccgtcttgaa 20
 <210> 73
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 73
 ggtatcaacg cagagtacat ggg 23
 <210> 74
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 74
 gcgtaatacg actcactata gggtccttga cgccgtcttg aa 42
 <210> 75
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 75
 gcgtaatacg actcactata ggtgcccata tattagtcct ggtc 44
 <210> 76
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 76

aacgcagagt acatgggatc 20

<210> 77

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 77

tgcccatata ttagtcctgg tc 22

<210> 78

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 78

gcgtaatacg actcactata ggaacgcaga gtacatggga tc 42

<210> 79

<211> 197

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 79

ES 2 670 620 T3

Met Ala Asp Asp Glu Ala Lys Lys Ala Lys Gln Ala Glu Ile Glu 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 Glu 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 Thr Ile Glu Glu Arg Cys Gly Gln
65 70 75 80

Ile Ala Asp Val Asp Asn Ala Asn Glu Ala Thr Leu Lys Lys Leu Cys
85 90 95

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

Ile Glu Phe Glu Val Glu Arg Arg Asp Leu 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> 80

<211> 115

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 80

ES 2 670 620 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

<211> 121

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 81

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

ES 2 670 620 T3

<210> 82

<211> 133

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 82

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

<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 2 670 620 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

<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 2 670 620 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

<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

<210> 86

<211> 122

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 86

ES 2 670 620 T3

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

<213> Lygus hesperus

<400> 87

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

<213> Lygus hesperus

<400> 88

ES 2 670 620 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

<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 2 670 620 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

<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

<210> 91

<211> 118

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

ES 2 670 620 T3

<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

<213> Artificial

<220>

<223> Adaptador

<400> 92

aagcagtggg atcaacgcag 20

<210> 93

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 93

aagcagtggg atcaacgcag 20

<210> 94

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

ES 2 670 620 T3

<220>

<223> Cebador

<400> 94

gcgtaatacg actcactata ggaagcagtg gtatcaacgc ag 42

<210> 95

<211> 717

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 95

aaagtgtggt tctcttcgct cgaccatgag ttcgctcaaa ctgcagaaga ggctcgccgc	60
ctcgggtgatg agatgcggca agaagaaagt gtggttgac cctaataaaa tcaacgaaat	120
cgccaacacc aactctagga aaaacatccg taagctgac aaggatggtt tgatcatcaa	180
aaagcctgtg gctgtccact ccagagcccg cgtccgtaaa aacacagaag ccagacggaa	240
gggtcgtcat tgtggcttcg gtaagaggaa gggtaccgcc aacgccagaa tgcctgtgaa	300
ggctcctgtgg gtcaacagaa tgagagtcct gcgacggctc cttaaaaaat acagagaagc	360
caagaagatc gataggcaaa tgtaccacga cctttacatg aaagccaaag gtaacgtctt	420
caaaaacaag aggggtactga tggacttcat tcacaagaag aaggctgaa aggcgagatc	480
aaagatgttg aaggaccagg cagagggcag acgtttcaag gtcaaggagg cgaagaagag	540
gcgcgaggag aggatcgcca ccaagaagca agagatcatg caggcgtacg cccgagaaga	600
cgaggctgcc gtcaaaaagt gatctcgccc cctccgtttt taaattttta acaaaaaacg	660
tatattgtac aaaaatttac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa	717

<210> 96

<211> 2304

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 96

atgacgacct acgaggagtt cattcaacag agcaggagc gcgacggtat caggttcact	60
tggaaagtct ggccatcaag tcgcatcgaa 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 attocatcat tctcaactat agagtatact	360
atatctagag ctcaattttt gcctcctata ttctatttgg tgggtgatac gtgtttggat	420

ES 2 670 620 T3

gatgacgagc taggagctct gaaagattcg ttacaaacgt ctctatcttt gctaccaacc	480
aactccctag ttggtctgat cacgtttggt aaaatggtcc aagttcacga acttgggtgt	540
gaaggttgtt cccggagcta cgtgttcaga ggcaccaagg atttgacgtc caagcaagta	600
caggacatgc ttgggatcgg aaaggtttcc gcttctcctc agcaacagca gcaaagggca	660
atgggcggtc agcagccatt cccccaat cggttcattc agccgattca aagttgtgac	720
atgagcctca ccgacttggt gggcgaaatg cagcgtgatc catggccagt gggtcaggg	780
aagcgacctc ttagatcaac ggggtgctgt ctagctattg ccattgggtt gttggagtgc	840
tcctacccca acacgggagc aaaagtcatg 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
gcggaaatga agcaatgttg caattctact gggggtcata tgggtgatggg tgacaccttc	1140
aactccactt tgttcaaaca gacgttcag aggggtctct cccgtgatca aaaaggcgaa	1200
ttcaaaatgg ctttcaatgg cgtagttgaa gtcaaacct cccgagagct aaaagttag	1260
ggagccattg ggccttgctt ttcattgaat acgaaaggtc cgtgtgttag tgaaactgac	1320
atagggcttg gaggaacttg ccagtggaag ttctgcacat ttaacaaaa taccactgct	1380
gccatgttct ttgaggtagt aaaccaacac gctgctccta tccctcaagg tggaagagga	1440
tgtatacagt tcataactca ataccagcat gcgtcgggcc aaaggcgcat ccgagtaacc	1500
actgtagcca ggaattgggc tgatgcgact accaaccatgc accatgttag tgcaggattt	1560
gatcaggaag ctggagcggc actcatggcc aggatggctg ttcacagagc tgaaactgat	1620
gatggacctg atgtcatgag atgggctgat cgcattgtga ttcgtctttg ccagaaatc	1680
ggcgagtaca acaaggatga tccaaatagt ttccgcctcc cagaaaaact ctcgctttac	1740
ccacagtcca tgtatcactt gagaaggctc caattcttgc aggtattcaa caacagccca	1800
gacgaaacgt cgtactatcg tcacatcttg atgcgggaag atttgtcgca gagcttgatc	1860
atgattcagc cgatcctgta cagttacagt ttcaacggtc cagaaccagt ccttttggac	1920
acttccagca ttcaacctga tcggatcctg ctgatggaca ccttcttcca aatcctcatc	1980
ttccacggcg agaccatcgc ccagtggcgt gcccaaagg accaggacct acctgaatat	2040
gagaacttca agcagctcct acaggctcct gtagacgatg ctaaggaaat cctgcacact	2100
cggttcccca tgccgaggta cattgacacc gaacagggcg gatcacaagc tagattcctt	2160
ctctccaaag tcaaccatc ccaaactcac aacaacatgt acggctatgg aggggaattt	2220
ggagcccctg tgcactga tgatgtttcc ctccaagtct tcatggaaca ccttaaaaag	2280
ctagccgttt catttactgc ctag	2304

<210> 97

<211> 311

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> GUS

ES 2 670 620 T3

<400> 97

ccagcgtatc gtgctgcgtt tcgatgcggt cactcattac ggcaaagtgt gatggagcat	60
cagggcggct atacgccatt tgaagccgat gtcacgccgt atgttattgc cgggaaaagt	120
gtacgtatct gaaatcaaaa aactcgacgg cctgtgggca ttcagtctgg atcgcgaaaa	180
ctgtggaatt gatccagcgc cgtcgctcgg gaacaggtat ggaatttcgc cgattttgcg	240
acctcgcaag gcatattcgg gtgaagggtta tctctatgaa ctgtgcgtca cagccaaaag	300
ccagacagag t	311

<210> 98

<211> 170

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Intrón

<400> 98

ctcgagcctg agagaaaagc atgaagtata ccataacta acccattagt tatgcattta	60
tgttatatct attcatgctt ctactttaga taatcaatca ccaaacaatg agaatctcaa	120
cggtcgcaat aatgttcacg aaaatgtagt gtgtacactt accttctaga	170

<210> 99

<211> 198

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<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				

ES 2 670 620 T3

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

<210> 100

<211> 767

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<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 2 670 620 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 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 2 670 620 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 2 670 620 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

<213> Lygus hesperus

<400> 101

ggtgatgaga tgcggcaaga agaaagtgtg gttggaccct aatgaaatca acgaaatcgc	60
caacaccaac tctaggcaaa acatccgtaa gctgatcaag gatggtttga tcatcaaaaa	120
gcctgtggct gtccactcca gagcccgct ccgtaaaaaac acagaagcca gacggaagg	180
tcgtcactgt ggcttcgta agaggaaggg taccgccaac gccagaatgc ctgtgaagg	240
cctgtgggtc aacagaatga gagtctgcg acggctcctt aaaaaatata gagaagccaa	300
gaagatcgcg aggc aaatgt accacgacct ttacatgaaa gccaaaggta acgtcttcaa	360
aaacaagagg gtactgatgg acttcattca caagaagaag gctgaaaagg cgagatcaaa	420
gatgttgaag gaccaggcag aggcgagacg tctcaaggtc aaggaggcga agaagaggcg	480
cgaggagagg atcgccacca agaagcaaga g	511

<210> 102

ES 2 670 620 T3

<211> 1145

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 102

tgagggtgttg gagggtcctt accccaacac gggagcaaaa gtcagtgtgt tccttggtgg	60
cccttggtcc caagggcctg gtcaagttgt caatgatgac ctgagggaac ctatccgctc	120
tcatcatgac atccagaaag ataatgcccg ctacatgaaa aaagccatta aacattacga	180
ttctttggca ttgagagcag ccactaatgg gcattcagta gacatttatt cctgtgcttt	240
agatcagaca gggttgccgg aaatgaagca atgttgcaat tctactgggg gtcatatggt	300
gatgggtgac accttcaact ccactttgtt caaacagacg ttccagaggg tgctctcccg	360
tgatcaaaaa ggcgaattca aaatggcttt caatggcgta gttgaagtca aaacctcccg	420
agagctaaaa gttatgggag ccattggggc ttgcggttca ttgaatacga aaggtccgtg	480
tgtagtgtaa actgacatag ggcttgaggg aacttgccag tggaagttct gcacatttaa	540
ccaaaatacc actgctgcca tgttctttga ggtagtaaac caacacgctg ctccatccc	600
tcaagggtga agaggatgta tacagttcat aactcaatac cagcatgcgt cgggccaag	660
gcgcatccga gtaaccactg tagccaggaa ttgggctgat gcgactacca acatgcacca	720
tgtagtgca ggatttgatc aggaagctgg agcgggtactc atggccagga tggcgttca	780
cagagctgaa actgatgatg gacctgatgt catgagatgg gctgatcgca tgttgattcg	840
tctttgccag aaattcggcg agtacaacaa ggatgatcca aatagtttcc gcctcccaga	900
aaacttctcg ctttaccac agttcatgta tcaacttgaga aggtcccaat tcttgagggt	960
attcaacaac agcccagacg aaacgtcgta ctatcgtcac atcttgatgc gggaagattt	1020
gtcgcagagc ttgatcatga ttacgacgat cctgtacagt tacagtttca acggtccaga	1080
accagtcctt ttggacactt ccagcattca acctgatcgg atcctgctga tggacacctt	1140
cttcc	1145

<210> 103

<211> 258

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> GFP

<400> 103

agatacccag atcatatgaa acggcatgac tttttcaaga gtgcatgcc cgaaggttat	60
gtacaggaaa gaactatatt tttcaaagat gacgggaact acaagacacg taagtttaaa	120
cagttcggta ctaactaacc atacatattt aaattttcag gtgctgaagt caagtttgaa	180
ggtgatcccc ttgttaatag aatcgagtta aaagggtattg attttaaaaga agatggaaac	240
attcttggac acaaattg	258

<210> 104

<211> 745

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Proteína fluorescente de coral Pt

<400> 104

agtgtataaa cttactttga gtctaccgtc atgagtgtcaa ttaaaccagt catgaagatt	60
gaattgggtca tggaaggaga ggtgaacggg cacaagttca cgatcacggg agagggacaa	120
ggcaagcctt acgagggaa acagactcta aaccttacag tcaactaaagg cgtgcccctt	180
cctttcgctt tcgatatctt gtcaacagca ttccagtatg gcaacagggt atttaccaa	240
taccagatg atataccgga ctatttcaag cagacctttc cggaaggata ttcgtgggaa	300
agaactttca aatatgaaga gggcgtttgc accacaaaga gtgacataag cctcaagaaa	360
ggccaaccag actgctttca atataaaatt aacttttaaag gggagaagct tgacccaac	420
ggccaatta tgcagaagaa gaccctgaaa tgggagccat ccactgagag gatgtacatg	480
gacgtggata aagacggtgc aaaggtgctg aagggcgatg ttaatgcggc cctgttgctt	540
gaaggaggtg gccattatcg ttgtgacttt aacagtactt acaaggcgaa gaaaactgtg	600
tccttccag catatcactt tgtggaccac cgcattgaga ttttgagcca caatacggat	660
tacagcaagg ttacactgta tgaagttgcc gtggctcgca attctcctct tcagattatg	720
gcgccccagt aaaggcttaa cgaaa	745

<210> 105

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 105

gcgtaatacg actcactata ggtgatgaga tgcggcaaga ag 42

<210> 106

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 106

ctcttgcttc ttggtggcga tc 22

<210> 107
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 107
 ggtgatgaga tgcggcaaga ag 22
 <210> 108
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 108
 gcgtaatacg actcactata ggctcttgct tcttggtggc gatc 44
 <210> 109
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 109
 gcgtaatacg actcactata ggtgggttgt tggagtgctc ctac 44
 <210> 110
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 110
 ggaagaaggt gtccatcagc ag 22
 <210> 111
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial

<220>
 <223> Cebador
 <400> 111
 tgggttggtg gagtgctcct ac 22
 <210> 112
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 112
 gcgtaatacg actcactata ggggaagaag gtgtccatca gcag 44
 <210> 113
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 113
 gcgtaatacg actcactata ggagataccc agatcatatg aaacgg 46
 <210> 114
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 114
 caatttggtg ccaagaatgt ttcc 24
 <210> 115
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 115
 agatacccg atcatatgaa acgg 24

<210> 116
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 116
 gcgtaatacg actcactata ggcaatttgt gtccaagaat gtttcc 46
 <210> 117
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 117
 gcgtaatacg actcactata ggagtgtaat aacttacttt gag 43
 <210> 118
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 118
 tttcgtaag cctttactgg 20
 <210> 119
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 119
 agtgtaataa cttactttga g 21
 <210> 120
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 120

gcgtaatacg actcactata ggtttcgtta agcctttact gg 42

<210> 121

<211> 473

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 121

tgccgggccc	ctcgccgaac	catctgggaa	gcttggaatg	ggctcgactg	ccgaactgat	60
caactttttc	ggtccacacc	ttttctatca	actccttata	ccgctccagg	atgccgcctt	120
caaacagttt	tttcttgtcg	tcataagatc	tggtgtcaac	tcttcgttca	tatttgaggg	180
cgacttggat	tttgggtggg	tacttgccgg	tgagggcctc	aggggtccaag	ccttttttca	240
aggctttgtg	ccgaagtgtg	tgcttctgtc	tttccttcag	ttctttaaga	tcgtagtctt	300
gcctcttttg	cctttcctca	agatcgatc	tctcggtctc	aagtttgaca	atggcttccc	360
agagttcctg	agctttgatg	cgtagcctgt	ctatgctcat	atcttctatc	gccaggggct	420
tgagccta	gctgagggag	atacgtttct	cttcctccag	ctgctccttg	gtc	473

<210> 122

<211> 773

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 122

gctgctcgcc	gtccagttcg	ttttcgagtt	ccctgacacg	ttgttccagc	ttggcgatgg	60
ccttcttgcc	tcccttgagg	gcgttgtttt	cggttcctgc	caacctgact	tggagttcct	120
tgatttgcgt	ttccagagcc	ttgcggagct	tctcctgggt	ctgagcgtgg	tctgttctg	180
ccctgagttc	atcagctaac	ctagcggcat	caaccattgc	cttcttggcc	ttctcttcgg	240
agttcttgcc	ttcgttgaga	agttcgtcga	ggtcagcatg	aagtgtctgc	aactctccct	300
caagcttgcc	tttggcggct	gaggcgctgg	tagcttgggc	agccaactcg	ttgatctgtt	360
cgtgggcac	tccaagttct	tggtcggcct	ggcgccctgc	cctgtcggcc	tggtcgagga	420
gagtgcgcga	ctcctcgagc	tcgtttccga	gagcgttgcc	cctcctttcg	gcgattccga	480
gttggtcacg	agcatcgctg	cgtgcccttt	gttcttcttc	aagagcggtc	tgtacgtcct	540
tgagttggtt	ttggtatttc	ttgatgggtc	tctgggcttc	ggcggttagc	ttgttggcgt	600
ggtcgagagc	gatttcgagt	tcgttgatgt	cggttcgaag	cttcttcttc	atgcgaagag	660
cctcagcctt	acccttggct	tcagcctcca	agctggcttg	catggagtcg	agtgcccggt	720
ggtggttctt	cctggtgttc	tcgaactcct	cctccttttc	ctggatccgc	cgg	773

<210> 123

ES 2 670 620 T3

<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
agagggaact cgagacgaaa accaccgaac tcgaagagaa ggagaaggcc aacaccaacg	240
ctgagagcga ggtcgccctc ctcaacagga aagtcagat ggttgaagag gacttggaaa	300
gatctgaaga aaggtccggc accgcacaac aaaaactgtc cgaagcctcc cacgccgctg	360
atgaagcctc tcgtatgtgc aaagtattgg agaacaggtc acaacaggat gaggagagga	420
tggaccagct caccaaccag ctgaaagaag cccgactcct cgctgaagac gccgacggca	480
aatcggtatga ggtatcaagg aagctggcct tcgttgaaga cgaactggaa gtagctgaag	540
atcgtgtcaa atctggagac tcgaagatca tggagcttga ggaggagttg aaagttgtcg	600
gtaacagctt gaaatctctc gaagtttcag aggagaaggc caaccagcga gtcgaagagt	660
acaacgtca aatcaagcaa ctgactgtca agttgaagga ggctgaagct cgcgctgagt	720
tcgccgaaaa gacagtcaag aagttgcaga aagaggtgga cgggctggag g	771

<210> 124

<211> 257

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 124

tgcgggccct ggggcagaat cccacagaat ctgacgtgaa gaagttcacc caccagcaca	60
aaccagatga aagaatcagc ttcgaggtgt ttctcccgat ataccaagcc atatcgaagg	120
gtaggacgtc agacacagct gaagacttca tcgaggggtct cagacacttt gacaaagatg	180
gaaatggctt catttcaaca gctgagcttc gccacttgct cacaactttg ggcgaaaaac	240
tgaccgacga cgaggtg	257

<210> 125

<211> 410

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 125

ES 2 670 620 T3

gccacctcca acgtgtttgc catgttcgat caggctcaga ttcaagaatt caaggaggca	60
ttcaacatga tcgaccagaa cagggacggc ttcgtggata aggaagacct ccatgacatg	120
ctcgttccc taggtaagaa cccctcagac gagtatctcg aggggatgat gaacgaggcg	180
cctggtccca tcaacttcac aatgttcctc accctcttcg gtgagcggct tcagggaact	240
gatccggagg aggttatcaa gaacgcattt ggggtgtttg acgaagacaa caacggattc	300
atcaacgagg aaagactgcg cgagctgctc acctccatgg gggacagggt cactgatgaa	360
gacgtggacg aaatgtaccg agaggccccc atcaagaacg gcatgttcga	410

<210> 126

<211> 1021

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 126

tgttcacct ggagcaggag gagtatcaga gagaaggat tgaatggaag ttcacgact	60
tcggacttga tcttcagccg accattgatc tcattgataa gccaatggga gtcattggctc	120
tcctggatga agaattgttg ttccccaaag ccaactgacaa gaccttcgtt gagaagctgg	180
tcggtgctca cagcgttcac cccaaattca tcaaaactga tttccgtgga gtcgccgact	240
ttgctgtcgt ccattatgcc ggaaaagtgc attattcggc ggcgcagtgg ctgatgaaga	300
acatggaccc tctgaacgaa aacgtcgtgc agctcctcca gaactcgcaa gatccgttcg	360
tcattccacat ctggaaggac gcagagatcg tcggcatggc tcaccaagct ctcagcgaca	420
ctcagtttgg agctcgtacc aggaagggtg tgttccgaac cgtgtctcaa ctctacaaag	480
accagctgtc caaactcatg atcacacttc gcaacacgaa cccaacttc gtccgttgca	540
tcctcccaa ccacgagaag agagctggca agatcgatgc tcctttggtg ctggatcagc	600
tcagatgcaa cgggtgtgtg gaaggcatca gaatttgag acaaggtttc ccgaatagaa	660
tcccattcca ggaattccgg caaagatacg agctcttaac tcccaatgtc atccccaaag	720
ggttcattga cggtaaaaag gcttgcgaga agatgatcaa cgctctcgaa ctggacccta	780
atctctacag agttggtcag tccaagatat tcttcagagc tggagtctta gtcacatctag	840
aagaagagcg cgactataag attactgatc tgatagccaa tttccgggct ttctgtaggg	900
gatattctgc ccgaaggaa taccaaaagc gtcttcagca gctcaacgcc attcgtatta	960
tccagcgaaa ttgctcagct tacttgaagt tgaggaactg gcaatgggtg cggtgtaca	1020
c	1021

<210> 127

<211> 325

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 127

ES 2 670 620 T3

cggtcatcat ctccatgaac tcgtcgaagt caacagttcc ggaaccgtca gaatcaattt	60
cagcaatcat catgtcaagt tcttgggagg tgattttgtc gtcgagttcc ttcaggattt	120
ccctcaagac gtcagtggta atgtaaccgt tcccttcctt gtcgtagagc ctgaaggcct	180
ccctcagttc ttgctgcatg gcctcagcat cttgtgtctc atcttctgtc aggaaaccgg	240
cagccaaggc tacgaactcc tcaaattcaa gttgtccaga gccatcagcg tcgacctccg	300
caatgatctc ctccaggatc ttctt	325

<210> 128

<211> 463

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 128

cggtcatcat ctccatgaac tcgtcgaagt cgacagttcc ggatccgtca ggtcgtatct	60
cctcgatgat catgtccagc tcctcggttg tcagctgtc gtccaattca tgaaggattt	120
ctttgaggca ggaggtcggg atgtagccat taccttcttt gtcgtagaga cggaaggctt	180
ctcgcagctc tttctgcatg gcttcacgt cttcctcaac aatgaacttg gctgccaacg	240
tgatgaactc ttcaaactcc agccttcccg atttgtcagc gtcaacttct tcgatgagtt	300
catcgagaat cttcttgttg aagggttgac ccatgagtct gaggatgtcg gccaccatgt	360
ccgtcgggat ggaacccgag tgatcccggt cgaaagcgtt caacgcgatg gtcgatgtgg	420
ggataattcg gttaattctg ttagaccagt ccgattagtg acg	463

<210> 129

<211> 413

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 129

atgggtgaag gaggtgcct gtcagagca gtcctccagg atgacggcta tggacaacgc	60
ctcgaagaac gccgctgaga tgatcgacaa gctgaccttg acgttcaaca ggactcggca	120
agccgtcatc accagggagc tcatcgaaat catctccggt gcctctgctt tggagtaacg	180
tctcagctca cccagccacc tcccgtagat ccactagtgc tgcgagagac cgagtacctc	240
gttctattca ccctgtacat ttcttaatca atattattgg aattcgattc gatagtcgta	300
tgctgggaaa tatcttgctc atattcatga tacttggtca acattgttct ggtaaataat	360
ttatgtaata caggttgagt taccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa	413

<210> 130

<211> 449

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 130

ES 2 670 620 T3

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 aaggcttgga 240
 ccctgaggcc ctcaccggca agtaccacc caaaatccaa gtcgcctcca aatatgaacg 300
 aagagttgac accagatctt atgacgacaa gaaaaaactg tttgaaggcg gcatcctgga 360
 gcggtataag gagttgatag aaaagggtgtg gaccgaaaaa gttgatcagt tcggcagtcg 420
 agcccattcc aagcttccca gatggttcg 449

<210> 131

<211> 719

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 131

aggagttcga 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
 tcggaaacga gctcgaggag tcgcgcactc tcctcgaaca ggccgacagg ggcaggcgcc 360
 aagccgaaca agaacttgga gatgcccacg aacagatcaa cgagttggct gcccaagcta 420
 ccagcgcctc agccgccaaa cgcaagcttg agggagagtt gcagacactt catgctgacc 480
 tcgacgaact tctcaacgaa gccaaagaact ccgaagagaa ggccaagaag gcaatggttg 540
 atgccgctag gttagctgat gaactcaggg cagaacagga ccacgctcag acccaggaga 600
 agctccgcaa ggctctggaa acgcaaatac aggaactcca agtcagggtg gacgaagccg 660
 aaaacaacgc cctcaaggga ggcaagaagg ccatcgccaa gctggaacaa cgtgtcagg 719

<210> 132

<211> 737

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 132

ES 2 670 620 T3

gcaggcgatg aagatggaga aggacacggc catggacaag gccgacacct gcgaggggca 60
ggccaaggac gctaacaccc gcgccgaaa aatccttgaa gatgtgaggg acctccaaa 120
gaaactcaac caggtagaaa gtgatctcga aaggaccaag agggaaactcg agacgaaaac 180
caccgaactc gaagagaagg agaaggccaa caccaacgct gagagcgagg tcgcctccct 240
caacaggaaa gtccagatgg ttgaagagga cttggaaaga tctgaagaaa ggtccggcac 300
cgacaacaa aaactgtccg aagcctccca cgccgctgat gaagcctctc gtatgtgcaa 360
agtattggag aacaggtcac aacaggatga ggagaggatg gaccagctca ccaaccagct 420
gaaagaagcc cgactcctcg ctgaagacgc cgacggcaaa tcggatgagg tatcaaggaa 480
gctggccttc gttgaagacg aactggaagt agctgaagat cgtgtcaaat ctggagactc 540
gaagatcatg gagcttgagg aggagttgaa agttgtcggg aacagcttga aatctctcga 600
agtttcagag gagaaggcca accagcgagt cgaaggtac aaacgtcaaa tcaagcaact 660
gactgtcaag ttgaaggagg ctgaagctcg cgctgagttc gccgaaaaga cagtcaagaa 720
gttgcagaaa gaggtgg 737

<210> 133

<211> 205

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 133

cagaatccca cagaatctga cgtgaagaag ttcacccacc agcacaacc agatgaaaga 60
atcagcttcg aggtgtttct cccgatatac caagccatat cgaagggtag gacgtcagac 120
acagctgaag acttcacga gggctctcaga cactttgaca aagatggaaa tggcttcatt 180
tcaacagctg agcttcgcca cttgc 205

<210> 134

<211> 326

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 134

ggaggcattc aacatgatcg accagaacag ggacggcttc gtggataagg aagacctcca 60
tgacatgctc gcttccctag gtaagaaccc ctcagacgag tatctcgagg ggatgatgaa 120
cgaggcgcct ggtcccatca acttcacaat gttcctcacc ctcttcggtg agcggcttca 180
gggaactgat ccggaggagg ttatcaagaa cgcatttggg tgttttgacg aagacaacaa 240
cggattcatc aacgaggaaa gactgcgcga gctgctcacc tccatggggg acaggttcac 300
tgatgaagac gtggacgaaa tgtacc 326

<210> 135

<211> 944

ES 2 670 620 T3

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 135

gacttgatct tcagccgacc attgatctca ttgataagcc aatgggagtc atggctctcc	60
tggatgaaga atgttggttc cccaaagcca ctgacaagac cttcgttgag aagctggtcg	120
gtgctcacag cggttcacccc aaattcatca aaactgattt ccgtggagtc gccgactttg	180
ctgtcgtcca ttatgccgga aaagtcgatt attcggcggc gcagtggctg atgaagaaca	240
tggaccctct gaacgaaaac gtcgtgcagc tcctccagaa ctcgcaagat ccgttcgtca	300
tccacatctg gaaggacgca gagatcgctg gcatggctca ccaagctctc agcgacactc	360
agtttgagc tcgtaccagg aagggtatgt tccgaaccgt gtctcaactc taaaagacc	420
agctgtccaa actcatgac acacttcgca acacgaacc caacttcgtc cgttgcattc	480
tccccaacca cgagaagaga gctggcaaga tcgatgctcc tttggtgctg gatcagctca	540
gatgcaacgg tgtgttgga ggcacagaa tttgcagaca aggtttcccg aatagaatcc	600
cattccagga attccggcaa agatacgagc tcttaactcc caatgtcatc cccaaaggt	660
tcattggacgg taaaagggct tgcgagaaga tgatcaacgc tctcgaactg gaccctaac	720
tctacagagt tggtcagtcc aagatattct tcagagctgg agtcttagct catctagaag	780
aagagcgca ctataagatt actgatctga tagccaattt ccgggctttc ttaggggat	840
atcttgccc aaggaactac caaaagcgtc ttcagcagct caacgccatt cgtattatcc	900
agcgaaattg ctcagcttac ttgaagttga ggaactggca atgg	944

<210> 136

<211> 318

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 136

atcctggagg agatcattgc ggaggtcgac gctgatggct ctggacaact tgaatttgag	60
gagttcgtag ccttggctgc cggtttctctg acagaagatg agacacaaga tgctgaggcc	120
atgcagcaag aactgaggga ggccttcagg ctctacgaca aggaaggga cggttacatt	180
accactgacg tcttgaggga aatcctgaag gaactcgacg acaaaatcac ctcccaagaa	240
cttgacatga tgattgctga aattgattct gacggttccg gaactgttga cttcgacgag	300
ttcatggaga tgatgacc	318

<210> 137

<211> 423

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 137

ES 2 670 620 T3

atcccatca tgaccatcgc gttgaacgct ttcgaccggg atcactcggg ttccatcccg	60
acggacatgg tggccgacat cctcagactc atgggtcaac ccttcaacaa gaagattctc	120
gatgaactca tcgaagaagt tgacgctgac aaatcgggaa ggctggagtt tgaagagttc	180
atcacgttgg cagccaagtt cattgttgag gaagacgatg aagccatgca gaaagagctg	240
cgagaagcct tccgtctcta cgacaaagaa ggtaatggct acatcccgac ctccctgcctc	300
aaagaaatcc ttcatgaatt ggacgagcag ctgaccaacg aggagctgga catgatcatc	360
gaggagatcg actctgacgg atccggaact gtcgacttcg acgagttcat ggagatgatg	420
acc	423

<210> 138

<211> 252

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 138

ggtgaaggag ggtgcctgct cagagcagtc ctccaggatg acggctatgg acaacgcctc	60
gaagaacgcc gctgagatga tcgacaagct gacottgacg ttcaacagga ctcggaagc	120
cgtcatcacc agggagctca tcgaaatcat ctccggtgcc tctgctttgg agtaacgtct	180
cagctcacc agccacctcc cgtagatcca ctagtgtgct gagagaccga gtacctcgtt	240
ctattcacc tg	252

<210> 139

<211> 1110

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 139

ES 2 670 620 T3

gtctccgctc aagctgggtca tcagacttca gctgagtcct ggggtaccgg tcgtgctgtg	60
gctcgtatcc cccgtgttcg cggaggtggt actcaccgct caggtcaggg tgcttttggc	120
aacatgtgtc gcggcggtag gatgttcgct cccactcgcc catggcgctg ttggcaccgc	180
aagatcaacg ttaaccaaaa acgttatgcc gtcgtgtccg ccacgctgc atccggcgtc	240
ccagccctcg tcatgtccaa aggacacatg gtgcaaagcg tccctgaatt cccccttggt	300
gtgtctgaca aagttcagga atacactaaa accaaacagg ctgtcatctt ccttcaccgc	360
atcaaagcct ggcaagacat ccagaaagtg tacaagtcga agaggttccg tgctggtgtaag	420
ggtaaaatga 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
aaggttggt acaatctccc catgcccaag atggccaaca ccgaccttc ccgcctcttc	720
aaggccccgg agatcaaggc tgtcctcagg aatcccaaga agaccatcgt acgacgagtg	780
cgcaaactga accctctccg caacaccagg gctatgctgc gtctcaacc atacgctgct	840
gtcctcaaga ggaaggccat ccttgatcaa aggaagttga aactccagaa gctcgtagaa	900
gctgccaaga agggagatac caagctgtcg ccccgctcg agcgtcacct gaagatgatc	960
gagagaagga aagccctgat caagaaagcc aaggctgcca agccaagaa gcccaaacg	1020
gccaaagaa ccaagaccgc cgagaaggca ccagcaccg ccaagaaggc ggcagcgccc	1080
aaaaaggcca ccaccctgc caagaaatga	1110

<210> 140

<211> 729

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 140

atggccaatg ctaagcctat ttctaagaag aagaagtttg tgtctgacgg tgtcttcaa	60
gccgaattga acgaatttct taccagagaa ctcgctgaag aggggtactc agtggttgag	120
gtccgagtga cccccaacaa 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 aatggtgcca agggttgcga agtcgtagta	420

ES 2 670 620 T3

tctggaacac tgcgtggtca gagagccaag tcaatgaagt tcgtggatgg tttgatgac	480
cacagtgggg atccctgtaa cgaatatgtt gatactgcta cccgacatgt gtccttaga	540
caaggtgtcc tgggaataaa ggtgaagatt atgttgccgt gggacgttac cggcaaaaat	600
gggccaaga accctcttcc cgaccacgtc agcgttctct tacctaagga ggagctacca	660
aatttgccg ttagtgtgcc tggatccgac atcaaaccac agcctgaagt accagcacc	720
gctttgtga	729
<210> 141	
<211> 789	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 141	
atggctgttg gtaaaaataa gggctctatcg aaaggaggaa agaaggagatg taaaaaaaag	60
gtagtggacc ctttcaccag gaaggattgg tacgatgtta aggctccttc catgttcaaa	120
aagcgtcaag ttggcaaac tttggtcaac cgaactcagg gaaccaagat tgcttctgaa	180
gggttgaaag gacgagtttt cgaagtctcg ctgctgata tccaggagga cactgatgcc	240
gagcgtcctc tcaggaaatt caggctcatc gctgaagatg tccaagccag aaacgtcctt	300
accaatttcc acggtatgga tttgaccact gacaaactcc ggagcatggg caagaagtgg	360
cagactctca tcgaagccaa cgttgacgtc aagaccaccg acggctacct cctgcgcgtc	420
ttctgcatag gattcaccaa taaagatcaa ctttcccaga gaaagacttg ctatgccag	480
cataatcagg tccgagaaat ccgcaaaaag atggttaaaa acatcagtga cagcatttcc	540
agctgtgatt tgaggagtgt tgtgaacaag ctgatcccag actccatcgc taaagatata	600
gaaaagaatt gccaaagaa ctaccactc cacgatgtgt acattcggaa ggtgaagggtg	660
ttgaagaagc cgaggttcga gctcagcaag ctcttgagc ttacacgtcga tggcaaaagg	720
atcgacgaac ccggcgcgaa agtgacgagg actgacgctt acgagcctcc agttcaagag	780
tctgtctaa	789
<210> 142	
<211> 473	
<212> ADN	
<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 cggcacaag ccttgaaaa	240

ES 2 670 620 T3

aggcttggac cctgaggccc tcaccggcaa gtaccacccc aaaatccaag tcgcctccaa	300
atatgaacga agagttgaca ccagatctta tgacgacaag aaaaaactgt ttgaaggcgg	360
catcctggag cgggtataagg agttgataga aaagggtgtgg accgaaaaag ttgatcagtt	420
cggcagtcga gccattcca agcttcccag atggttcggc gagcggcccc gca	473
<210> 143	
<211> 1463	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 143	
gggtctcagc tgaggcacat tccatctcgt cgcaaatctt tcctgcatct ctccctgggtg	60
accttttaggt gaccaatcac atccatcatg tcggacgagg agtattcggg gtcggaggaa	120
gagacccagc cggaaccaca gaaaaaacca gaggctgaag gaggcggcga cccagaattc	180
gtcaagcgta aggaagccca gacctcagcc ttagacgagc agcttaaaga ctatatcgca	240
gaatggagga aacaaagagc tcgcgaagaa gaagacctca agaagctgaa ggagaagcaa	300
gccaagcgca aggtcgcctcg ggcagaagaa gaaaagagat tggcggaaaa gaagaagcag	360
gaagaagaac gacgtgtgag ggaagcagaa gagaagaaac agagggaat cgaagagaag	420
aggcgaaggc ttgaagaggc cgagaagaag agacaagcca tgatggctgc tctcaaggac	480
cagagcaaaa cgaagggacc caattttgtc gttataataa aagccgaac ccttggcatg	540
tcctccgctc aaattgagcg caacaagact aaggaacagc ttgaggaaga aaaacgtatc	600
tcctcagca ttaggctcaa gccctggcg atagaaaata tgagcataga caggctacgc	660
ataaaagctc aggaactctg ggaagccatt gtcaaaacttg agaccgagaa atacgatctt	720
gaggaaaggc aaaagaggca agactacgat cttaaagaac tgaaggaaag acagaagcaa	780
caacttcggc acaaagcctt gaaaaaaggc ttggaccctg aggccctcac cggcaagtac	840
ccacccaaaa tccaagtcgc ctccaaatat gaacgaagag ttgacaccag atcttatgac	900
gacaagaaaa aactgtttga aggcggcatc ctggagcggg ataaggagtt gatagaaaag	960
gtgtggaccg aaaaagttga tcagttcggc agtcgagccc attccaagct tcccagatgg	1020
ttcggcgagc ggcccggcaa gaagaaggat gccctgaaa gcccggaaga agaggaagtg	1080
aaggtagaag atgaacctga agctgaacca agcttcatgc tcgacgaaga agaagaagaa	1140
gcggaagaag aggaggcgga agaggaagag gaagccgagg aagaggagga agaagaagag	1200
gaagaggaag aggaggagga ggaagaagaa taggtctttt tcaacatttc actgcaccca	1260
cagttccacg gtctttccgc ccacaaactc aatctgtgct cacgagatct tagcaggaaa	1320
agtattcgca ccgataaga acaaattaaa ttattttttg aatatctcgt tcagttattt	1380
cgtgagaaac aattttattc atgtaaacga ttaaagatc ccatacatth ccaaaaaaaaa	1440
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa	1463
<210> 144	
<211> 773	

ES 2 670 620 T3

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 144

ccggcggatc caggaaaagg aggaggagtt cgagaacacc aggaagaacc accaacgggc	60
actcgactcc atgcaagcca gcttggaggc tgaagccaag ggtaaggctg aggctcttcg	120
catgaagaag aagcttgaag cgcacatcaa cgaactcgaa atcgctctcg accacgcaa	180
caaggctaac gccgaagccc agaagaccat caagaaatac caacaacaac tcaaggacgt	240
acagaccgct cttgaggaag aacaaagggc acgcgacgat gctcgtgaac aactcggaat	300
cgccgaaagg agggccaacg ctctcgaaa cgagctcgag gagtcgcgca ctctcctcga	360
acaggccgac aggggcaggc gccaaagccga acaagaactt ggagatgccc acgaacagat	420
caacgagttg gctgcccaag ctaccagcgc ctacgcccgc aaacgcaagc ttgagggaga	480
gttgcagaca cttcatgctg acctcgacga acttctcaac gaagccaaga actccgaaga	540
gaaggccaag aaggcaatgg ttgatgccgc taggttagct gatgaactca gggcagaaca	600
ggaccacgct cagaccaggc agaagctccg caaggctctg gaaacgcaa tcaagggaact	660
ccaagtcagg ttggacgaag ccgaaaacaa cgccctcaag ggaggcaaga aggccatcgc	720
caagctggaa caacgtgtca gggaaactcga aaacgaactg gacggcgagc agc	773

<210> 145

<211> 5446

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 145

tcaggaaaac tggctggtgc tgatattgag acctatctgc tggagaaggc tcgtgtcatc	60
tcccaacaaa cactcgagag 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 aagcaaaggc gtcgtgaaga gcaggctgaa	360
gccgatggaa ctgaggaagg cggtaaggtc ggtgtgctcc tcggtatcga cggtgacgac	420
ttgtacaaga atatgtgcaa gcccagaatc aaggtcggaa ctgagttcgt gacccagga	480
aagaacgtca accaggtctc atactctctc ggtgccatgt ccaagggtat gttcgatcgt	540
ctcttcaaat tcttgggtcaa gaaatgtaac gaaactctgg acaccaacaa gaagagacag	600
cacttcattg gtgtactgga tattgccggg ttcgaaattt tcgacttcaa cggttttgag	660

ES 2 670 620 T3

caactgtgta tcaacttcac caacgagaaa ttgcaacaat ttttcaacca ccacatgttc	720
gtactcgagc aagaagagta caagagggaa ggcattaact gggctttcat tgatttcgga	780
atggacttgc tcgcttgat tgaactgatt gagaagccca tgggtatctt gtccatcctt	840
gaagaagagt ctatgttccc caaggctact gacaagacct ttgaggacaa actcatcacc	900
aaccacttgg gcaaatctcc caacttcagg aagcccgcg ttccaaagcc tggccaacaa	960
gctggtcact tcgccatcgc tcaactacgt ggttgcgtgt catacaacat caccggctgg	1020
cttgagaaga acaaggatcc gttgaacgac actgttgtcg atcagtacaa gaagggaacc	1080
aacaaactgt tgtgcgagat ctctcgctgat catcctggcc aatctggtgc ccctggtggt	1140
gatgctggtg gcaagggtgg tcgtggcaag aaaggtggtg gcttcgccac tgtgtcatct	1200
tcctacaagg aacaattgaa caacttgatg accactttga agagcacaca gcctcacttc	1260
gtccgttgta tcatcccaa cgaattgaaa cagcccgggtg ttattgattc tcaacttggtc	1320
atgcaccagc tgacttgtaa cgggtgtactt gaaggcatcc gtatttgccg taaaggcttc	1380
cccaacagga tgaactaccc tgacttcaag ctccgataca agatccttaa ccccgtgcc	1440
gtggacagag agagtgatat cctcaaggct gctggtctcg tccttgagtc aactgggctc	1500
gacctgata tgtaccgtct cggccacacc aaggtgttct tcagggccgg agttttgggt	1560
caacttgaag aattgcgtga cgacaggctt agcaagatca tcggatggat gcaggccttc	1620
atgcgcggtt acctcgtcag gaaggagtac aagaagctcc aggaacagag gttagccctc	1680
caagttgtcc agcgcaactt gagaaggtac ctccaactga ggacctggcc ctggtggaag	1740
atgtggtcca gggctcaagcc cctcctcaac gtcgccaacg tcgaagagga gatgcggaaa	1800
ctcgaagagt tggctgccga gaccagggcc gctttggaga aggaggagaa gctgaggaag	1860
gaggccgaag cccttaacgc caagcttctc caagagaaga ccgaccttct caggaacttg	1920
gaaggagaga agggatccat cagcggatc caggaacgat gtgccaaagct gcaagcccaa	1980
aaggccgatc ttgagtctca actcatggac acccaagaaa ggctgcagaa cgaagaagat	2040
gccaggaacc agctcttcca acagaagaag aaattggaac aagaagccgc tgccctcaag	2100
aaggacatcg aagatctcga actctccaac caaaagaccg accaagataa ggccagcaag	2160
gaacacccaaa tcagaaacct caatgacgag atcgtcacc aagatgactt gatcaacaag	2220
ctcaacaagg agaagaaaat ccagagcgaa ctcaacccaa agactgctga agaacttcag	2280
gccgtgtaag acaaaatcaa ccacctcacc aaggttaagg tcaagcttga acagaccttg	2340
gatgaactcg aagacaccct cgaacgtgaa aagaaactcc gaggagatgt cgaaaaggcc	2400
aagaggaaga ctgaaggcga cctcaagctc actcaggaag ccgttgccga tcttgaaagg	2460
aacaagaaag aactcgaaca gaccatccag aggaagaca aggaattgc ttccctcacc	2520

ES 2 670 620 T3

gccaaagctcg aagacgaaca atccatcgtc aacaagactg gcaaacagat caaggaactc	2580
cagagccgca ttgaagagct cgaggaggaa gtcgaggctg agaggcaagc ccgcggaag	2640
gctgagaagc aacgtgctga cctcgccgc gaacttgagg aactcggcga gaggttagag	2700
gaagctggtg gtgccacctc tgcccagatc gagctcaaca agaagcgtga agctgagatg	2760
agcaaactca ggagggacct ggaagaagcc aacatccagc acgaaggcac gctcgccaac	2820
ctccgcaaga agcacaacga tgctgtcagt gagatgggag accaaatcga ccagctcaac	2880
aaacttaaga ccaaggttga aaaggagaag tctcaatacc tcggtgaact caacgacgtc	2940
cgcgcctcca ttgaccactt gaccaacgag aaggctgcc a ctgaaaaggt tgccaagcaa	3000
ctgcaacacc aaatcaatga agttcaaggc aaacttgatg aagctaacag gacgctcaac	3060
gacttcgatg ctgccaagaa gaagttgtct attgagaact ctgacctcct cagacagttg	3120
gaggaagctg agagccaagt ttctcaactt agcaagatca agatctccct caccactcaa	3180
ctcgaggaca ctaagcgtct cgcgatgag gaagctaggg aacgcgcaac ccttcttggc	3240
aagttccgca acttggaaca cgaccttgac aacctgaggg aacaggtgga ggaagaagcc	3300
gaagctaagg ctgatatcca acgtcaactc agcaaggcca acgctgaagc tcagttgtgg	3360
cgcagcaagt acgaaagcga ggggtgtgcc cgcgctgagg agcttgagga ggccaagagg	3420
aaactccagg ccggtttggc tgaggctgag gagaccattg agtccctcaa ccagaagggt	3480
atcgcccttg agaagacgaa gcgcgcctt gccactgaag tcgaggatct gcagctcgag	3540
gtcgaccgtg ccaacgccat tgccaatgcc gctgaaaaga aggctaaggc tattgacaag	3600
atcattggtg aatggaaact caaggttgat gaccttgctg ctgagcttga tgctagtcaa	3660
aaggaatgca gaaactactc cactgagctc ttcaggctca agggagctta tgaagaagga	3720
caggaacaac ttgaagctgt ccgcaggag aacaagaacc ttgctgatga agtcaaggac	3780
ttgctcgacc agatcggtga gggtgccgc aacatccacg aaattgagaa gcagcgcaag	3840
aggctcgaag ttgagaagga cgaacttcag gccgctcttg aggaggctga agccgctctt	3900
gaacaggagg agaacaaagt actcagggt caacttgagc tcagccaggt gcgtcaagaa	3960
attgaccgcc gcatccagga gaaggaagag gagttcgaga acaccaggaa gaaccaccaa	4020
cgggcactcg actccatgca agccagcttg gaggtgaag ccaagggtaa ggctgaggct	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 gcgcactctc	4320
ctcgaacagg ccgacagggg caggcgccaa gccgaacaag aacttgagaa tgcccacgaa	4380
cagatcaacg agttggctgc ccaagctacc agcgctcag ccgccaacg caagcttgag	4440

ES 2 670 620 T3

ggagagttgc agacacttca tgctgacctc gacgaacttc tcaacgaagc caagaactcc	4500
gaagagaagg ccaagaaggc aatggttgat gccgctaggt tagctgatga actcagggca	4560
gaacaggacc acgctcagac ccaggagaag ctccgcaagg ctctggaac gcaaatcaag	4620
gaactccaag tcaggttggc cgaagccgaa aacaacgccc tcaagggagg caagaaggcc	4680
atcgccaagc tggaacaacg tgtcagggaa ctcgaaaacg aactggacgg cgagcagagg	4740
agacacgccg acgcacaaaa gaacctccgt aaatccgagc gtagaattaa ggagctcagt	4800
ttccagtcgg acgaggaccg taagaaccac gaacgcatgc aagacctcgt agacaaactg	4860
caacagaaga tcaagactta caagaggcag attgaagaag ccgaagaaat cgcggccctt	4920
aacctcgcca aattccgcaa agcacaacaa gaactcgaag aagctgaaga acgcgctgat	4980
ctcgtctgaac aggctgtttc caaatcaga acaaagggtg gacgcgcagg atctgctgcc	5040
agagcgatga 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

<213> Lygus hesperus

<400> 146

tcctcctctg gtgcccgact cttcaaatac ccaaattccag tcatgtcttc ccgtaaaacc	60
gctggccgca gggcgaccac caagaagcgc gctcagcgtg cgacgtcaaa cgtattcgcc	120
atgttcgatc aggctcagat tcaagaattc aaggaggcat tcaacatgat cgaccagaac	180
agggacggct tcgtggataa ggaagacctc catgacatgc tcgcttccct aggtaagaac	240
ccctcagacg agtatctcga ggggatgatg aacgaggcgc ctgggtcccat caacttcaca	300
atgttcctca ccctcttcgg tgagcggcctt caggggaactg atccggagga ggttatcaag	360
aacgcatttg ggtgttttga cgaagacaac aacggattca tcaacgagga aagactgcgc	420
gagctgctca cctccatggg ggacaggctc actgatgaag acgtggacga aatgtaccga	480
gaggccccc tcaagaacgg catgttcgac tacatcgaat tcaactcggat cctcaagcac	540
ggagccaaag acaagacga gcagtgcact atcaaatcct cgtcaacctc ccttcagtaa	600
tttgaaacca atccatcaaa ttttgtttaa aactcttact taaaatccga tcatctacgt	660

ES 2 670 620 T3

cacttttgcca ccaatcggta ttatTTTTTg agcogttcct acataaatcg aattaatttt	720
atacctacga atcatattgt tggaaatttc tctcttgtag ttatactttc tgttatttcc	780
taatttttct aactaaccaa gttagtcggt agtttttatt cattccttta taaattatta	840
gttatccatt tttaatcatc ttgaagttat ttgtttttcg agtggtagaa tatttatata	900
ttttccaata tataatgggt tattcattct taaaaaacga aaaaaaagaa aaaaaaaaaa	960
aaaa	964
<210> 147	
<211> 5872	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 147	
gatcttacct gcctgaacga ggcgtccggt cttcacaaca tcaaggacag atattactcc	60
ggattgattt atacgtattc gggactcttc tgcgtggtgg tcaaccctta caagaaactg	120
ccaatctaca cagagagaat catggagaaa taaaaggcg taaaagaca cgacctccct	180
ccacacgtat tcgccatcac agacacagct taccgttcta tgctgcaaga tagggaagat	240
caatcgatac tctgcaccgg cgaatcgggt gcggggaaaa ccgaaaacac gaaaaaagta	300
atccagtact tggcctacgt tgcagcctcg aaaccctaat cttccgcac cccacatacg	360
gccagagtc aagctctgat cattggagaa ctcgaacaac agctgcttca agctaacca	420
atTTTggaag cattcggaaa cgccaagact gttaaaaacg ataattcttc tcgattcgggt	480
aaattcattc gtatcaattt cgacgcacga ggctacatcg caggagccaa catagaaacg	540
tatcttctag agaaatctag ggccatcaga caagcgaaag atgagcgaac gttccacatc	600
ttttaccaac ttctggccgg agcatctgca gaacaaagaa aggagtcat cctcgaagat	660
ccgaaaaact accctttcct cagcagcggg atggtgtctg tgcctggagt tgacgatgggt	720
gttgatttcc aagcaactat cgcctccatg tccatcatgg gcatgaccaa cgacgatctt	780
tccgctctct tccgcatcgt cagtgcctgc atgctgttcg gcagcatgca gttcaagcag	840
gagcgaaaca gcgaccaggc gacgctccca gacaacactg tagcgcaaaa aatcgccac	900
ctccttgggtc tctcaatcac agagatgacc aaagcggttc tcaggcctag aatcaaagta	960
ggacgggatt tcgtcaccaa ggctcaaaact aaggaacaag ttgagttcgc agtgaagcc	1020
atttcgaaag cctgctacga acgtatgttc cgatggctcg tcaacagaat caaccgctcc	1080
ctggatcgta caaaaggca gggagcatct ttcatggta ttcttgatat ggctgggttc	1140
gaaatctttg agatcaactc cttcgagcag ctttgtatca attacaccaa tgagaaactt	1200
caacaactct tcaaccacac catgttcatt ttggagcaag aggagtacca gagagaaggt	1260
attgaatgga agttcatcga cttcggactt gatcttcagc cgaccattga tctcattgat	1320

ES 2 670 620 T3

aagccaatgg	gagtcatggc	tctcctggat	gaagaatgtt	ggttcccca	agccactgac	1380
aagaccttcg	ttgagaagct	ggtcggtgct	cacagcgttc	accccaaatt	catcaaaact	1440
gatttccgtg	gagtcgccga	ctttgctgtc	gtccattatg	ccggaaaagt	cgattattcg	1500
gcggcgagct	ggctgatgaa	gaacatggac	cctctgaacg	aaaacgtcgt	gcagctcctc	1560
cagaactcgc	aagatccgtt	cgtcatccac	atctggaagg	acgcagagat	cgtcggcatg	1620
gctcaccaag	ctctcagcga	cactcagttt	ggagctcgta	ccaggaaggg	tatgttccga	1680
accgtgtctc	aactctacaa	agaccagctg	tccaaactca	tgatcacact	tcgcaacacg	1740
aaccccaact	tcgtccgttg	catcctcccc	aaccacgaga	agagagctgg	caagatcgat	1800
gctccttttg	tgctggatca	gctcagatgc	aacggtgtgt	tggaaggcat	cagaatttgc	1860
agacaaggtt	ttccgaatag	aatcccattc	caggaattcc	ggcaaagata	cgagctctta	1920
actcccaatg	tcattcccaa	agggttcatt	gacggtaaaa	aggcttgcga	gaagatgac	1980
aacgctctcg	aactggaccc	taatctctac	agagttggtc	agtccaagat	attcttcaga	2040
gctggagtct	tagctcatct	agaagaagag	cgcgactata	agattactga	tctgatagcc	2100
aatttccggg	ctttctgtag	gggatattct	gcccgaagga	actacaaaa	gcgtcttcag	2160
cagctcaacg	ccattcgtat	tatccagcga	aattgctcag	cttacttgaa	gttgaggaac	2220
tggaatggtt	ggcggctgta	caccaaggtc	aaacctctgc	ttgaagtgac	gaaacaagaa	2280
gagaagctga	cgcaaaagga	agacgaactg	aagcaggtcc	gcgagaaact	ggacaaccag	2340
gtgaggtcca	aggaagagta	tgaaaagagg	cttcaggacg	ctttggagga	gaaagctgct	2400
ctggcagagc	aacttcaggc	agaagtagag	ctgtgtgcgg	aagccgaaga	aatgagagcc	2460
aggctcgctg	tgaggaagca	agaactagag	gaaattctcc	acgatctaga	agccagaata	2520
gaggaagaag	agcaacgaaa	cacggctctc	atcaacgaaa	agaagaagtt	gaccctcaac	2580
atcgccgacc	tcgaagaaca	actggaagag	gaagaaggag	ctcgacagaa	actccaactc	2640
gaaaaagtcc	agatcgaagc	tcggctgaag	aaaatggaag	aggacctcgc	tctggccgaa	2700
gacaccaaca	ccaaagtctg	aaaggagaag	aaagtgttgg	aagagagggc	tagtgacttg	2760
gccagagacc	tcgctgagga	agaagaaaa	gctaaacacc	tcgcgaagct	caagaccaag	2820
cacgagacga	cgatagcgga	attggaagag	agggtgctca	aagacaatca	gcagaggcag	2880
gaaatggata	ggaacaagag	gaagatcgaa	tcagaggtga	atgatttgaa	agaacaaatt	2940
aacgagaaga	aggtccaagt	agaggagctt	cagttgcaac	tcgggaagag	ggaagaggaa	3000
atcgctcaag	ctctgatgag	aattgacgag	gaaggagcag	gcaaagctca	gactcaaaag	3060
gctctcaggg	aattggagtc	tcagctggct	gagctacaag	aggatctaga	ggctgaaaag	3120
gccgctcgcg	ccaaggccga	aaagcagaag	cgcgacctca	acgaagaact	cgagtccttc	3180

ES 2 670 620 T3

aagaatgaac	ttcttgactc	actggacacg	acagcagctc	aacaggaatt	gaggaccaag	3240
agagaacacg	aactggcaac	gctcaagaaa	acattagaag	aggaaacgca	cattcacgaa	3300
gtatctctca	ccgaaatgag	gcacaaacac	actcaagaag	tcgctgcact	caacgaacag	3360
ttggagcaac	tcaaaaaggc	caaactctgca	ctcgaaaaat	cgaaagcaca	acttgaaggg	3420
gaagctgctg	agctcgccaa	cgaactggaa	acagcaggaa	cgagcaaggg	cgagagtga	3480
aggaaacgga	agcaggccga	atcgtctctg	caggagctct	cgctcgcgact	cttggaatg	3540
gagagaacca	aagccgagct	ccaagagag	gtccagaaac	tgtctgcaga	agccgactct	3600
gtcaatcagc	agttggaagc	agcggaaactg	aaagcatcag	cagccctcaa	ggcatctggt	3660
accttgagga	ctcagctcca	ggaggcgcaa	gtgctcctgg	aagaggaaac	tcggcagaag	3720
ctgtcgttga	ccaccaaact	gaaaggcctc	gaaagcgaaa	gagatgctct	caaagagcaa	3780
ctctacgaag	aggacgaggg	taggaagaac	ctagaaaaac	agatggcgat	actcaatcaa	3840
caagtagctg	aaagcaagaa	gaagtctgaa	gaagaaacgg	aaaaataac	tgaactcgaa	3900
gaaagtgcga	aaaaattgct	caaagacata	gaaattcttc	aaaggcaagt	cgaagaactt	3960
caagttacca	acgacaaatt	agagaaaggc	aagaagaagc	tgagtcaga	actggaagac	4020
ctcaccatcg	acctggagtc	tcagagaaca	aagtggtcgc	agctcgagaa	gaaacaaaga	4080
aatttcgaca	aagttttggc	cgaagaaaaa	gcgttgctgc	aacaaatcac	gcacgagagg	4140
gatgctgctg	aaagagaagc	ccgtgaaaa	gaaactagag	tactgtcgct	gacgcgagaa	4200
ctcgatgaat	tcattggagaa	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	aattcgaaa	agatctacag	ggcaagaag	agtcgggaga	agaaaagagg	4500
agaggattgc	tgaacagct	gagggacatt	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	cgaaggaag	tggaaggggt	tggaacgga	gctcattcaa	4800
gtgcaagagg	atttgatggc	gagcgaaag	cagcggcggg	cagcggaaagc	cgaaagggat	4860
gaagtcgttg	aagaagccaa	caagaatgtc	aagagcttat	cgaatcttct	cgacgaaaag	4920
aagaggctcg	aagcccaatg	ctcaggcctg	gaagaggaac	tcgaagaaga	acttagcaac	4980
aatgaggccc	tccaagacaa	agcgagaaaa	gcacaactca	gcgttgagca	acttaatgca	5040
gaacttgctg	ccgaacggag	taatgtgcag	aaacttgagg	gaacgagatt	gtcgatggaa	5100

ES 2 670 620 T3

aggcaaaaca aggaactgaa ggccaaactg aacgaactgg aaacggtaca acgcaacaag 5160
 ttcaaggcca atgcgtctct ggaggctaag attaccaatc ttgaagagca actggaaaat 5220
 gaagccaagg aaaagctact tctccagaaa ggcaacagga agctcgacaa gaaaatcaaa 5280
 gacctcctcg ttcaattgga ggatgaaagg aggcattgccg accagtataa agaacaagtc 5340
 gagaagatca acgtcagggt gaagacgcta aagcgaactt tggacgacgc cgaagaagaa 5400
 atgagtaggg agaagaccca gaagaggaaa gcacttcgag aattggaaga cctcaggagg 5460
 aactacgatt ccctactccg agagaacgat aacctcaaaa acaaactcag gcggggcggc 5520
 ggtatttccg ggatctcgag caggctcgga ggctccaagc gaggttccat ccccgagag 5580
 gattcccagg gtctcaacaa caccacagac gaatcagtcg atggtgacga tatctcgaat 5640
 ccttaaacgc tacttggtatt taccagccag catccaactt tccactgaag acgtctccca 5700
 taaacggtga aagagacccg tcgaggaaga aaaaaaggct ctttaagaaa aactattctg 5760
 cctttttcaa aactttgtac ttaaaagtac ttctcgcttaa caatgaaaga agaataaaaa 5820
 tgtaaagttt tcattttatc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 5872

<210> 148

<211> 325

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 148

aagaagatcc tggaggagat cattgcggag gtcgacgctg atggctctgg acaacttgaa 60
 tttagaggagt tcgtagcctt ggctgccggt ttcctgacag 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

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 149

aattatcccc atcatgacca tcgcgttgaa cgctttcgac cgggatcact cgggttccat 60
 cccgacggac atggtggccg acatcctcag actcatgggt caacccttca acaagaagat 120
 tctcgatgaa ctcatcgaag aagttgacgc tgacaaatcg ggaaggctgg agtttgaaga 180
 gttcatcacg ttggcagcca agttcattgt tgaggaagac gatgaagcca tgcagaaaga 240
 gctgcgagaa gccttccgct tctacgacaa agaaggtaat ggctacatcc cgacctctg 300

ES 2 670 620 T3

cctcaaagaa atccttcatg aattggacga gcagctgacc aacgaggagc tggacatgat	360
catcgaggag atcgactctg acggatccgg aactgtcgac ttcgacgagt tcatggagat	420
gatgaccg	428
<210> 150	
<211> 538	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 150	
gcttctttta caaatcgac caccgagact taattcattc ccggagggtt taaattttat	60
cgaagcagca tgggtcggtat gaatgtgctg agcgatgctc tgaaaagcat caacaatgct	120
gagaagaggg gcaaaaggca ggtgctcctg aggccttggt ccaaagtcac cattaaattc	180
cttacagtga tgatgaagaa aggttatatc ggcgaaattcg aaatagtaga tgatcacaga	240
tctggtaaaa tcgtcgtcaa cctcaacggc agattgaaca aatgtggagt tatatcgccc	300
agattcgacg taccatcac acaaatcgaa aaatggacga acaacctcct gccttcccga	360
cagttcgggt atgtcgtact caccactagt ggagggatca tggatcacga agaagccagg	420
cgaaaacatc ttgggggtaa aatattaggg tttttctttt aataaaaaaa gacgagatgt	480
aaattaataa aactctttta cgtttcgcta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	538
<210> 151	
<211> 405	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 151	
ccacgccgac ttaattcatt cccggagggt ttaaatttta tcgaagcagc atggtgcgga	60
tgaatgtgct gagcgatgct ctgaaaagca tcaacaatgc tgagaagagg ggcaaaaggc	120
aggtgctcct gaggccttgt tccaaagtca tcattaaatt ccttacagtg atgatgaaga	180
aaggttatat cggcgaaattc 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	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 152	
tgatgatggc ggtcttaaca tccccattc caccaagagg ttccctgggt acgacagtga	60
gtctaaggaa ttcaacgctg aggtccacag gaagcacatt ttcggcattc acgtcgtga	120

ES 2 670 620 T3

ctacatgcgt cagctggctg aagaggatga cgatgcttac aagaagcagt tctcgagta	180
tgtaagaac ggagtcactg ctgacagcat tgaaagtatc tacaagaagg ctcacgaagc	240
aatccgagct gatccaactc gcaaaccact tgagaagaag gaagtcaaga agaagagggtg	300
gaaccgcgcc aagctttcct tgtctgaaag gaagaacacc atcaaccaa agaaggcaac	360
ttatctcaag aaagtggaag ctggagaaat cgaataagtt tttatatcc tgacattacc	420
cattaaaggt ttcgttttaa cctaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa	470
<210> 153	
<211> 387	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 153	
tgctgatggc ggtcttaaca tccccattc caccaagagg ttccctgggt acgacagtga	60
gtctaaggaa ttcaacgctg aggtccacag gaagcacatt ttcggcattc acgtcgctga	120
ctacatgcgt cagctggctg aagaggatga cgatgcttac aagaagcagt tctcgagta	180
tgtaagaac ggagtcactg ctgacagcat tgaaagtatc tacaagaagg ctcacgaagc	240
aatccgagct gatccaactc gcaaaccact tgagaagaag gaagtcaaga agaagagggtg	300
gaaccgcgcc aagctttcct tgtctgaaag gaagaacacc atcaaccaa agaaggcaac	360
ttatctcaag aaagtggaag ctggaga	387
<210> 154	
<211> 745	
<212> ADN	
<213> Lygus hesperus	
<400> 154	
gtcctacgtg tttccgaaa aacgtgcatt tcgctaccc ctctgggtga tccgttttca	60
tagaaataat ccaaatggc tcccaagggg aataatatga ttcccaatgg ccatctccac	120
aaggattggc agaggttcat caaacctgg ttcaaccagc ctgcccga gttgaggagg	180
agaaacaaga ggttgagaa ggccaacgg ctgcgcccc gcccgcggg acctcttcgc	240
cccgtgtca gatgtccac cgtcaggtac cacaccaagc tacgacctgg acgtggcttc	300
accttgaag aaatcaagag agccggtctg tgcaaaggat tcgcatgtc catcggaatc	360
gctgtcgacc ccagaagaag gaataaatcc atcgagtccc tccaactcaa tgtacagaga	420
ctcaaggagt acagggctaa gcttatctc ttccacaca agaatgcaa gaaactgaag	480
aagggagaag ctactgagga agagaggaag gtggccacc aacagcccct gccagttatg	540
cccatcaagc aaccagtcac caaatcaag gctcgcgtca ttacagacga tgagaagaaa	600
tactctgcct tcaccgcct ccgcaaggga cgagcagacc aaaggttgg cggtatccgt	660
gctaagcgcg caaaggaagc cgcagaaaac gccgaagacc cctctaaagc tcctaaaaa	720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa	745

ES 2 670 620 T3

<210> 155

<211> 527

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 155

aacgtgcatt tgcgtaccc ctcggtgtga tccgttttca tagaaataat ccaaaatggc	60
tccaagggg aataatatga ttccaatgg ccatttccac aaggattggc agaggttcat	120
caaaacctgg ttcaaccagc ctgcccga gttgaggagg agaaacaaga ggttggagaa	180
ggcccaacgg ctgcgcggcc gccccgagg acctcttcgc cccgctgtca gatgtccac	240
cgtcaggtac cacaccaagc tacgacctgg acgtggcttc accttgaag aaatcaagag	300
agccggtctg tgcaaaggat tgcgatgtc catcggaatc gctgtcgacc ccagaagaag	360
gaataaatcc atcgagtccc tccaactcaa tgtacagaga ctcaaggagt acagggctaa	420
gcttatcctc ttcccacaca agaatgccaa gaaactgaag aaggagagaag ctactgagga	480
agagaggaag gtggccaccc aacagcccct gccagttatg cccatca	527

<210> 156

<211> 576

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 156

gccttattga acgtggtcga cagaaaactc ggtttctgag ctcatctcaa catggatatac	60
gaagaaccgg ccgcggcccc tacggagccc tcggacgtca acaccgccct tcaagaggtc	120
ctcaaggccg cccttcaaca cggagtcgtc gtccacggta tccacgagtc cgccaaggcc	180
ctcgacaaga ggcaagcttt gttgtgcgtc ctgcgtgaga actgcgacga gccgatgtac	240
aagaagctgg tacaagccct ctgctcagag caccacatcc ccctcgtcaa agtagattcc	300
aataagaaac tcggcgaatg gacgggacct tgcaagatcg acaagaccgg caaatctagg	360
aaaatcgtcg gctgctcttg tgtcgtcatc aaggactggg gtgaggacac gcccacttg	420
gacctcctca aggactacat caggagcgtc ttctaagaag tttctcctca atttcctttt	480
tataatgatt taacaactga gaattaataa taaaaatgtt aaattaaaca aaaaaatctc	540
aaaactgtaa aaaaaaagaa gaaaaaaaaa aaaaaa	576

<210> 157

<211> 442

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 157

ccttattgaa cgtggtcgac agaaaactcg gtttctgagc tcactctaac atggatatcg	60
---	----

ES 2 670 620 T3

aagaaccggc cgcgccccc acggagccct cggacgtcaa caccgccctt caagaggtcc 120
tcaaggccgc ccttcaacac ggagtcgtcg tccacggtat ccacgagtc gccaaaggccc 180
tcgacaagag gcaagctttg ttgtgcgtcc tcgctgagaa ctgcgacgag ccgatgtaca 240
agaagctggt acaagccctc tgctcagagc accacatccc cctcgtcaaa gtagattcca 300
ataagaaact cggcgaatgg acgggccttt gcaagatcga caagaccggc aaatctagga 360
aaatcgctcg ctgctcttgt gtcgtcatca aggactggg tgaggacacg cccacttg 420
acctoctcaa ggactacatc ag 442

<210> 158

<211> 601

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 158

ctttcatttg tatagtacgg acgggtagtt tagttgtgtc ggttcatcgt aattcatcgg 60
ctgaatcatg aagatgaata aattggtcac ttccctcgagg aggaagaaca ggaagaggca 120
cttcaccgcc ccatcccaca tccgtagaaa gttgatgtcg gcaccactgt ccaaagaact 180
taggcagaag tacaacgtcc gaactatgcc tgtgaggaag gacgatgaag tccaggttgt 240
acgaggacac taaaaggcc aacaggttg caaagtcctc caggtgtaca ggaagaagtt 300
cattatattac attgagcgga tccaaagaga aaaagccaat ggtgccagcg tttacgttgg 360
cattcacccc tcaaagtgtg tgatcgtcaa attgaaggtc gacaaggata ggaaagaaat 420
ccttgacaga agatccaaag gacgtgactt ggcacttggc aaggacaagg gcaaatacac 480
cgaagacagt acgactgcta tggacacgtc ttaaattaat ttggtttatt tggttcctta 540
actcgttct tctttaataa tgactttttt aaagcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 600
a 601

<210> 159

<211> 448

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 159

gtacggacgg gtagtttagt tgtgtcgggt catcgtaatt catcggtga atcatgaaga 60
tgaataaatt ggtcacttcc tcgaggagga agaacaggaa gaggcacttc accgccccat 120
cccacatccg tagaaagttg atgtcggcac cactgtccaa agaacttagg cagaagtaca 180
acgtccgaac tatgcctgtg aggaaggacg atgaagtcca ggttgtacga ggacactaca 240
aaggccaaca ggttgcaaaa gtcctccagg tgtacaggaa gaagttcatt atttacattg 300
agcggatcca aagagaaaaa gccaatggtg ccagcgttta cgttggcatt caccctcaa 360
agtgtgtgat cgtcaaattg aaggtcgaca aggataggaa agaaatcctt gacagaagat 420
ccaaaggacg tgacttgga cttggcaa 448

ES 2 670 620 T3

<210> 160

<211> 456

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 160

ggctgttgct ggctgggtcat atcccgtttt ccacgtgggtg tgtcgagtta tttttcttgt	60
aaattcgcat ttaaaatcgg atttataacc gaaattcatt atggaaaagc cagtagtttt	120
ggcccggtgc atcaaaatcc tcggacgtac cggctcacag ggccaatgta cgcaagtga	180
ggtggagtgc attggtgagc agaaccgaca gatcatcagg aacgtgaaag gaccagttag	240
agaaggcgac atcctcacac tcctagagtc tgaaagagaa gcgagaagac tgaggtagtg	300
ggaggtggcg atgcgttacg ttatttttact tcattcaaca ttgaaaaaa accatcttcg	360
tgacaaaaaa catcttcacg caactatttg tattacctat gtttcgtaaa taaagtaacc	420
tcgttactta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa	456

<210> 161

<211> 321

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 161

ctgttggtcg ctgggtcatat cccgttttcc acgtgggtgtg tcgagttatt tttcttgtaa	60
attcgcatatt aaaatcggat ttataaccga aattcattat ggaaaagcca gtagtttttg	120
cccgtgtcat caaaatcctc ggacgtaccg gctcacaggg ccaatgtacg caagtgaagg	180
tggagttcat tgggtgagcag aaccgacaga tcatcaggaa cgtgaaagga ccagttagag	240
aaggcgacat cctcacactc ctagagtctg aaagagaagc gagaagactg aggtagtggg	300
aggtggcgat gcgttacggt a	321

<210> 162

<211> 865

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 162

aatcccggat tcatcgtttt attgaattgt ttttcgaagt ttctggtatt atcgtaa	60
tagtctgtta agccctcatc cgtgatttgg caagttgttg attgttctat tttcctttt	120
ccagaaaatg gggagacgtc cagcgagggtg ttatcggtac tgtaaaaaca agccataccc	180
ccaaatcccg gttctgtcgt ggtgtccccg accccaagat caggatcttc gatctgggaa	240
agaagaaggc ccgcgtggaa gacttcccc tctgcgttca cctcgtctcc gatgagtacg	300

ES 2 670 620 T3

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

<210> 163

<211> 792

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 163

ggttcctttc tcagattttg actttgccgt gttgtctctc ccaattttcc aaaatgggga	60
gacgtccagc gaggtgttat cggactgtga aaaacaagcc ataccctaaa tcccggttct	120
gtcgtggtgt ccccgacccc aagatcagga tcttcgatct gggaaagaag aaggcccgcg	180
tggaagactt cccctctgc gtacacctcg tctccgatga gtacgagcag ctgtcctccg	240
aagccctcga ggcaggacgt atctgctgca acaagtacct cgtcaagaac tgcggcaagg	300
accagttcca catcaggatg aggtccacc cttccacgt cattaggatc aacaaaatgt	360
tatcgtgcgc tggagctgat aggtccaga cagggatgag aggagcattc ggaaagccgc	420
aaggaaccgt cgctcgctc cgcatcggc agcccatcat gagcgtccgc tcgtccgaca	480
ggtacaaggc cgccgtcatc gaggtctga ggagagccaa attcaagttc cctggtcgcc	540
agaagatcta cgtttccaag aaatggggct tcaccaagtt cgaccgcgaa gactacgagg	600
gccttaggaa cgacaacaaa ctacggaatg gcggctgcaa cgtcaaattg aggccggatc	660
acggaccttt gcaggcgtgg aggaaggctc agcttgacat cgctgctggc ctctaaatta	720
ctttccaatg gttttataaa tcaacaaata aaactcgttt tatctaaaaa aaaaaaaaaa	780
aaaaaaaaa aa	792

<210> 164

<211> 645

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 164

agccctcatc cgtgatttgg caagttgttg attgttctat tttcctttt ccagaaaatg	60
--	----

ES 2 670 620 T3

gggagacgtc cagcgaggtg ttatcggtag tgtaaaaaca agccataccc ccaaattccc 120
gttctgtcgt ggtgtccccg accccaagat caggatcttc gatctgggaa agaagaaggc 180
ccgcgtggaa gacttcccc tctgcgttca cctcgtctcc gatgagtacg agcagctgtc 240
ctccgaagcc ctcgaggcag gacgtatctg ctgcaacaag tacctcgtca agaactgcgg 300
caaggaccag ttccacatca ggatgaggct ccacccttc cacgtcatta ggatcaacaa 360
aatgttatcg tgcgctggag ctgataggct ccagacaggg atgagaggag cgttcggaaa 420
gccgaagga accgtcgtc gcgtccgcat cggtcagccc atcatgagcg tccgtcgtc 480
cgacaggtac aaggccgcg tcatcaaggc tctgaggaga gccaaattca agttccctgg 540
tcgccagaag atctacgttt ccaagaaatg gggttcacc aagttcgacc gcgaagagta 600
cgagggcctt aggaacgaca acaaactagc gaatgacggc tgcaa 645

<210> 165

<211> 619

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 165

gctttaccga ttccgttctt gtttagtcca cgtttctctg ctcatcgtg cagattttaa 60
aacatgacca actccaaagg ttatcgtcgc ggaacgagg atctcttctc gaggcccttc 120
cgtcaccatg gtgtcatccc actctcaacg tacatgaaag tataccgagt aggagacatc 180
gtatctatca aaggtaatgg agcagtgcaa aaaggatgc ccacaaagt ttaccacggc 240
aagaccggac gagtctacaa tggtacacct cgcgcccttg gtgttattgt caacaaggag 300
gttcgtggaa aaatccttcc caagaggatc aacatcagga ttgaacacgt caaccacagt 360
aaatgcagag aagatttctt gaagcgagt cgagaaaatg aaaggctccg caaattcgcc 420
aaagaaactg gcaccagggt tgaactcaaa agacagcctg ctgagccacg ccctgcacac 480
tttgtacaag ctaaagaagt ccagagctg ctggcccca taccttacga gttcatcgct 540
taaaaaattt tcaattccat cttaacttta tatatttgaa taaaattgtg ttctcaaaaa 600
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 619

<210> 166

<211> 461

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 166

acgtttctct gtcattcgt gcagatttta aaacatgacc aactccaaag gttatcgtcg 60
cggaacgagg gatctcttct cgaggccctt ccgtcaccat ggtgtcatcc cactctcaac 120
gtacatgaaa gtataccgag taggagacat cgtatctatc aaaggtaatg gagcagtgca 180

ES 2 670 620 T3

aaaaggtatg cccacaaaag tttaccacgg caagaccgga cgagtctaca atgttacacc 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

<210> 167

<211> 481

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 167

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

<210> 168

<211> 747

<212> ADN

<213> Lygus hesperus

<400> 168

gcataaatat atagggcgat tgatttagcg gccgcgaatt cgcccttaag cagtggatc 60
 aacgcagagg gggggtcttc tctcccggtt ttcttcttgc ccgaatcgtc catcctgatg 120
 ttgggggtcac tgtcaccacg accatacccc aatttgggggt atggcttgggt tgtccctac 180
 ccataaatcc tgattggaca tctccccatt atgaaagact gcgagaaaca cccctgcccc 240
 cggctttaaa cccacggcta aggggggatt cgcgggcggc aaatttcatt cggcccatag 300
 tgagtcgtat tacaattcac tgggcgtcct ttttacacct tcggaccggg aaaaacctgg 360
 cggttaccca aaatccgtta ttgtccacat ccccttttac tccactgggt tatataacaa 420
 agaggcccct tccaatgtcc tttcccaaaa gtgcgcagcc ctataactaat ggcctttaaa 480
 ggaaccctta ttaaaaaaaaa aacccttaac cacagggttg tgatgtaacc aaggaaaata 540
 atgaacacac cgggccaaaag aaggtgatac ccctgggtctt ggcgaccgcc tgtcaaatct 600
 tcctcccga acgaaaccg tagtggcatc gaggaataac cttgcgcato atagactcca 660

ES 2 670 620 T3

aatggccact gtggccgctc tcgattcatg gaagaaatga gatgaccctt accccgcgca 720

aaaggattca gaaccaatac cagaatc 747

<210> 169

<211> 1052

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<220>

<221> misc_feature

<222> (662)..(665)

<223> n e s a, c, g, o t

<400> 169

ggttttcttc ttgccgaat cgtccatcct gatgttgggg tcaactgtcac cacgaccata 60

ccccaaatttg gggatggtt ttggtgtccc ctaccataa atcctgattg gacatctccc 120

cattatgaaa gactgcgaga aacacccttg ccccggtt taaaccacg gctaaggggg 180

gattgcgggg cggcaaatct cattcggtcc atagttagtc gtattacaat tcaactgggcg 240

tcctttttac accttcggac cgggaaaaac ctggcggtta cccaaaatcc gttatttgcc 300

acatccccct ttactccact ggggtatata acaaagaggc cccttccaat gtcctttccc 360

aaaagtgcgc agccctatac taatggcctt taaaggaacc cctattaaaa aaaaaaccct 420

taaccacagg ttggtgatgt aaccaaggaa aataatgaac acaccgggac aaagaagggtg 480

atacccttg tcttggtgac cgcctgtcaa atcttcctcc cggaacgaaa cccgtagtgg 540

catcgaggaa taaccttgcg catcatagac tccaaatggc cactgtggcc gctctcgatt 600

catggaagaa atgagatgac ccctaccccg cgcaaaagga ttcagaacca ataccagaat 660

cnnnntagca aaacggctat ttcccggttc tttgtcggt tcttttgcca gggccatgcc 720

ttttcccgga atggaaggcg ggctgtttga gaaacgcatt aaatgggatt agtccattca 780

taggccaccc aaggaaacca ctttaatttc gggttggttag gttgagagaa atggtgaggg 840

gtaacaattt tacaccggga accgtttatg cccagaatta cccagcttc gaattaaccc 900

cccctaaagg ggatagttcc gccgggttaa aagaaattcg ccttaaacca gtgtttttaa 960

gcaggagaca gaagtgttc tcgcaagctt tcaaaatggg gagatgtcca atcaggattt 1020

atgggtaggg tacaaccaag ccgaacccca aa 1052

<210> 170

<211> 555

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 170

tagcaaaacg gctatttccc ggttctttgt cggattcttt tgccagggcc atgccttttc 60

ES 2 670 620 T3

ccggaatgga aggcgggctg tttgagaaac gcattaaatg ggattagtcc attcataggc 120
caccacaagga aaccacttta atttcgggtt ggtaggttga gagaaatggt gaggggtaac 180
aattttacac cggaaccgt ttatgccag aattaccca gcttcgaatt aacccccct 240
aaaggggata gttccgccg gttaaagaa attcgcctta aaccagtgtt ttaaagcagg 300
agacagaagt gtttctcgca agctttcaaa atggggagat gtccaatcag gatttatggg 360
tagggtacaa ccaagccgaa ccccaaatcc ctgttctgtc gtggtgacag tgacccaag 420
atctggatgt tcgttttggg aaagaagaaa accgggaggg accacttctt cctctgcgtt 480
gataccactg cttaagggcg aattcgttta aacctgcagg actagtccct tagtgagggt 540
aatctagcag ccac 555

<210> 171
<211> 1052
<212> ADN
<213> Lygus hesperus
<220>
<221> misc_feature
<222> (662)..(665)
<223> n es a, c, g, o t
<400> 171

ggttttcttc ttgccgaat cgtccatcct gatgttgggg tcactgtcac cacgaccata 60
ccccaatttg gggtaggtt tggtgtccc ctaccataa atcctgattg gacatctccc 120
cattatgaaa gactgcgaga aacaccctg ccccggtt taaaccacg gctaaggggg 180
gattcgcggg cggaattt cattcgccc atagttagtc gtattacaat tcactgggcg 240
tcctttttac accttcggac cgggaaaaac ctggcggtta ccaaaatcc gttatttgcc 300
acatccccct ttactccact gggttatata acaaagaggc ccctccaat gtcctttccc 360
aaaagtgcgc agccctatac taatggcctt taaaggaacc cctattaaaa aaaaaaccct 420
taaccacagg ttggtgatgt aaccaaggaa aataatgaac acaccgggc aaagaagggtg 480
atacccttg tcttgcgac cgctgtcaa atcttcctcc cggaacgaaa ccgtagtg 540
catcgaggaa taaccttgcg catcatagac tccaaatggc cactgtggcc gctctcgatt 600
catggaagaa atgagatgac ccctaccccg cgaaaagga ttcagaacca ataccagaat 660
cnnnntagca aaacggctat ttcccggttc tttgtcgat tcttttgcca gggccatgcc 720
ttttccgga atggaaggcg ggctgttga gaaacgcatt aaatgggatt agtccattca 780
taggccaccc aaggaaacca ctttaatttc gggttggtag gttgagagaa atggtgaggg 840
gtaacaattt tacaccggga accgtttatg cccagaatta cccagcttc gaattaaccc 900
cccctaaagg ggatagttcc gccgggttaa aagaaattcg ccttaaacca gtgttttaa 960
gcaggagaca gaagtgttc tcgcaagctt tcaaatggg gagatgtcca atcaggattt 1020
atgggtaggg tacaaccaag ccgaacccca aa 1052

ES 2 670 620 T3

<210> 172

<211> 1175

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 172

ctcagcgaga tccctaagac aacgcctgcc acgtgggaga atatcggaca cgcctcccca	60
gagtgcggaa aggggaacgg cgttccgtat cgggtcaaggt gcaagcttcg gaaccggagg	120
acgaccgttg caaggtgcaa ggggcaggta tcttgatatt tcattgtgcg tgcgacatc	180
taccaaactg agacttggag ttcgatattt tgacgatggg gccggggggc ggaggcaaaa	240
cgacaaacac aggcaccgtg accgtgttcc ggtccctggc ctgcgttgcc ttacgttcac	300
atcttgttct tgcgctttct ctggttttac gataacccta ctacgagttt agtagagccg	360
atcccgtagc cgaagccaaa gcccaagcgc tccgtatccg agaacgcgga agagcacgaa	420
ctcccaaac ccctccgccc ctccccgcg cgtatccgaa acacaaatgc agcgggcagt	480
acagggtttt gaaggggacg cgggcagtga gcgcaatgca agtaaatgtg attagctcat	540
ggctacgcag ccctgctttt tcagtttcgg ttcggatcgt taggggggtgt gggattggga	600
gcggattcaa tctggacagg aaacagctat gaccaaggtc acgccaagct ctgaattaac	660
cctcaggaaa gggactagtc cggcagggtt aaacgaactc gccctaagc agtggtatca	720
gagcacagt gttttttttt tttgtttttt ttcgtagaaa aaaatatgta ttaagtcaat	780
taattaaatc attggttttt tggcttcaca acagggtggc 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 ttggatcatag cgatgttcgg tacacaagag aaccacctgg tgtaatcatt	1080
acagcacagc aatactctgt gttttgtaag ataacaaaaa aggtacttaa gacgctgaac	1140
cattttctac gatcggaaaa caaaaaaaaa gaaaa	1175

<210> 173

<211> 1023

<212> ADN

<213> *Lygus hesperus*

<400> 173

tcagcgagat ccctaagaca acgcctgcca cgtgggagaa tatcggacac gcctccccag	60
agtgcggaaa ggggaacggc gttccgtatc ggtcaaggtg caagcttcgg aaccggagga	120
cgaccgttgc aaggtgcaag gggcagggtat cttgtatttt cattgtgcgt gtcgacatct	180

ES 2 670 620 T3

accaaactga gacttggagt tcgatatattt gacgatgggg ccgggggccc gaggcaaaac	240
gacaaacaca ggcaccgtga ccgtgttccg gtccctggcc tgcgttgccct tacgttcaca	300
tcttgttctt gcgctttctc tgggttttacg ataaccctac tacgagttta gtagagccga	360
tcccgtagcc gaagccaaag cccaagcgct ccgtatccga gaacgcggaa gagcacgaac	420
tccccaaacc cctccgcccc tcccccgccg gtatccgaaa cacaaatgca gcgggcagta	480
caggtttttg aaggggacgc gggcagtgag cgcaatgcaa gtaaattgtga ttagctcatg	540
gctacgcagc cctgcttttt cagtttcggg tcggatcggt agggggtgtg ggattgggag	600
cggtattcaat ctggacagga aacagctatg accaagggtca cgccaagctc tgaattaacc	660
ctcaggaaag ggactagtcc ggcaggttga aacgaactcg cccctaagca gtggtatcag	720
agcacagtgg tttttttttt ttgttttttt tcgtagaaaa aaatatgtat taagtcaatt	780
aattaaatca ttgggtttct ggcttcacaa cagggtggcac gtgctgtgct cggagaaatt	840
tatgaactat gttctgttct tcaatgagga aagatgagat gatccattct cagacacatt	900
cagacagagg acaccaccgt aagccctatc cacagtctgt ccacgtaagg ggatcgtgtc	960
cccttccatg ggcagagcag ggagagggcc gtaagcttgt tcttgcgtca tcaacatgtg	1020
ggg	1023

<210> 174

<211> 454

<212> ADN

<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
ttgatttga ataccttgtc aaaaagaaag acatggagat cgccgaattg aacagtcaag	300
tcaacgacct caggggtaaa ttcgtcaaac ccactctcaa gaaagtatcc aaatacgaga	360
acaaatttgc taaactccaa aagaaagcag cagaattcaa tttccgtaat caactgaaag	420
ttgtaaagaa gaaggagtcc accctggagg agga	454

<210> 175

<211> 431

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 175

ggtttatgac ccctgagagg aagaagaaac ttaggttatt gctgagaaag aaagcagcag	60
---	----

ES 2 670 620 T3

aagaactgaa aaaagaacaa gaacgcaaag ctgccgaaaag gagacgtatt attgaagaga	120
gatgcgga aaacaaactc attgatgagg caaatgaaga gcaggtgagg aactattgca	180
agttatatca cggtagaata gctaaactgg aggaccagaa atttgatttg gaataccttg	240
tcaaaaagaa agacatggag atcgccgaat tgaacagtca agtcaacgac ctcaagggta	300
aattcgtcaa acccactctc aagaaagtat ccaaatacga gaacaaattt gctaaactcc	360
aaaagaaagc agcagaattc aatttcogta atcaactgaa agttgtaaag aagaaggagt	420
tcaccctgga g	431

<210> 176

<211> 888

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 176

agcagtggta tcaacgcaga gtacgcgggg acatcgagga gaagaggcaa cgcctcgaag	60
aggctgaaaa gaaacgccag gccatgatgc aggccctcaa ggaccagaac aagaacaagg	120
ggcccaactt caccatcacc aagagggatg cttcatctaa cctttctgcc gctcagttgg	180
aacgcaacaa gaccaaggag caactcgagg aagagaagaa aatttcctt tccatccgca	240
tcaagccctt ggtcgttgat ggtctggcg tagataaact ccgtctgaaa gcacaagaac	300
tttgggaatg catcgtcaag ttggagactg aaaagtacga cttggaagag aggcagaaac	360
gtcaagacta cgatctcaaa gagctgaaag aaagacagaa acaacagctg agacacaaag	420
ccttgaagaa gggcttagac ccagaagccc taaccggcaa ataccgcct aaaatccaag	480
tagcctcaa atatgaacgt cgtgttgaca cgaggctgta tggagacaaa aagaagctat	540
tcgaaggggg attagaagaa atcattaaag agaccaatga aaagagctgg aaagagaaat	600
ttggacagtt cgattccaga caaaaggcaa gacttcccaa gtgggtcggg gaacgtcctg	660
gcaaaaaacc tggagatccc gaaactccag aaggcgagga ggagggcaaa caagtcattg	720
atgaggatga cgacctcaag gagcctgtaa tcgaagctga aattgaagaa gaggaggaag	780
aagaggaagt cgaggtcgat gaagaagaag aggatgacga agaagaagaa gaagaagagt	840
gaatgccaaa ggcagaagat aatcatgaaa tcaacattag ataacgtc	888

<210> 177

<211> 404

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 177

caaggaccag aacaagaaca aggggccc aa cttcaccatc accaagagg atgcttcac	60
taacctttct gccgtcagt tggaacgcaa caagaccaag gagcaactcg aggaagagaa	120
gaaaatttcc ctttccatcc gcatcaagcc cttggctcgtt gatggtctgg gcgtagataa	180

ES 2 670 620 T3

actccgtctg aaagcacaag aactttggga atgcatcgtc aagttggaga ctgaaaagta	240
cgacttgga gagaggcaga aacgtcaaga ctacgatctc aaagagctga aagaaagaca	300
gaaacaacag ctgagacaca aagccttgaa gaagggctta gaccagaag ccctaaccgg	360
caaatacccg cctaaaatcc aagtagcctc caaatatgaa cgtc	404
<210> 178	
<211> 1155	
<212> ADN	
<213> leptinotarsa decemlineata	
<400> 178	
gctcttcaga atgaacttga agaattctcg acactgttgg aacaagctga ccgtgcccg	60
cgccaagcag aacaagaatt gggagatgct cacgaacaat tgaatgatct tggcgacag	120
aatggttctc tgtctgccgc caagaggaaa ctggaaactg aactccaaac tctccattcc	180
gatcttgatg aacttctcaa tgaagccaag aactctgag agaaggttaa gaaagccatg	240
gtcgatgcag ctcgctcttg agatgaactg agagcagaac aagatcatgc acaaactcag	300
gagaaacttc gtaaagcctt agaatcacia atcaaggacc ttcaagtctg tctcgacgag	360
gctgaagcta acgcccctca aggaggtaag aaagcaatcg cttaaacttg acaacgcgctc	420
agggaattgg agaattgagtt agatggtgaa caaagacgac acgccgatgc tcaaaagaat	480
ttgagaaagt ccgaacgtcg catcaaggag ctcagcctcc aagctgaaga agaccgtaag	540
aaccacgaaa aaatgcaaga cttagtcgac aaacttcaac agaaaatcaa gaccacaag	600
aggcaaatag aagaagctga agaaatagcg gctctcaatt tggccaaatt ccgtaaagca	660
caacaggaat tggaagaagc agaagagcgt gcagaccttg ctgaacaagc aattgtcaaa	720
ttccgtacca agggacgttc tggatcagca gctaggggag ccagccctgc gcctcagcga	780
cagcgtccca cattcggaat gggagattca cttggagggtg ccttccctcc aaggttcgat	840
cttgcacccg actttgaatg aatctgacat tgtgttataa gtgtaagggtg aacattctat	900
cgcagtgtaa atatcatccc aatgcgaatc aattctacat tcagtttaag tcattctatc	960
tctcaaaata ataattagtgt catccattct cactatcaaa tcaagacaag agatgatgat	1020
cagagaacac gtatcacatc tacagcaaac cctcagtcct cggcatctct gataatattt	1080
tcaattatcg agattgatga tatcggtgtg tgaatgctga tgaatagaag gcgccctatg	1140
gaaataagag agaag	1155
<210> 179	
<211> 523	
<212> ADN	
<213> leptinotarsa decemlineata	
<400> 179	

ES 2 670 620 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 ctcgacgagg ctgaagctaa cgccctcaa	360
ggaggtaaga 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

<213> nilaparvata lugens

<400> 180

ctaggagtat ctctacgta attcgggtgct tgagccaact gcagctactc acttttttcc	60
aggttcagtg gtagggacgc aaacacagct aaaatggcgg acgatgaggc aaagaaggca	120
aagcaggcgg aaatcgaccg caagagagcc gaggtccgca agcggatgga ggaagcctcc	180
aaggccaaga aggccaaaga aggtttcatg acgcctgaca gaaagaagaa gctcaggttg	240
ttgctgagga aaaaggctgc tgaggaattg aagaaggaac aggagaggaa agccgcggaa	300
aggagaagga tcatcgagga gaggtgtggc aaggctgttg atctcgatga cggaagtga	360
gagaaagtca aggcaacttt aaaaacctat cacgacagaa ttggaaaatt ggaggatgaa	420
aaatttgacc tggaatatat tgtaaaaaag aaagacttcg agatcgctga cctcaacagc	480
caggtgaatg acctccgtgg taaatttgtc aagccaacct tgaaaaaagt ctccaaatat	540
gagaacaaat tcgccaaagct ccagaagaaa gcagctgaat tcaatttcag aaatcagctc	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 caatgtgtc aacttatttc ttaaacatat	840
tgtccagcta tttattgaaa ttaaa	865

<210> 181

<211> 269

<212> ADN

<213> nilaparvata lugens

<400> 181

aagaagaagc tcaggttgtt gctgaggaaa aaggctgctg aggaattgaa gaaggaacag	60
---	----

ES 2 670 620 T3

gagaggaaag ccgcggaaa gagaaggatc atcgaggaga ggtgtggcaa ggctgttgat	120
ctcgatgacg gaagtgaaga gaaagtcaag gcaactttaaa aaacctatca cgacagaatt	180
ggaaaattgg aggatgaaaa atttgacctg gaatatattg taaaaaagaa agacttcgag	240
atcgctgacc tcaacagcca ggtgaatga	269
<210> 182	
<211> 553	
<212> ADN	
<213> nilaparvata lugens	
<400> 182	
aatgatggcg gctctcaagg accagagcaa atcgaaagga cccaacttca ccgtaaacia	60
gaaaacagac ttgaacatga cgtcagctca aatggaaagg aacaagacta aggagcagct	120
ggaggaggag aagaagatct ctctgtcgtt ccgcatcaag ccggttgcca tcgagaacat	180
gagcatcaac gcaactgcgc ccaaggccca ggaactgtgg gactgcatcg tcaagctcga	240
aactgagaag tacgatctgg aggaacgcca gaagaggcag gactacgatc tcaaagaatt	300
gaaagaaaga caaaagcaac agctgaggca taaagccctc aaaaaaggct tagaccctga	360
ggctctcaca ggaaagtacc caccaaaaat ccaagttgcc tccaaatatg aaagacgtgt	420
agatacaagg tcatacgacg acaagaagaa gctcttcgaa ggtggctggg acacattaac	480
atcagaaacc aatgagaaaa tatggaagag cagaaacgat cagttttcaa atcgtagcaa	540
ggctaaactg cca	553
<210> 183	
<211> 470	
<212> ADN	
<213> nilaparvata lugens	
<400> 183	
atgatggcgg ctctcaagga ccagagcaaa tcgaaaggac ccaacttcac cgtaaacaag	60
aaaacagact tgaacatgac gtcagctcaa atggaaagga acaagactaa ggagcagctg	120
gaggaggaga agaagatctc tctgtcgttc cgcacatcaag ccggttgccat cgagaacatg	180
agcatcaacg cactgcgcgc caaggcccag gaactgtggg actgcatcgt caagctcgaa	240
actgagaagt acgatctgga ggaacgccag aagaggcagg actacgatct caaagaattg	300
aaagaaagac aaaagcaaca gctgaggcat aaagccctca aaaaaaggct agaccctgag	360
gctctcacag gaaagtaccc accaaaaatc caagttgcct ccaaatatga aagacgtgta	420
gatacaaggc catacgacga caagaagaag ctcttcgaag gtggctggga	470
<210> 184	
<211> 367	
<212> ADN	
<213> nilaparvata lugens	

ES 2 670 620 T3

<400> 184	
tgcccttcgac cgtgaaaggt ctggaagtat cccaacagac atggtcgccg acatcctcag	60
gctcatggga cagcctttca acaagaagat cctcgacgaa ctcatcgagg aagttgatgc	120
tgacaaatct ggccgtcttg agtttgacga attcgtgact ctggccgccca aattcattgt	180
tgaggaagac gatgaggcaa tgcagaagga attgaaggaa gctttcagat tatacgacaa	240
ggaaggtaac ggctacatcc ccacatcatg tctgaaggaa atcttaaggg aacttgacga	300
tcagctgaca aacgaggaac tcaacatgat gattgatgag atcgactctg acggatcagg	360
aactgtt	367
<210> 185	
<211> 204	
<212> ADN	
<213> nilaparvata lugens	
<400> 185	
acatcctcag gctcatggga cagcctttca acaagaagat cctcgacgaa cttattgagg	60
aggttgatgc tgacaagtct ggccgtctag agtttgacga attcgtgact ctggccgccca	120
aattcattgt tgaggaagac gatgaggcaa tgcagaagga attgaaggaa gctttcagat	180
tatacgacaa ggaaggtaac ggct	204
<210> 186	
<211> 221	
<212> ADN	
<213> nilaparvata lugens	
<400> 186	
cgtaaaaact ctgaccggca agaccatcac cttggaagtg gagccttccg ataccattga	60
aaacgtgaag gccaatatcc aagacaagga gggaattcct cccgaccagc agagacttat	120
cttcgctgga aagcaactgg aggatggcag aaccctgtcc gactacaaca tccaaaaaga	180
atctacactc cacttggttc tcagacttcg tgggtggaact a	221
<210> 187	
<211> 221	
<212> ADN	
<213> nilaparvata lugens	
<400> 187	
cgtaaaaact ctgaccggca agaccatcac cttggaagtg gagccttccg ataccattga	60
aaacgtgaag gccaatatcc aagacaagga gggaattcct cccgaccagc agagacttat	120
cttcgctgga aagcaactgg aggatggcag aaccctgtcc gactacaaca tccaaaaaga	180
atctacactc cacttggttc tcagacttcg tgggtggaact a	221
<210> 188	

ES 2 670 620 T3

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 188

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaag tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaaggg ccaagaagg 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 ttgacttg aaaggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaatctcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgag acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

<210> 189

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 189

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaag tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaaggg ccaagaagg 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 ttgacttg aaaggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaatctcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgag acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

<210> 190

ES 2 670 620 T3

<211> 759

<212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 190

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg 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 aaaggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaatctcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

<210> 191

<211> 759

<212> ADN

<213> *Acyrtosiphon pisum*

<400> 191

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg 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 aaaggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa acaaatctcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

<210> 192

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 192

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg ccaagaaggg ttcatgacc	120
ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag	180
aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcgacaa	240
ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg	300
aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa ttgacttg aaaggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggttcc caaatacgaa acaaatctcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

<210> 193

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 193

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg ccaagaaggg ttcatgacc	120
ccagacagaa agaagaaact ccgtctgttg ttgaaaaaaa aggcggccga agagttgaag	180
aaagaacaag aacgcaaagc tgccgaacga aggcggatca tcgaagagcg gtgcgacaa	240
ccgaagaaca tcgacgacgc cggcgaagag gagcttgccg aaatctgcga agaactatgg	300
aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa ttgacttg aaaggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggttcc caaatacgaa acaaatctcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

ES 2 670 620 T3

<210> 194

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 194

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg ccaagaaggg ttcatgacc	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 ttgacttg aaagggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggttcc caaatacgaa aacaaattcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaa gaaggcgaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata	720
ctcgaaccag aaccgtggt tgaaccgaa ccagaacca	759

<210> 195

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 195

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa	60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg ccaagaaggg ttcatgacc	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 ttgacttg aaagggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggttcc caaatacgaa aacaaattcg caaaactcca aaagaaagcg	480

ES 2 670 620 T3

gcggagttca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgaa 540
 gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaagggcgaa 600
 ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc 660
 gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720
 ctcgaaccag aaccctgtgt tgaacccgaa ccagaacca 759

<210> 196

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 196

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaag tgcaccgcaa gagggccgaa 60
 gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg 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 aaaggatat caggatgaaa 360
 gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420
 ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa aacaaattcg 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 cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720
 ctcgaaccag aaccctgtgt tgaacccgaa ccagaacca 759

<210> 197

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 197

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaag tgcaccgcaa gagggccgaa 60
 gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg 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 aaaggatat caggatgaaa 360

ES 2 670 620 T3

gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420
ccaacattga agaagggttc caaatacgaa aacaaattcg 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 cgggcgatct aacggacgag acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720
ctcgaaccag aaccctgtgt tgaaccggaa ccagaacca 759

<210> 198

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 198

atggccgacg atgaagctaa gaaagcaaaa caggcggaaa tcgaccgcaa gagggccgaa 60
gtgcgcaagc gtatggaaga ggcgtccaag gccagaagg 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 ttgacttg aaagggatat caggatgaaa 360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa 420
ccaacattga agaagggttc caaatacgaa aacaaattcg 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 cgggcgatct aacggacgag acggaagacg cgcagagcga caacgagata 720
ctcgaaccag aaccctgtgt tgaaccggaa ccagaacca 759

<210> 199

<211> 759

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 199

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

ES 2 670 620 T3

aaacgggttt acaccgtaga gggcataaaa tttgacttgg aaagggatat caggatgaaa	360
gttttcgaga tcagcgaatt gaacagccaa gtcaatgact tacgaggaaa attcgtcaaa	420
ccaacattga agaaggtttc caaatacgaa aacaaattcg caaaactcca aaagaaagcg	480
gcggagtcca acttcagaaa ccaactgaaa gtagtgaaga aaaaggagtt caccttgga	540
gaagaagaca aagagaaaaa acccgattgg tccaaaaagg gagacgaaaa gaaggcgcaa	600
ggagaagacg gcgacggtac cgaagacgaa aagaccgacg acggtttgac caccgaaggc	660
gaatcggtcg cgggcgatct aacggacgcg acggaagacg cgagagcgca caacgagata	720
ctcgaaccag aaccctggtg tgaacccgaa ccagaacca	759

<210> 200

<211> 541

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 200

cggtaatgcg atgcggtaa aagaaggtat ggttgatcc aaacgaaata aatgaaattg	60
ccaacaccaa ttccagacaa aatattcgta agttgatcaa agatggtttg atcattaaaa	120
agccagtagc tgtactactct 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 ggagagaag gcccgtgcca	420
agatgttgag tgatcaagct gaagctagac gtcaaaagggt taaggaaagct aggaacgta	480
aagaagcaag atttttacaa aataggaagg aacttttggc tgcatacgcc cgagaagatg	540
a	541

<210> 201

<211> 541

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 201

cggtaatgcg atgcggtaa aagaaggtat ggttgatcc aaacgaaata aatgaaattg	60
ccaacaccaa ttccagacaa aatattcgta agttgatcaa agatggtttg atcattaaaa	120
agccagtagc tgtactactct 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

ES 2 670 620 T3

agaacaaacg tgtattgatg gagttcatcc acaaaaagaa ggcagagaag gcccgtgcca	420
agatgttgag tgatcaagct gaagctagac gtcaaaaggt taaggaaagct aggaaacgta	480
aagaagcaag atttttacaa aataggaagg aacttttggc tgcatacgcc cgagaagatg	540
a	541
<210> 202	
<211> 823	
<212> ADN	
<213> Acyrthosiphon pisum	
<400> 202	
gttgtagtcg gaaagggtag gtccgtcttc aagttgtttt ccggcaaaga tcaaacgttg	60
ttggctctggt gggatacctt ctttgtcttg gatcttggct tttacatttt caatggaatc	120
agatgattcc acctccaatg taatggtctt tccagtgaag gtctttacaa agatttgcat	180
accaccacgg agacgcaaca ctaagtgaag ggtagattct ttctggatgt tgtagtcaga	240
aagtgtgctg ccgtcttcaa gttgctttcc ggcaaagatc aaacgttggt ggtcaggtgg	300
aataccttct ttgtcttgga tcttagcttt tacattttca atggaatctg atgactcaac	360
ttccaatgta atggctcttc cagtgagggg ctttaciaaag atttgcatat caccacggag	420
acgcaacact aagtgaaggg tagattcttt ctggatgttg tagtcggaaa gggtacgtcc	480
gtcttcaagt tgctttccgg caaagatcaa acgttggttg tctggtggga taccttcttt	540
gtcttggatc ttggctttta cattttcaat ggaatcagat gattccacct ccaatgtaat	600
ggtctttcca gtgagggctt ttacaaagat ttgcatacca ccacggagac gcaacactaa	660
gtgaagggta gattctttct ggatgttgta gtcggaaagg gtacgtccgt cttcaagttg	720
ctttccagca aagatcaaac gttgctggtc tgggtgggata ccttccttgt cttggatctt	780
ggccttaaca ttttcaatgg aatctgatga ctcaacttcc aaa	823
<210> 203	
<211> 823	
<212> ADN	
<213> Acyrthosiphon pisum	
<400> 203	
gttgtagtcg gaaagggtag gtccgtcttc aagttgtttt ccggcaaaga tcaaacgttg	60
ttggctctggt gggatacctt ctttgtcttg gatcttggct tttacatttt caatggaatc	120
agatgattcc acctccaatg taatggtctt tccagtgaag gtctttacaa agatttgcat	180
accaccacgg agacgcaaca ctaagtgaag ggtagattct ttctggatgt tgtagtcaga	240
aagtgtgctg ccgtcttcaa gttgctttcc ggcaaagatc aaacgttggt ggtcaggtgg	300
aataccttct ttgtcttgga tcttagcttt tacattttca atggaatctg atgactcaac	360
ttccaatgta atggctcttc cagtgagggg ctttaciaaag atttgcatat caccacggag	420

ES 2 670 620 T3

acgcaacact aagtgaagg tagattcttt ctggatgttg tagtcggaaa gggtagctcc 480
gtcttcaagt tgctttccgg caaagatcaa acgttggttg tctggtggga taccttcttt 540
gtcttggatc ttggctttta cattttcaat ggaatcagat gattccacct ccaatgtaat 600
ggcttttcca gtgagggtct ttacaaagat ttgcatacca ccacggagac gcaacactaa 660
gtgaagggtg gattctttct ggatgttgta gtcggaaagg gtacgtccgt cttcaagttg 720
ctttccagca aagatcaaac gttgctggtc tgggtgggata ccttccttgt cttggatctt 780
ggccttaaca ttttcaatgg aatctgatga ctcaacttcc aaa 823

<210> 204

<211> 172

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 204

aagacttgct tcatactact gcaattgaag aacgcaggaa acacaaatta aagcgccttg 60
ttcaacaccc aaactctttt ttcatggatg tcaaagccc tggatgttat aaaattacaa 120
ctgtattcag tcacgctcag agtgtagtta tatgtaccgg atgttccaca at 172

<210> 205

<211> 172

<212> ADN

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 205

aagacttgct tcatactact gcaattgaag aacgcaggaa acacaaatta aagcgccttg 60
ttcaacaccc aaactctttt ttcatggatg tcaaagccc tggatgttat aaaattacaa 120
ctgtattcag tcacgctcag agtgtagtta tatgtaccgg atgttccaca at 172

<210> 206

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 206

cgaaccatct gggaagcttg gaatg 25

<210> 207

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador
 <400> 207
 gcagctggag gaagagaaac gtatc 25
 <210> 208
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 208
 gcgtaatacg actcactata ggcgaaccat ctgggaagct tggaatg 47
 <210> 209
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 209
 gcgtaatacg actcactata ggcagctgga ggaagagaaa cgtatc 46
 <210> 210
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 210
 agttcgagaa caccaggaag 20
 <210> 211
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 211
 cctgacacgt tgttccagct tg 22
 <210> 212

<211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 212
 gcgtaatacg actcactata ggaggagttc gagaacacca ggaag 45
 <210> 213
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 213
 gcgtaatacg actcactata ggcctgacac gttgttccag ctg 44
 <210> 214
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 214
 gcaggcgatg aagatggaga 20
 <210> 215
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 215
 ccacctcttt ctgcaacttc ttga 24
 <210> 216
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 216
 gcgtaatacg actcactata gggcaggcga tgaagatgga ga 42
 <210> 217
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 217
 gcgtaatacg actcactata ggccacctct ttctgcaact tcttga 46
 <210> 218
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 218
 cagaatccca cagaatctga cgtga 25
 <210> 219
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 219
 gcaagtggcg aagctcagct 20
 <210> 220
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 220
 gcgtaatacg actcactata ggcagaatcc cacagaatct gacgtga 47
 <210> 221

<211> 41
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 221
 gcgtaatacg actcactata ggcaagtggc gaagctcagc t 41
 <210> 222
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 222
 cgtgtttgcc atgttcgac a 21
 <210> 223
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 223
 ggtacatttc gtccacgtct tca 23
 <210> 224
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 224
 gcgtaatacg actcactata ggcgtgtttg ccatgttcga tca 43
 <210> 225
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 225
 gcgtaatacg actcactata ggtacatttc gtccacgtct tca 43
 <210> 226
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 226
 gacttgatct tcagccgacc att 23
 <210> 227
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 227
 ccattgccag ttcctcaact tca 23
 <210> 228
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 228
 gcgtaatacg actcactata ggacttgatc ttcagccgac catt 44
 <210> 229
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 229
 gcgtaatacg actcactata ggccattgcc agttcctcaa cttca 45
 <210> 230

<211> 21
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 230
 cgcaatgatc tcctccagga t 21
 <210> 231
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 231
 ggatcatcatc tccatgaact cgtc 24
 <210> 232
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 232
 gcgtaatacg actcactata ggcgcaatga tctcctccag gat 43
 <210> 233
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 233
 gcgtaatacg actcactata gggtcatcat ctccatgaac tcgtc 45
 <210> 234
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 234
 cgtcactaat cggactgggc taacag 26
 <210> 235
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 235
 ggatcatcatc tccatgaact cgtc 24
 <210> 236
 <211> 48
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 236
 gcgtaatacg actcactata ggcgtcacta atcggactgg tctaacag 48
 <210> 237
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 237
 gcgtaatacg actcactata gggtcatcat ctccatgaac tcgtc 45
 <210> 238
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 238
 ggtgaaggag ggtgcctgct cag 23
 <210> 239

<211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 239
 cagggtgaat agaacgaggt actcg 25
 <210> 240
 <211> 40
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 240
 aatacgactc actatagggc gctatgaaat tccaagcaca 40
 <210> 241
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 241
 gcgtaatacg actcactata ggcagggtga atagaacgag gtactcg 47
 <210> 242
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 242
 ctcaacgaag gtcttgtcag tggctttgg 29
 <210> 243
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 243
 ttcgcctggc ttcttcgtga 20
 <210> 244
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 244
 gcgtaatacg actcactata ggccacgccg acttaattca ttcc 44
 <210> 245
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 245
 gcgtaatacg actcactata ggttcgcctg gcttcttcgt ga 42
 <210> 246
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 246
 tgtcgatggc ggtcttaaca tc 22
 <210> 247
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 247
 tctccagctt ccactttctt gaga 24
 <210> 248

<211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 248
 gcgtaatacg actcactata ggtgtcgatg gcggtcttaa catc 44
 <210> 249
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 249
 gcgtaatacg actcactata ggtctccagc ttccactttc ttgaga 46
 <210> 250
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 250
 aacgtgcatt tcgcgtaccc 20
 <210> 251
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 251
 tgatgggcat aactggcagg 20
 <210> 252
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 252
 gcgtaatacg actcactata ggaacgtgca tttcgcgtac cc 42
 <210> 253
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 253
 gcgtaatacg actcactata ggtgatgggc ataactggca gg 42
 <210> 254
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 254
 ccttattgaa cgtggctgac ag 22
 <210> 255
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 255
 ctgatgtagt ccttgaggag 20
 <210> 256
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 256
 gcgtaatacg actcactata ggccttattg aacgtggctg acag 44
 <210> 257

<211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 257
 gcgtaatacg actcactata ggctgatgta gtccttgagg ag 42
 <210> 258
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 258
 gtacggacgg gtagtttagt tgtgtc 26
 <210> 259
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 259
 ttgccaagtg ccaagtcacg 20
 <210> 260
 <211> 48
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 260
 gcgtaatacg actcactata gggtacggac gggtagttta gttgtgtc 48
 <210> 261
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 261
 gcgtaatacg actcactata ggttgccaag tgccaagtca cg 42
 <210> 262
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 262
 ctgttgcgcg ctggtcatat cc 22
 <210> 263
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 263
 taacgtaacg catcgccacc 20
 <210> 264
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 264
 gcgtaatacg actcactata ggctgttgc ggctgggtcat atcc 44
 <210> 265
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 265
 gcgtaatacg actcactata ggtaacgtaa cgcacgcgca cc 42
 <210> 266

<211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 266
 agccctcatc cgtgatttg 20
 <210> 267
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 267
 gatccggcct caatttgacg 20
 <210> 268
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 268
 gcgtaatacg actcactata ggagccctca tccgtgattt gg 42
 <210> 269
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 269
 gcgtaatacg actcactata gggatccggc ctcaatttga cg 42
 <210> 270
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 270
 acgttttctct gctcattcgt gc 22
 <210> 271
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 271
 cttgtacaaa gtgtgcaggg 20
 <210> 272
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 272
 gcgtaatacg actcactata ggacgtttct ctgctcattc gtgc 44
 <210> 273
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 273
 gcgtaatacg actcactata ggcttgtaca aagtgtgcag gg 42
 <210> 274
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 274
 ggttttcttc ttgccgaat cg 22
 <210> 275

<211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 275
 tttggggttc ggcttggtg 20
 <210> 276
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 276
 gcgtaatacg actcactata ggggttttct tcttgcccga atcg 44
 <210> 277
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 277
 gcgtaatacg actcactata ggtttggggt tcggcttggt tg 42
 <210> 278
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 278
 tcagcgagat ccctaagaca acg 23
 <210> 279
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 279
 ccccatgt tgatgacgca 20
 <210> 280
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 280
 gcgtaatacg actcactata ggtcagcgag atccctaaga caacg 45
 <210> 281
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 281
 gcgtaatacg actcactata ggccccacat gttgatgacg ca 42
 <210> 282
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 282
 ggtttatgac ccctgagagg aag 23
 <210> 283
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 283
 ctccagggtg aactccttct tc 22
 <210> 284

<211> 43
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 284
 gcgtaatacg actcactata ggtttatgac ccctgagagg aag 43
 <210> 285
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 285
 gcgtaatacg actcactata ggctccaggg tgaactcctt cttc 44
 <210> 286
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 286
 caaggaccag aacaagaaca aggg 24
 <210> 287
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 287
 gacgttcata tttggaggct acttgg 26
 <210> 288
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 288
 gcgtaatacg actcactata ggcaaggacc agaacaagaa caaggg 46
 <210> 289
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 289
 gcgtaatacg actcactata ggacgttcat atttggaggc tacttgg 47
 <210> 290
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 290
 aatctcgtac actgttggaa caagc 25
 <210> 291
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 291
 ggttcttacg gtcttcttca gcttg 25
 <210> 292
 <211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 292
 gcgtaatacg actcactata ggaatctcgt acactgttgg aacaagc 47
 <210> 293

<211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 293
 gcgtaatacg actcactata ggttcttacg gtcttcttca gcttg 45
 <210> 294
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 294
 aagaagaagc tcagggtgtt gc 22
 <210> 295
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 295
 tcattcacct ggctgttgag 20
 <210> 296
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 296
 gcgtaatacg actcactata ggaagaagaa gctcagggtg ttgc 44
 <210> 297
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 297
 gcgtaatacg actcactata ggctattcac ctggctgttg ag 42
 <210> 298
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 298
 acatcctcag gctcatggga 20
 <210> 299
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 299
 agccgttacc ttccttgtcg 20
 <210> 300
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 300
 gcgtaatacg actcactata ggacatcctc aggctcatgg ga 42
 <210> 301
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 301
 gcgtaatacg actcactata ggagccgta ccttccttgt cg 42
 <210> 302

<211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 302
 acatcctcag gctcatggga 20
 <210> 303
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 303
 agccgttacc ttccttgtcg 20
 <210> 304
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 304
 gcgtaatacg actcactata ggacatcctc aggctcatgg ga 42
 <210> 305
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 305
 gcgtaatacg actcactata ggagccgta ccttccttgt cg 42
 <210> 306
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 306
 cgtaaaaact ctgaccggca agac 24
 <210> 307
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 307
 tagttccacc acgaagtctg agaacc 26
 <210> 308
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 308
 gcgtaatacg actcactata ggcgtaaaaa ctctgaccgg caagac 46
 <210> 309
 <211> 48
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 309
 gcgtaatacg actcactata ggtagttcca ccacgaagtc tgagaacc 48
 <210> 310
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 310
 atggccgacg atgaagctaa g 21
 <210> 311

<211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 311
 tggttgtggt tctggttcgg 20
 <210> 312
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 312
 gcgtaatacg actcactata ggatggccga cgatgaagct aag 43
 <210> 313
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 313
 gcgtaatacg actcactata ggtggttctg gttcgggttc aa 42
 <210> 314
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 314
 cggtaatgcg atgcgtaag 20
 <210> 315
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 315
 tcatcttctc gggcgtatgc 20
 <210> 316
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 316
 gcgtaatacg actcactata ggcggtaatg cgatgcggtta ag 42
 <210> 317
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 317
 gcgtaatacg actcactata ggtcatcttc tcgggcgtat gc 42
 <210> 318
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 318
 tttggaagtt gagtcatcag attcc 25
 <210> 319
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 319
 gttgtagtcg gaaagggtac gtcc 24
 <210> 320

<211> 47
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 320
 gcgtaatacg actcactata ggtttggaag ttgagtcac agattcc 47
 <210> 321
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 321
 gcgtaatacg actcactata gggttgtagt cggaaagggt acgtcc 46
 <210> 322
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 322
 aagacttgct tcacctact gca 23
 <210> 323
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 323
 attgtggaac atccgtaca 20
 <210> 324
 <211> 45
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>

<223> Cebador

<400> 324

gcgtaatacg actcactata ggaagacttg cttcatccta ctgca 45

<210> 325

<211> 42

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 325

gcgtaatacg actcactata ggattgtgga acatccggta ca 42

<210> 326

<211> 424

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<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 2 670 620 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 2 670 620 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

<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 2 670 620 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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 328

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

ES 2 670 620 T3

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

<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

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

ES 2 670 620 T3

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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 330

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 2 670 620 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 Glu Ala Glu Glu Glu Glu
355 360 365

Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu
370 375 380

<210> 331

<211> 1689

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 331

ES 2 670 620 T3

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

ES 2 670 620 T3

210		215		220
Asn Phe Thr Asn Glu Lys Leu Gln Gln Phe Phe Asn His His Met Phe				
225		230		235 240
Val Leu Glu Gln Glu Glu Tyr Lys Arg Glu Gly Ile Asn Trp Ala Phe				
		245		250 255
Ile Asp Phe Gly Met Asp Leu Leu Ala Cys Ile Glu Leu Ile Glu Lys				
		260		265 270
Pro Met Gly Ile Leu Ser Ile Leu Glu Glu Glu Ser Met Phe Pro Lys				
		275		280 285
Ala Thr Asp Lys Thr Phe Glu Asp Lys Leu Ile Thr Asn His Leu Gly				
		290		295 300
Lys Ser Pro Asn Phe Arg Lys Pro Ala Val Pro Lys Pro Gly Gln Gln				
		305		310 315 320
Ala Gly His Phe Ala Ile Ala His Tyr Ala Gly Cys Val Ser Tyr Asn				
		325		330 335
Ile Thr Gly Trp Leu Glu Lys Asn Lys Asp Pro Leu Asn Asp Thr Val				
		340		345 350
Val Asp Gln Tyr Lys Lys Gly Thr Asn Lys Leu Leu Cys Glu Ile Phe				
		355		360 365
Ala Asp His Pro Gly Gln Ser Gly Ala Pro Gly Gly Asp Ala Gly Gly				
		370		375 380
Lys Gly Gly Arg Gly Lys Lys Gly Gly Gly Phe Ala Thr Val Ser Ser				
		385		390 395 400
Ser Tyr Lys Glu Gln Leu Asn Asn Leu Met Thr Thr Leu Lys Ser Thr				
		405		410 415
Gln Pro His Phe Val Arg Cys Ile Ile Pro Asn Glu Leu Lys Gln Pro				
		420		425 430
Gly Val Ile Asp Ser His Leu Val Met His Gln Leu Thr Cys Asn Gly				
		435		440 445
Val Leu Glu Gly Ile Arg Ile Cys Arg Lys Gly Phe Pro Asn Arg Met				
		450		455 460

ES 2 670 620 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 2 670 620 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 2 670 620 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 2 670 620 T3

1205	1210	1215
Ser Gln 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 2 670 620 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

<211> 256

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

ES 2 670 620 T3

<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

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

ES 2 670 620 T3

<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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 334

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

ES 2 670 620 T3

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

<211> 1881

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 335

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 2 670 620 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 2 670 620 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 2 670 620 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 2 670 620 T3

850	855	860
Glu Glu Gln Leu Glu Glu Glu Gly Ala Arg Gln Lys Leu Gln Leu		
865	870	875 880
Glu Lys Val Gln Ile Glu Ala Arg Leu Lys Lys Met Glu Glu Asp Leu		
	885	890 895
Ala Leu Ala Glu Asp Thr Asn Thr Lys Val Val Lys Glu Lys Lys Val		
	900	905 910
Leu Glu Glu Arg Ala Ser Asp Leu Ala Gln Thr Leu Ala Glu Glu Glu		
	915	920 925
Glu Lys Ala Lys His Leu Ala Lys Leu Lys Thr Lys His Glu Thr Thr		
	930	935 940
Ile Ala Glu Leu Glu Glu Arg Leu Leu Lys Asp Asn Gln Gln Arg Gln		
945	950	955 960
Glu Met Asp Arg Asn Lys Arg Lys Ile Glu Ser Glu Val Asn Asp Leu		
	965	970 975
Lys Glu Gln Ile Asn Glu Lys Lys Val Gln Val Glu Glu Leu Gln Leu		
	980	985 990
Gln Leu Gly Lys Arg Glu Glu Glu Ile Ala Gln Ala Leu Met Arg Ile		
	995	1000 1005
Asp Glu Glu Gly Ala Gly Lys Ala Gln Thr Gln Lys Ala Leu Arg		
1010	1015	1020
Glu Leu Glu Ser Gln Leu Ala Glu Leu Gln Glu Asp Leu Glu Ala		
1025	1030	1035
Glu Lys Ala Ala Arg Ala Lys Ala Glu Lys Gln Lys Arg Asp Leu		
1040	1045	1050
Asn Glu Glu Leu Glu Ser Leu Lys Asn Glu Leu Leu Asp Ser Leu		
1055	1060	1065
Asp Thr Thr Ala Ala Gln Gln Glu Leu Arg Thr Lys Arg Glu His		
1070	1075	1080
Glu Leu Ala Thr Leu Lys Lys Thr Leu Glu Glu Glu Thr His Ile		
1085	1090	1095

ES 2 670 620 T3

His Glu 1100	Val Ser Leu Thr	Glu Met Arg His Lys His 1105 1110	Thr Gln Glu
Val Ala 1115	Ala Leu Asn Glu Gln	Leu Glu Gln Leu Lys 1120 1125	Lys Ala Lys
Ser Ala 1130	Leu Glu Lys Ser Lys	Ala Gln Leu Glu Gly 1135 1140	Glu Ala Ala
Glu Leu 1145	Ala Asn Glu Leu Glu	Thr Ala Gly Thr Ser 1150 1155	Lys Gly Glu
Ser Glu 1160	Arg Lys Arg Lys Gln	Ala Glu Ser Ser Leu 1165 1170	Gln Glu Leu
Ser Ser 1175	Arg Leu Leu Glu Met	Glu Arg Thr Lys Ala 1180 1185	Glu Leu Gln
Glu Arg 1190	Val Gln Lys Leu Ser	Ala Glu Ala Asp Ser 1195 1200	Val Asn Gln
Gln Leu 1205	Glu Ala Ala Glu Leu	Lys Ala Ser Ala Ala 1210 1215	Leu Lys Ala
Ser Gly 1220	Thr Leu Glu Thr Gln	Leu Gln Glu Ala Gln 1225 1230	Val Leu Leu
Glu Glu 1235	Glu Thr Arg Gln Lys	Leu Ser Leu Thr Thr 1240 1245	Lys Leu Lys
Gly Leu 1250	Glu Ser Glu Arg Asp	Ala Leu Lys Glu Gln 1255 1260	Leu Tyr Glu
Glu Asp 1265	Glu Gly Arg Lys Asn	Leu Glu Lys Gln Met 1270 1275	Ala Ile Leu
Asn Gln 1280	Gln Val Ala Glu Ser	Lys Lys Lys Ser Glu 1285 1290	Glu Glu Thr
Glu Lys 1295	Ile Thr Glu Leu Glu	Glu Ser Arg Lys Lys 1300 1305	Leu Leu Lys
Asp Ile 1310	Glu Ile Leu Gln Arg	Gln Val Glu Glu Leu 1315 1320	Gln Val Thr
Asn Asp 1325	Lys Leu Glu Lys Gly	Lys Lys Lys Leu Gln 1330 1335	Ser Glu Leu

ES 2 670 620 T3

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

ES 2 670 620 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 2 670 620 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

<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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 337

ES 2 670 620 T3

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

<210> 338

<211> 58

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 338

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

<213> Lygus hesperus

<400> 339

ES 2 670 620 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> 340
 <211> 131
 <212> PRT
 <213> Lygus hesperus
 <400> 340

ES 2 670 620 T3

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

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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 341

ES 2 670 620 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

<211> 134

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 342

ES 2 670 620 T3

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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 343

ES 2 670 620 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

<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

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

ES 2 670 620 T3

<212> PRT

<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

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

<212> PRT

ES 2 670 620 T3

<213> Lygus hesperus

<400> 346

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

<211> 159

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 347

ES 2 670 620 T3

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

<212> PRT

<213> Lygus hesperus

<400> 348

ES 2 670 620 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

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 349

ES 2 670 620 T3

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
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

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 350

ES 2 670 620 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
 115 120 125
 Lys Glu Arg Gln Lys Gln Gln Leu Arg His Lys Ala Leu Lys Lys Gly
 130 135 140
 Leu Asp Pro Glu Ala Leu Thr Gly Lys Tyr Pro Pro Lys Ile Gln Val
 145 150 155 160
 Ala Ser Lys Tyr Glu Arg Arg Val Asp Thr Arg Ser Tyr Gly Asp Lys
 165 170 175
 Lys Lys Leu Phe Glu Gly Gly Leu Glu Glu Ile Ile Lys Glu Thr Asn
 180 185 190
 Glu Lys Ser Trp Lys Glu Lys Phe Gly Gln Phe Asp Ser Arg Gln Lys
 195 200 205
 Ala Arg Leu Pro Lys Trp Phe Gly Glu Arg Pro Gly Lys Lys Pro Gly
 210 215 220
 Asp Pro Glu Thr Pro Glu Gly Glu Glu Glu Gly Lys Gln Val Ile Asp
 225 230 235 240
 Glu Asp Asp Asp Leu Lys Glu Pro Val Ile Glu Ala Glu Ile Glu Glu
 245 250 255
 Glu Glu Glu Glu Glu Glu Val Glu Val Asp Glu Glu Glu Glu Asp Asp
 260 265 270
 Glu Glu Glu Glu Glu Glu
 275

ES 2 670 620 T3

<210> 351

<211> 286

<212> PRT

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 351

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 2 670 620 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

<213> nilaparvata lugens

<400> 352

ES 2 670 620 T3

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

<212> PRT

<213> nilaparvata lugens

<400> 353

Met Met Ala Ala Leu Lys Asp Gln Ser Lys Ser Lys Gly Pro Asn Phe

ES 2 670 620 T3

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	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														
<211>	122														
<212>	PRT														
<213>	nilaparvata lugens														
<400>	354														
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

ES 2 670 620 T3

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

<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

<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 2 670 620 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

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 357

ES 2 670 620 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

<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 2 670 620 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
275

<210> 359

<211> 56

<212> PRT

<213> Acyrthosiphon pisum

<400> 359

ES 2 670 620 T3

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

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 360

atcatgcagg cgtacgcccg 20

<210> 361

<211> 19

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 361

cggagggggc gagatcact 19

<210> 362

<211> 62

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Amplicon

<400> 362

atcatgcagg cgtacgcccg agaagacgag gctgccgtca aaaagtgatc tcgccccctc 60

cg 62

<210> 363

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 363

tgtgttggct actggtggct ac 22

<210> 364

<211> 25

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 364

tcggatggaa ctggacaaat tcaag 25

<210> 365

<211> 137

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Amplicón

<400> 365

tgtgttggct actggtggct acggcagagc ttacttttca tgcacttcag ctcacacttg 60

cacgggagat ggccaagcaa tggtttcacg agctgggctt occaacgaag atcttgaatt 120

tgtccagttc catccga 137

<210> 366

<211> 21

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 366

gcaaccctg ttctcaaag c 21

<210> 367

<211> 28

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

ES 2 670 620 T3

<400> 367

tcaactcgta ttctcgact ttcaaacc 28

<210> 368

<211> 146

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Amplicón

<400> 368

gcaaccctgt ttctccaaag ccagatacac tgtcgatcc ttcggtatca ggcgtaacga 60

aaaaatcgcc gttcactgca ctgtcagggg cgccaaagca gaggaaattc tggagcgtgg 120

tttgaaagta cgagaatacg agttga 146

<210> 369

<211> 21

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 369

atggccgacg atgaagctaa g 21

<210> 370

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 370

tggttctggt tcgggttcaa 20

<210> 371

<211> 20

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 371

cggtaatgcg atgcgtaag 20

<210> 372
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 372
 tcatcttctc gggcgtatgc 20
 <210> 373
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 373
 tttggaagtt gagtcacag attcc 25
 <210> 374
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 374
 gttgtagtcg gaaagggtac gtcc 24
 <210> 375
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 375
 attgtggaac atccggtaca 20
 <210> 376
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Artificial

<220>
 <223> Cebador
 <400> 376
 aagacttgct tcatcctact gca 23
 <210> 377
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (20)..(20)
 <223> n es a, c, g, o t
 <400> 377
 ccaagaaggc caagaagggn ttyatgac 28
 <210> 378
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 378
 tcctcctcca gggatgaactc ytytytyt 29
 <210> 379
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (21)..(21)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature

<222> (24)..(24)
 <223> n es a, c, g, o t
 <400> 379
 gccagaagg gcttcatgac nccnga 26
 <210> 380
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 380
 gaagttgaac tcggcggcyt tyttytg 27
 <210> 381
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (24)..(24)
 <223> n es a, c, g, o t
 <400> 381
 ctggaggagg ccgagaaraa rmgnca 26
 <210> 382
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (14)..(14)
 <223> n es a, c, g, o t
 <400> 382
 tgccgggccg ctcnccraac ca 22

<210> 383
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (20)..(20)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (23)..(23)
 <223> n es a, c, g, o t
 <400> 383
 agatcgccat cctgaggaan gcnttyra 28
 <210> 384
 <211> 31
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 384
 cggatcatcat ctccatgaac tcrtcraart c 31
 <210> 385
 <211> 170
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Intrón
 <400> 385
 tctagaaggt aagtgtacac actacatttt catgaacatt attgcgaccg ttgagattct 60
 cattgttttg tgattgatta tctaaagtag aagcatgaat agatataaca taaactagta 120
 actaatgggt tagttatggg tataacttcat gcttttctct caggctcgag 170
 <210> 386
 <211> 521

ES 2 670 620 T3

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 386

tcgatttttc atttttcttt tattatttgg agtgggcctg ttgtggctcg 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 attcagtga tttgacttcg 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

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 387

tatcgcgaaa aatatacaac ttacaaaatg aggaacacgt atgagttgag ccctaaagaa	60
gcagcaaatt tcaactcgtcg aaatttagca gatactcttc gaagcaggag tccatatcat	120
gttaatcttc tcttggtggtg atatgacaag aaagacgggg ctgagttgta ttacatggat	180
tatctagcgt ctgttgctag tgttgattac gctgcccattg gatacggagg atatttctcc	240
ctttccataa tggatcgcaa ttatttgaaa accctgtcga aagatcaagg atacgaactt	300
ctgaaggaat gtgttaaaga agttcaaaag agacttgcta taaatttacc aaatttcaa	360
gttcaggtta ttgataaaga tggattaag gatatgccta atataacttc aaaaggtttg	420
aattgattaa gcaacttcag tttcagattt ttttctaaat aaacatttaa agtgt	475

<210> 388

<211> 467

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 388

ES 2 670 620 T3

gcggggactg gatacatctc taaaacacag aaaaatgaaa ttcttcaagt caggaatata 60
 ttctgttgta tttttggcaa ttatatcttc tttggctcact gaggaagtgg aaggctgaag 120
 gactatttta agagggcgta aaacactgac gagaacctat tttcgtgaca atgcagtccc 180
 agcatacgtc atagtgtac tcgttggaat aggagaaatc attttgggag ctatcctgta 240
 tgttataatg aggaaaacga taatagattt tcctttatca gggagttacg cagtggcccc 300
 tactcaagaa gcataaatcc cattgaaatt gtgactgttt actttctttg gaaaaatgtg 360
 tataataaat acaattcatt tataatatct atatttggaa cttaaaatac ttacaaaatt 420
 accatttaca tgatcaaata actaataaag ttctgtctca attataa 467

<210> 389

<211> 906

<212> ADN

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 389

ggattggaag taaaaatata caattcatgc tgtagctgta gtgtaaaaac tgaactgaaa 60
 gccataaat aaagaccttg caagaacat gtccaagatt aatgaggtgt ctaatttgta 120
 caaacaactg aaatcagaat ggaacacatc caatccaaat ttaagcaaat gtgaaaagct 180
 tttgtcagat ttgaagcttg agctaacaca cttaatgttc cttccaactt caaacgccac 240
 tgcttcaaaa caagaacttc ttctggcaag agatgttctg gaaattgggg tacaatggag 300
 tatagctgca aatgatatac ctgcctttga aagatacatg gcacagttga aatgttatta 360
 tttcgattat aagaatcaac ttcccgaatc ttctttcaaa tatcagttac tgggtctgaa 420
 tttactatct ttgttatcac aaaatagagt ggcagagttc cacacagaat tagaattgtt 480
 gcctgctgac cacattcaga atgatgtata catcaggcac cctccatcta ttgaacagta 540
 ccttatggaa ggaagttata ataagatatt tctggcaaag ggaaatgtcc cagcaacaaa 600
 ttacaatttt tttatggata tacttctaga tactatcaga ggggagattg cagattgtct 660
 agagaaagca tatgaaaaaa tatcaattaa agatgttgct aggatgctat acttgggcag 720
 tgaagaatcg gccaaaggcct ttgtaacaaa gagtaagaca tggaaattag aaaaggacaa 780
 cttctttcac ttcacgcccg aggttaaaaa gacacatgag ccaattctat ccaaagaatt 840
 ggcacaacaa gctattgaat atgcaaaaaga actggaaatg attgtttaa gtaataaagt 900
 ttttca 906

<210> 390

<211> 135

<212> PRT

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 390

ES 2 670 620 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

<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 2 670 620 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

<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

<212> PRT

<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 393

ES 2 670 620 T3

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

Glu Tyr Ala Lys Glu Leu Glu Met Ile Val
260 265

<210> 394

<211> 750

<212> ADN

ES 2 670 620 T3

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 394

```
cgcccagcag tggatatcaac 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 aaggagttat ggtaggaatg ggccaaaagg      300
actcgtatgt aggagatgaa gcccaaagca aaagaggtat ccttaccttg aaatacccca      360
ttgaacacgg tattgtcaca aactgggatg atatggagaa aatctggcac cataccttct      420
acaatgaact tcgagttgcc cccgaagagc accctgtttt gttgacagag gcaccattga      480
accccaaagc caacagggag aagatgacct agatcatgtt 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

<211> 204

<212> PRT

<213> Leptinotarsa decemlineata

<400> 395

```
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
```

ES 2 670 620 T3

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

<211> 44

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 396

gcgtaatacg actcactata ggatgtgtga cgaagaggtt gccg 44

<210> 397

<211> 24

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 397

gtcaacaaaa cagggtgctc ttcg 24

<210> 398

<211> 22

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

ES 2 670 620 T3

<223> Cebador
 <400> 398
 atgtgtgacg aagaggttgc cg 22
 <210> 399
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 399
 gcgtaatacg actcactata gggtaacaa aacagggtgc tcttcg 46
 <210> 400
 <211> 320
 <212> ADN
 <213> Leptinotarsa decemlineata
 <400> 400
 atgtgtgacg aagaggttgc cgcattagtc gtagacaatg gatctggtat gtgcaaagct 60
 ggatttgctg gggatgatgc cccccgtgca gttttcccat ccattgttgg tcgtccaaga 120
 catcaaggag ttatggtagg aatgggccaa aaggactcgt atgtaggaga tgaagcccaa 180
 agcaaaagag gtatccttac cttgaaatac cccattgaac acggtattgt cacaaactgg 240
 gatgatattg agaaaatctg gcaccatacc ttctacaatg aacttcgagt tgcccccgaa 300
 gagcaccctg ttttgttgac 320
 <210> 401
 <211> 1152
 <212> ADN
 <213> Artificial
 <220>
 <223> Horquilla
 <400> 401

ES 2 670 620 T3

tgacgacctt gagttggttt ctgaagttga actcggcagc cttcttctgg agcttggcga	60
atttgttttc gtacttgga acctttttca aggtaggttt gacgaattta ccacggaggt	120
cgttgacctg gctgttgagg tcggcgatct caaggtcacg tctctccact tcgaattcga	180
tgtcaatttt actcctctcc agagcgtcaa ttcgcttatg gtagtctgtg cagagtttct	240
tcaaggttgc ttcatgtggc ttgtcgacgt cggcaatttg cccgcagcgc tcctcaatcg	300
ttcgctcctc ctacagctgct ttgcgttcct gctccttctt cagttcctca gcggcttttt	360
tcctcagcag gagtcggagt ttcttcttcc tttccggggt catgaaaccc ttcttggctt	420
tcttcgcctt agaggcttcc tccatcctct tgcgcacttc agcgcgcttc ctctcgattt	480
cggcctgttt gtctagaagg taagtgtaca cactacattt tcatgaacat tattgcgacc	540
gttgagattc tcattgtttg gtgattgatt atctaaagta gaagcatgaa tagatataac	600
ataaactagt aactaatggg ttagttatgg gtataacttca tgcttttctc tcaggctcga	660
gcaaacaggc cgaaatcgag aggaagcgcg ctgaagtgcg caagaggatg gaggaagcct	720
ctaaggcgaa gaaagccaag aagggtttca tgaccccgga aaggaagaag aaactccgac	780
tcctgctgag gaaaaaagcc gctgaggaac tgaagaagga gcaggaacgc aaagcagctg	840
agaggaggcg aacgattgag gagcgtgcg ggcaaattgc cgacgtcgac aacgccaatg	900
aagcaacctt gaagaaactc tgcacagact accataagcg aattgacgct ctggagagga	960
gtaaaattga catcgaattc gaagtggaga gacgtgacct tgagatcgcc gacctcaaca	1020
gccagggtcaa cgacctccgt ggtaaattcg tcaaacctac cttgaaaaag gtttccaagt	1080
acgaaaacaa attcgccaag ctccagaaga aggctgccga gttcaacttc agaaaccaac	1140
tcaaggtcgt ca	1152
<210> 402	
<211> 1192	
<212> ADN	
<213> Artificial	
<220>	
<223> Horquilla	
<400> 402	

ES 2 670 620 T3

ctcttgcttc ttggtggcga tcctctcctc gcgcctcttc ttgcctcct tgaccttgag	60
acgtctcgcc tctgcctggt ccttcaacat ctttgatctc gccttttcag ccttcttctt	120
gtgaatgaag tocatcagta ccctcttggt tttgaagacg ttacctttgg ctttcatgta	180
aaggtcgtgg tacatttgcc tatcgatctt cttggcttct ctgtattttt taaggagccg	240
tcgcaggact ctcatctctg tgaccacacag gaccttcaca ggcattctgg cgttggcggg	300
acccttcctc ttaccgaagc cacagtgcg acccttccgt ctggcttctg tgtttttacg	360
gacgctgggt ctggagtggg cagccacagg ctttttgatg atcaaaccat ccttgatcag	420
cttacggatg ttttgcctag agttggtgtt ggcgatttcg ttgatttcat tagggccaa	480
ccacactttc ttcttgccgc atctcatcac ctctagaagg taagtgtaca cactacattt	540
tcatgaacat tattgcgacc gttgagattc tcattgtttg gtgattgatt atctaaagta	600
gaagcatgaa tagatataac ataaactagt aactaatggg ttagttatgg gtatacttca	660
tgcttttctc tcaggctcga gggatgatg atgctggcaag aagaaagtgt ggttggacct	720
taatgaaatc aacgaaatcg ccaacaccaa ctctaggcaa aacatccgta agctgatcaa	780
ggatgggttg atcatcaaaa agcctgtggc tgtccactcc agagcccgcg tccgtaaaaa	840
cacagaagcc agacggaagg gtcgtcactg tggcttcggt aagaggaagg gtaccgcaa	900
cgcagaatg cctgtgaagg tcctgtgggt caacagaatg agagtcctgc gacggctcct	960
taaaaaatac agagaagcca agaagatcga taggcaaagt taccacgacc tttacatgaa	1020
agccaaaggt aacgtcttca aaaacaagag ggtactgatg gacttcattc acaagaagaa	1080
ggctgaaaag gcgagatcaa agatgttgaa ggaccaggca gaggcgagac gtctcaaggt	1140
caaggaggcg aagaagagcg gcgaggagag gatcgccacc aagaagcaag ag	1192

<210> 403

<211> 792

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Horquilla

<400> 403

ES 2 670 620 T3

actctgtctg gcttttggct gtgacgcaca gttcatagag ataaccttca cccgaatatg	60
ccttgcgagg tcgcaaaaatc ggcgaaattc catacctgtt caccgacgac ggcgctggat	120
caattccaca gttttcgcga tccagactga atgccacag gccgtcgagt tttttgattt	180
cagatacgta cacttttccc ggcaataaca tacggcgta catcggcttc aaatggcgta	240
tagccgccct gatgctccat cacactttgc cgtaatgagt gaccgcatcg aaacgcagca	300
cgatacgctg gtctagaagg taagtgtaca cactacattt tcatgaacat tattgcgacc	360
gttgagattc tcattgtttg gtgattgatt atctaaagta gaagcatgaa tagatataac	420
ataaactagt aactaatggg ttagttatgg gtataacttca tgcttttctc tcaggctcga	480
gccagcgtat cgtgctgcgt ttcgatgcgg tcaactatta cggcaaagtg tgatggagca	540
tcagggcggc tatacgccat ttgaagccga tgtcacgccg tatgttattg ccgggaaaag	600
tgtacgtatc tgaaatcaaa aaactcgacg gcctgtgggc attcagctcg gatcgcgaaa	660
actgtggaat tgatccagcg ccgtcgtcgg tgaacaggta tggaatttcg ccgattttgc	720
gacctcgcaa ggcatttcg ggtgaagggt atctctatga actgtgcgtc acagccaaaa	780
gccagacaga gt	792
<210> 404	
<211> 839	
<212> ADN	
<213> leptinotarsa decemlineata	
<400> 404	
cagtcagcac cgagtccttg ttgactgctc acattttcca tcgtttctac cagaacaaca	60
gcaacaactt tcatcatggc ggacgacgag gaaaagagga ggaaacaagc ggaaattgaa	120
cgcaagaggg ctgaggtcag ggctcgcag gaagaggcct ccaaggccaa aaaagccaag	180
aaaggtttca tgaccttga gaggaagaag aaacttaggt tattgctgag aaagaaagca	240
gcagaagaac tgaaaaaaga acaagaacgc aaagctgccg aaaggcgtat tattgaagag	300
agatgcggaa aacccaaaact cattgatgag gcaaatgaag agcaggtgag gaactattgc	360
aagttatatc acggtagaat agctaaactg gaggaccaga aatttgattt ggaatacctt	420

gtcaaaaaga aagacatgga gatcgccgaa ttgaacagtc aagtcaacga cctcaggggt 480
aaattcgtca aaccctactct caagaaagta tccaaatacg agaacaaatt tgctaaactc 540
caaaagaaag cagcagaatt caatttccgt aatcaactga aagttgtaaa gaagaaggag 600
ttcaccctgg aggaggaaga caaagaaaag aagcccgatt ggtcgaagaa gggagacgaa 660
aagaaggtac aagaagtgga agcatgatct gtccctacaa tttaatatatt cccttcgtcc 720
gtggaaatatt tacaacttaa gatataattt tttatttcgc ttcttatgag actatgaaag 780
tgatgtctgc atgtatatta ttcgttttat gtatgtatta aaaaagaac ttgattgaa 839

<210> 405
<211> 203
<212> PRT
<213> leptinotarsa decemlineata

<400> 405

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

Lys Arg Ala Glu Val Arg Ala Arg Met Glu Glu Ala Ser Lys Ala Lys
20 25 30

Lys Ala Lys Lys Gly Phe Met Thr Pro Glu 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 Ile Ile Glu Glu Arg Cys Gly Lys Pro
65 70 75 80

Lys Leu Ile Asp Glu Ala Asn Glu Glu Gln Val Arg Asn Tyr Cys Lys
85 90 95

Leu Tyr His Gly Arg Ile Ala Lys Leu Glu Asp Gln Lys Phe Asp Leu
100 105 110

Glu Tyr Leu Val Lys Lys Lys Asp Met Glu Ile Ala Glu Leu Asn Ser
115 120 125

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

Val Ser Lys Tyr Glu Asn Lys Phe Ala Lys Leu Gln Lys Lys Ala Ala
145 150 155 160

Glu Phe Asn Phe Arg Asn Gln Leu Lys Val Val Lys Lys Lys Glu Phe
165 170 175

ES 2 670 620 T3

Thr	Leu	Glu	Glu	Glu	Asp	Lys	Glu	Lys	Lys	Pro	Asp	Trp	Ser	Lys	Lys
			180					185					190		

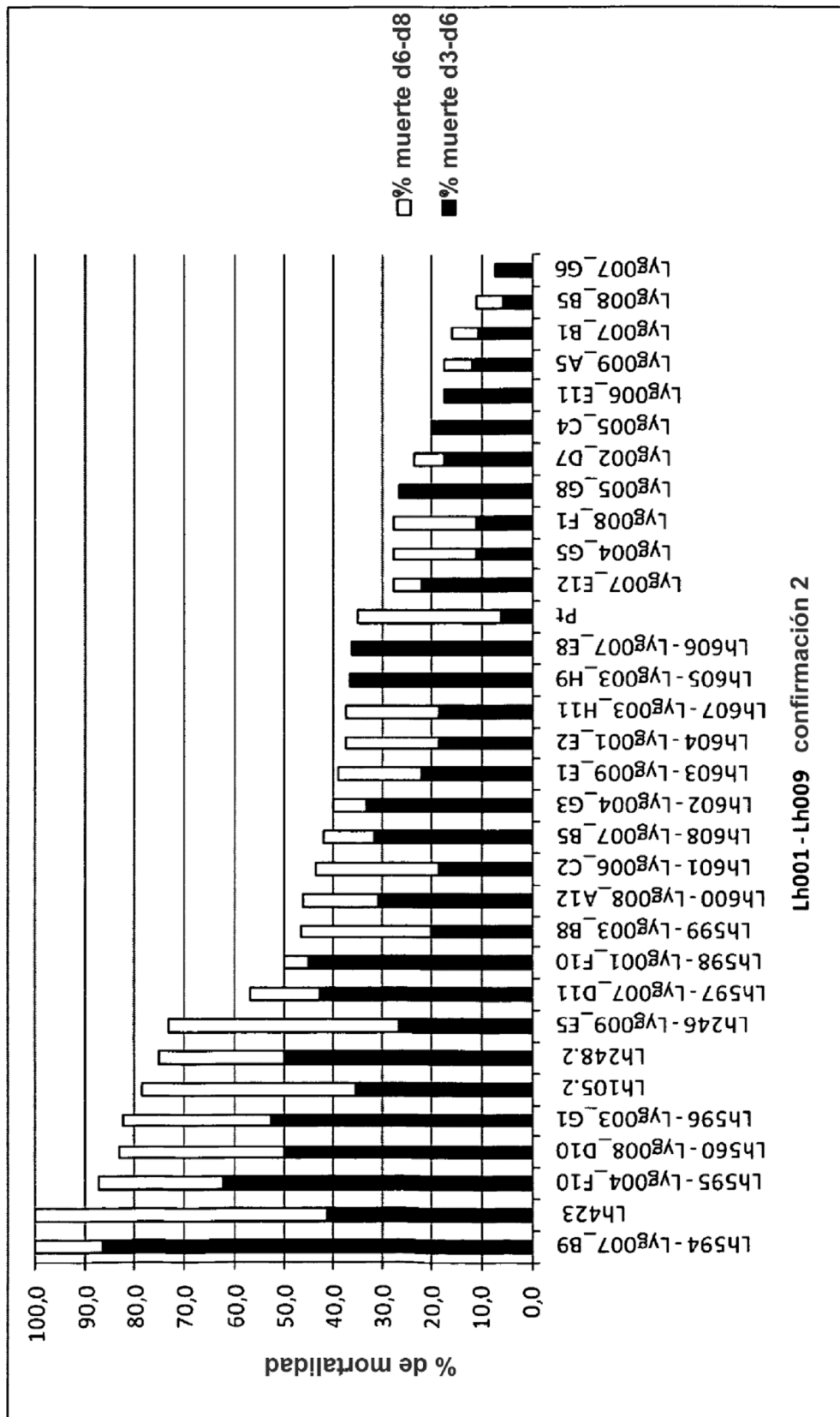
Gly	Asp	Glu	Lys	Lys	Val	Gln	Glu	Val	Glu	Ala
		195					200			

REIVINDICACIONES

1. 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 de insectos, en el que el ARN interferente comprende al menos un elemento silenciador en el que dicho 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 la SEQ ID NO: 389 o el complemento de la misma.
2. El ARN interferente de la reivindicación 1, en el que el ARN comprende al menos dos elementos silenciadores, en el 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. El ARN interferente de cualquiera de la reivindicaciones 1-2, en el que dicha especie de plaga de insectos es una plaga de plantas.
4. El ARN interferente de la reivindicación 3, en el que dicha plaga de plantas es una especie de plaga de insectos seleccionada de las especies de insectos que pertenecen a los órdenes *Coleoptera*, *Hemiptera*, *Lepidoptera*, *Diptera*, *Dichyoptera*, *Orthoptera* y *Siphonaptera*.
5. El ARN interferente de la reivindicación 4, en el que dicha plaga de plantas 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 norteno), *D. undecimpunctata howardi* (gusano de la raíz del maíz sureño), *D. virgifera zea* (gusano de la raíz del maíz mexicano)).
6. El ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que el gen diana codifica la proteína de partícula reguladora no ATP-asa 12.
7. El ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en el que la regulación por disminución de la expresión de dicho gen diana causa disminución del crecimiento, desarrollo, reproducción o supervivencia de dicha plaga en comparación con la especie de plaga expuesta a un ácido ribonucleico interferente dirigido a un gen no esencial o un ácido ribonucleico interferente que no regula por disminución ninguno de los genes dentro de dicha especie de plaga.
8. Un polinucleótido que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica el ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-7.
9. Una construcción de ADN que comprende el polinucleótido de la reivindicación 8.
10. La construcción de ADN de la reivindicación 9 que es una construcción de expresión, en la que dicha secuencia de nucleótidos que codifica dicho ARN interferente está unida de forma funcional a al menos una secuencia reguladora capaz de dirigir la expresión de dicha secuencia de nucleótidos.
11. Una célula hospedadora que comprende un ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-7, el polinucleótido de la reivindicación 8 o la construcción de ADN de la reivindicación 9 o 10.
12. La célula hospedadora de la reivindicación 11 que es una célula procariota o eucariota.
13. La célula hospedadora de la reivindicación 12 en la que la célula hospedadora es una célula bacteriana.
14. Una composición para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de insectos que comprende al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-7 y al menos un portador, excipiente o diluyente adecuado.
15. La composición que comprende una célula hospedadora que expresa o es capaz de expresar el ARN interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-7.
16. La composición de la reivindicación 15 en la que la célula hospedadora es una célula bacteriana.
17. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 14-16 en la que la composición se encuentra en forma sólida, líquida o de gel.
18. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 14-17 en la que la composición se formula como un aerosol insecticida.

19. La composición de la reivindicación 18 en la que el aerosol es un aerosol presurizado/aerosolizado o un aerosol con bomba.
20. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 14-19 en la que la composición comprende además al menos un agente pesticida seleccionado a partir del grupo que consiste en un insecticida químico, 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*.
21. La composición de la reivindicación 20, 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.
22. Una carcasa o trampa para una plaga de insectos que contiene una composición como se ha definido en cualquiera de las reivindicaciones 14-21.
23. Uso de una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 14-21 para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas.
24. Uso de una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 14-21 como pesticida para una planta o para propagación de material reproductor de una planta.
25. Una combinación para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas que comprende la composición de cualquiera de las reivindicaciones 14-21 y al menos otro agente activo.
26. La combinación de la reivindicación 25 para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de una planta en la que dicho otro agente activo comprende un herbicida.
27. La combinación de la reivindicación 26, en la que el herbicida 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.
28. Un método para regular por disminución la expresión de un gen diana en una especie de la plaga de insectos con el fin de prevenir y/o controlar la infestación por parte de la plaga, que comprende poner en contacto dicha especie de plaga con una cantidad eficaz de al menos un ácido ribonucleico (ARN) interferente de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-7.
29. El método de la reivindicación 28 en el que la regulación por disminución de la expresión de dicho gen diana en dicha especie de plaga de insectos se utiliza para obtener al menos un 20% de control de la plaga o al menos un 20% de mortalidad de la plaga, en comparación con el control de plagas de insectos puestas en contacto con un ácido ribonucleico (ARN) interferente dirigido a un gen de plaga no esencial o un gen diana no expresado en dicha plaga.
30. El método de la reivindicación 28 o 29 en el que el método se utiliza para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de una planta.
31. El método de la reivindicación 30, en el que la planta se elige del grupo que comprende algodón, patata, arroz, colza, girasol, sorgo, mijo, maíz, fresas, soja, alfalfa, tomate, berenjena, pimiento y tabaco.
32. Uso del ácido ribonucleico (ARN) interferente de cualquiera de las reivindicaciones 1-7, la construcción de ADN de la reivindicación 9 o la reivindicación 10, o la composición de cualquiera de las reivindicaciones 14-21 para prevenir y/o controlar la infestación por parte de plagas de insectos.

Figura 1



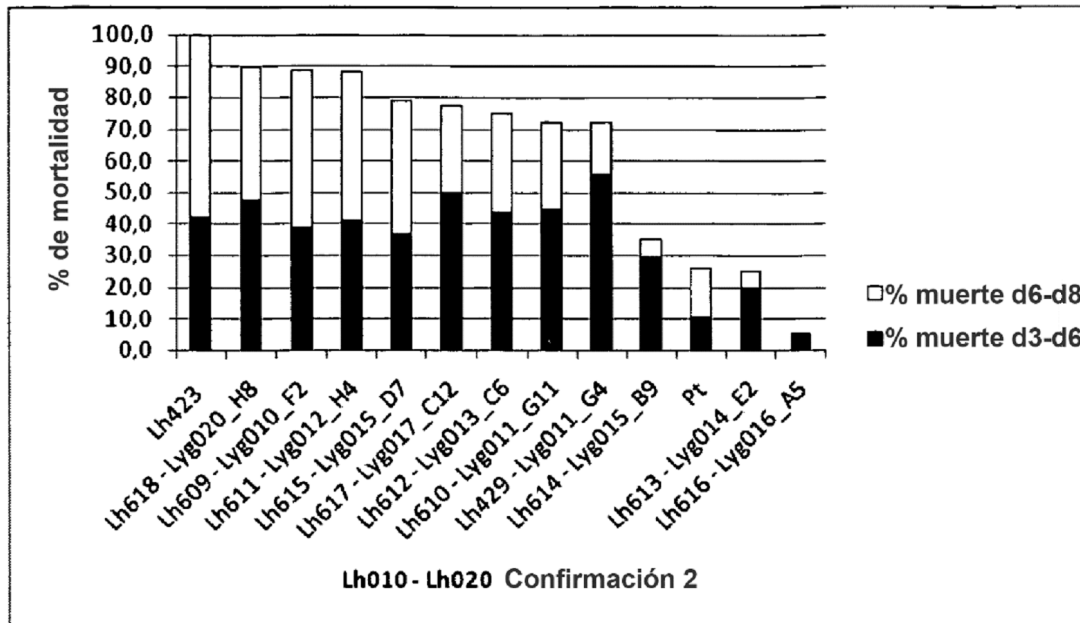


Figura 2

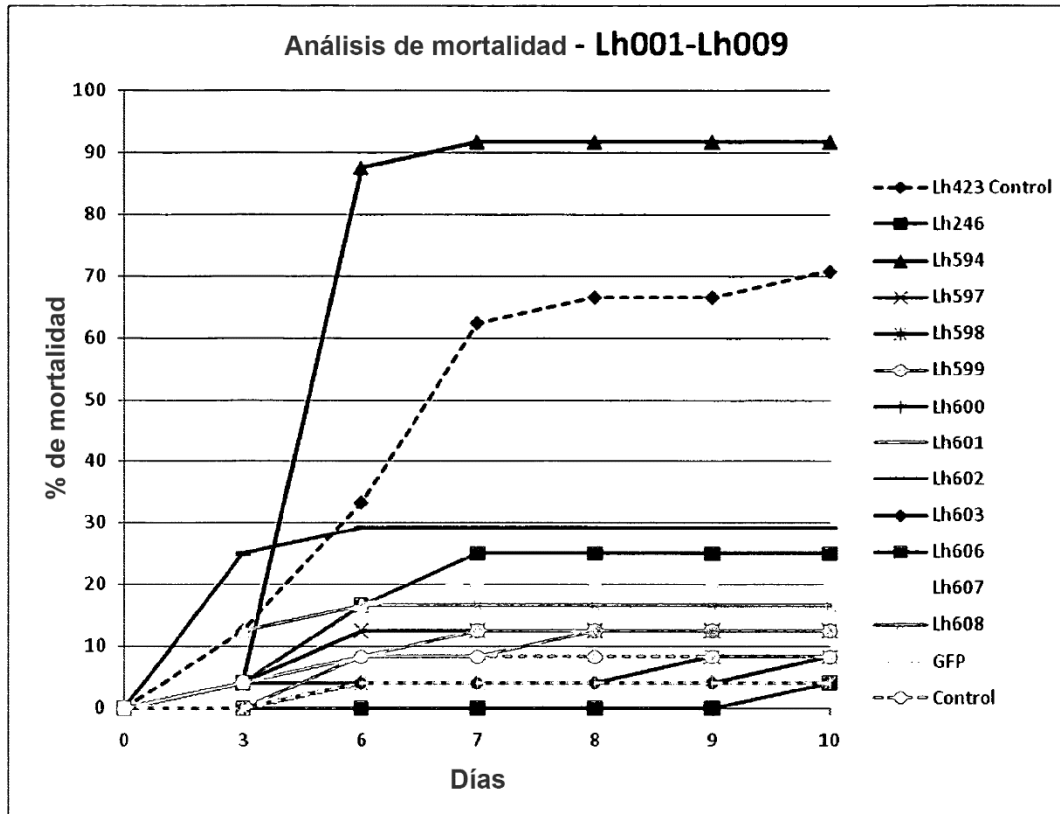


Figura 3

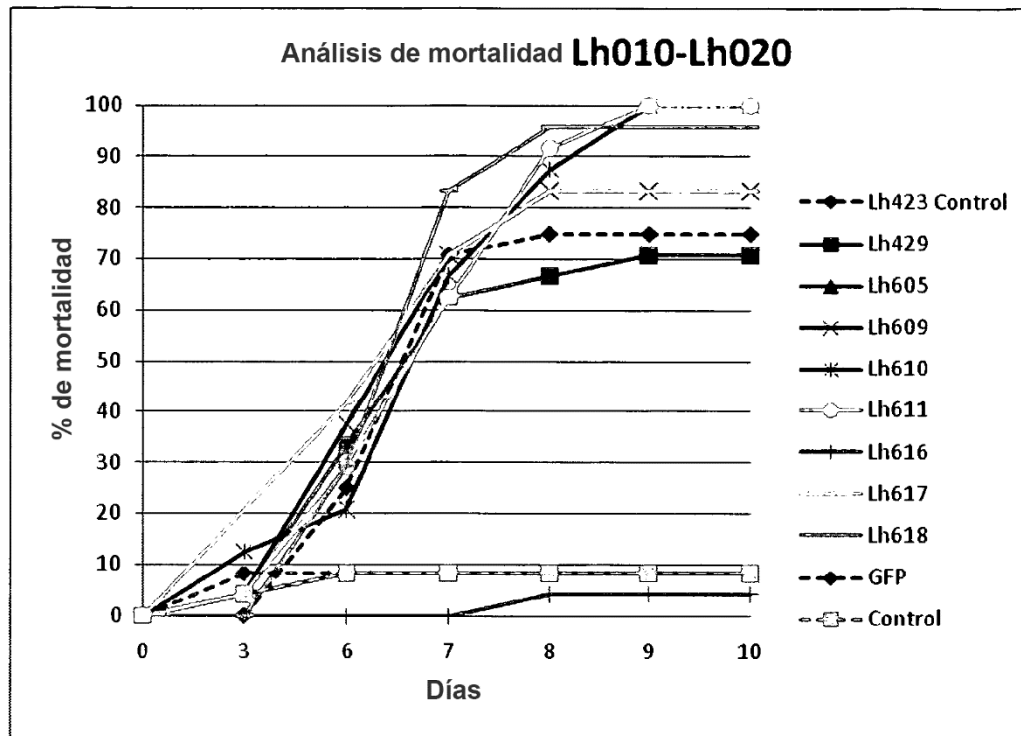


Figura 4

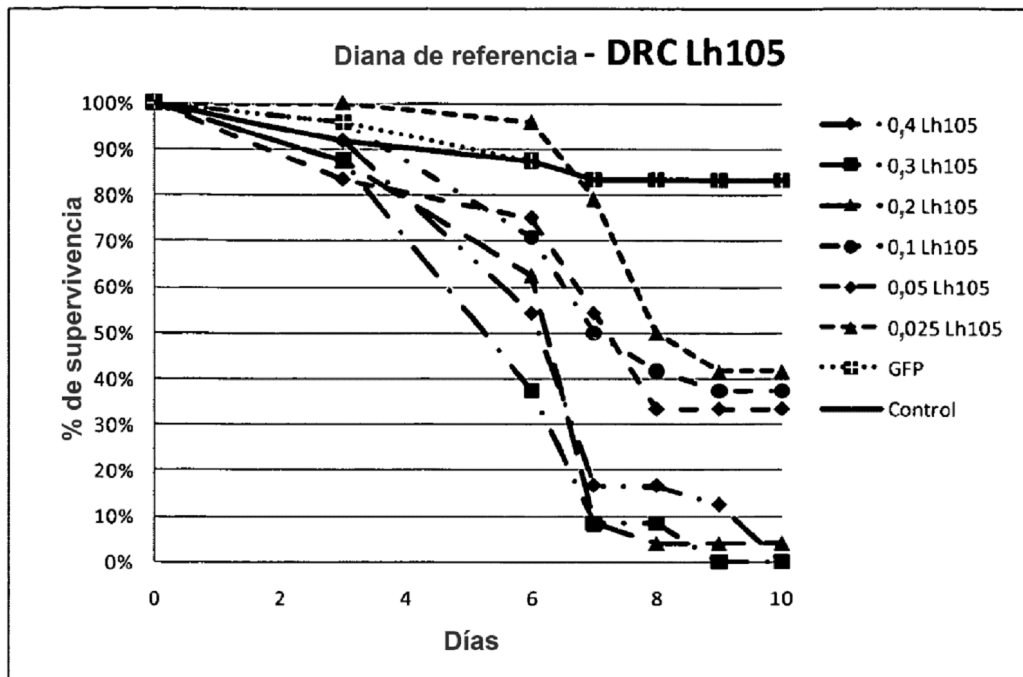


Figura 5

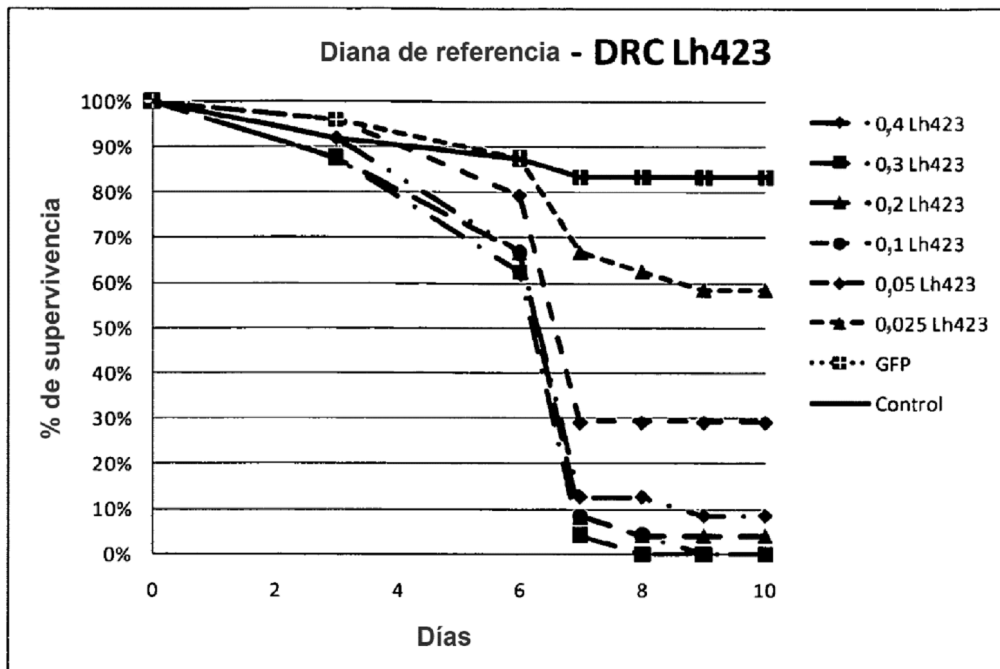


Figura 5 continuación

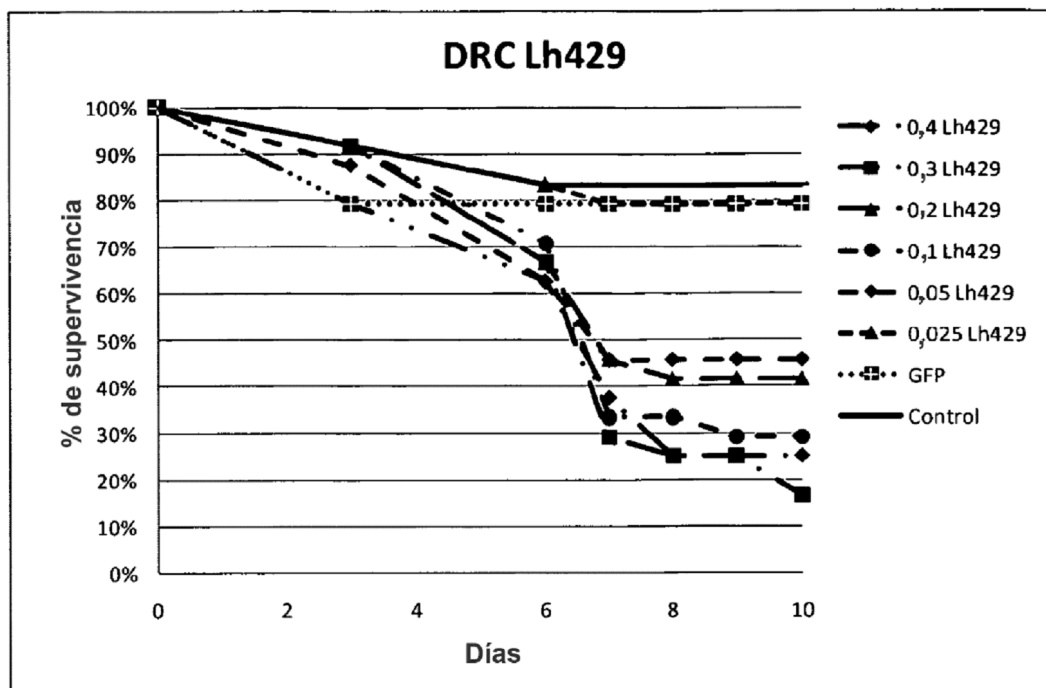


Figura 5 continuación

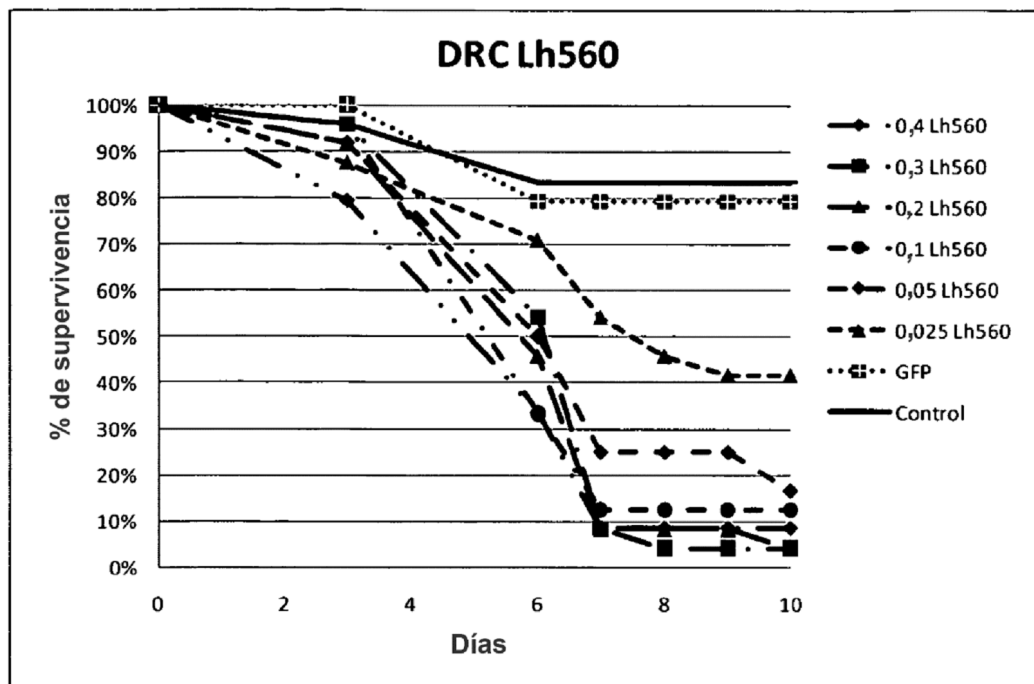


Figura 6

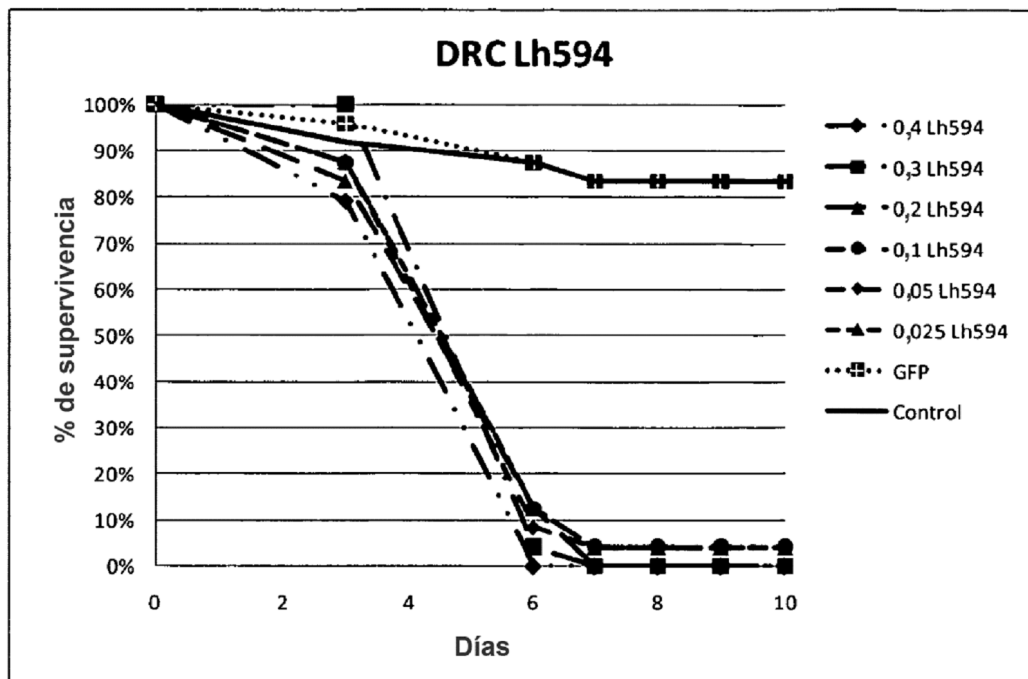


Figura 6 continuación

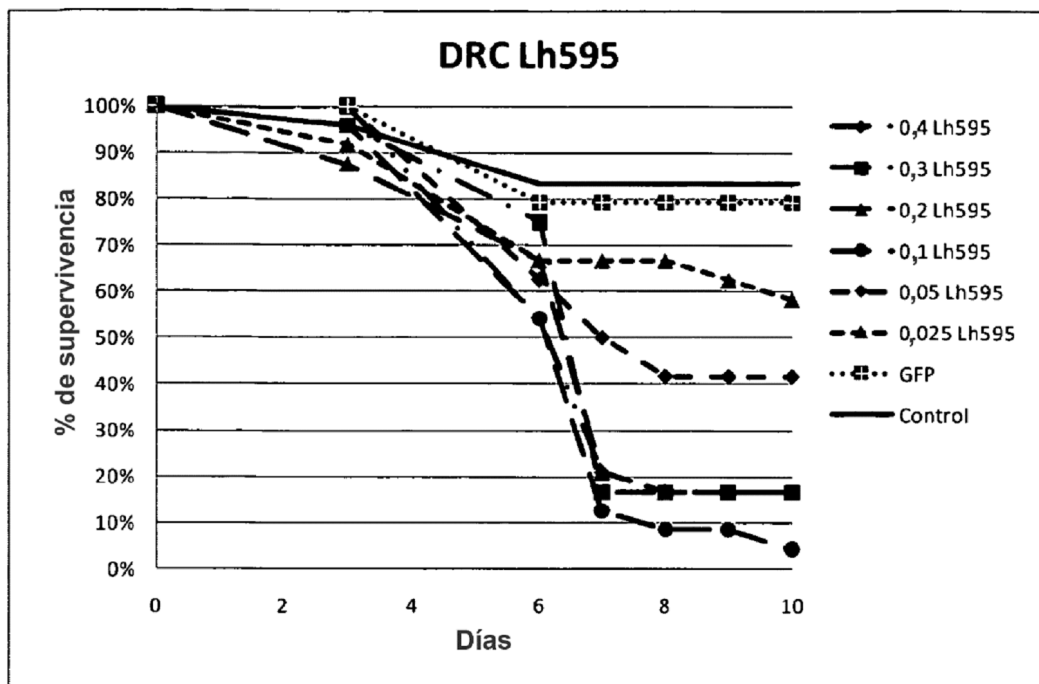


Figura 6 continuación

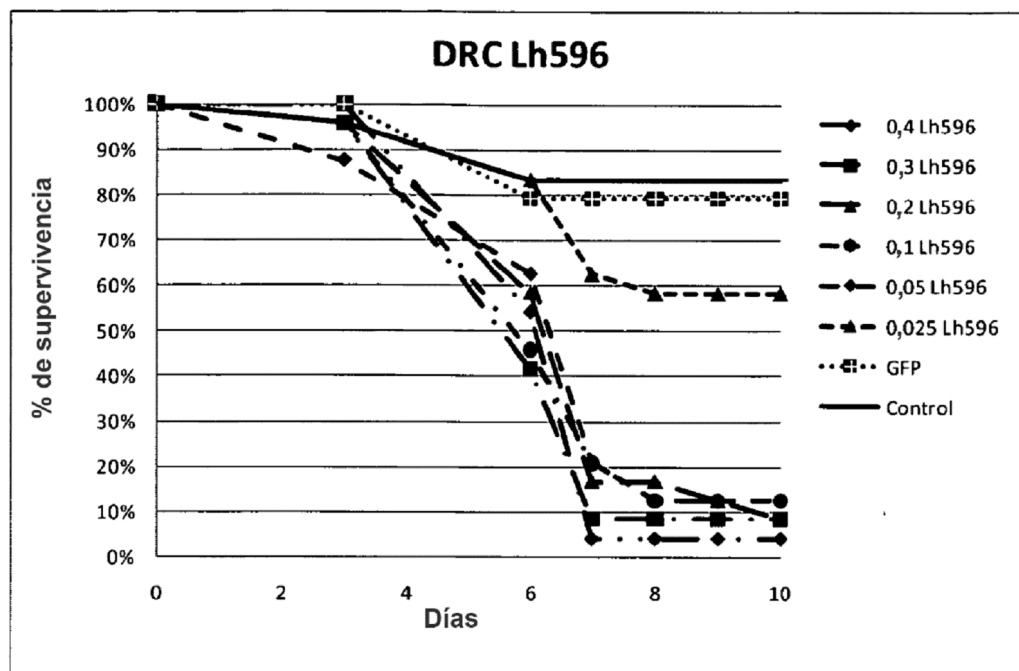


Figura 7

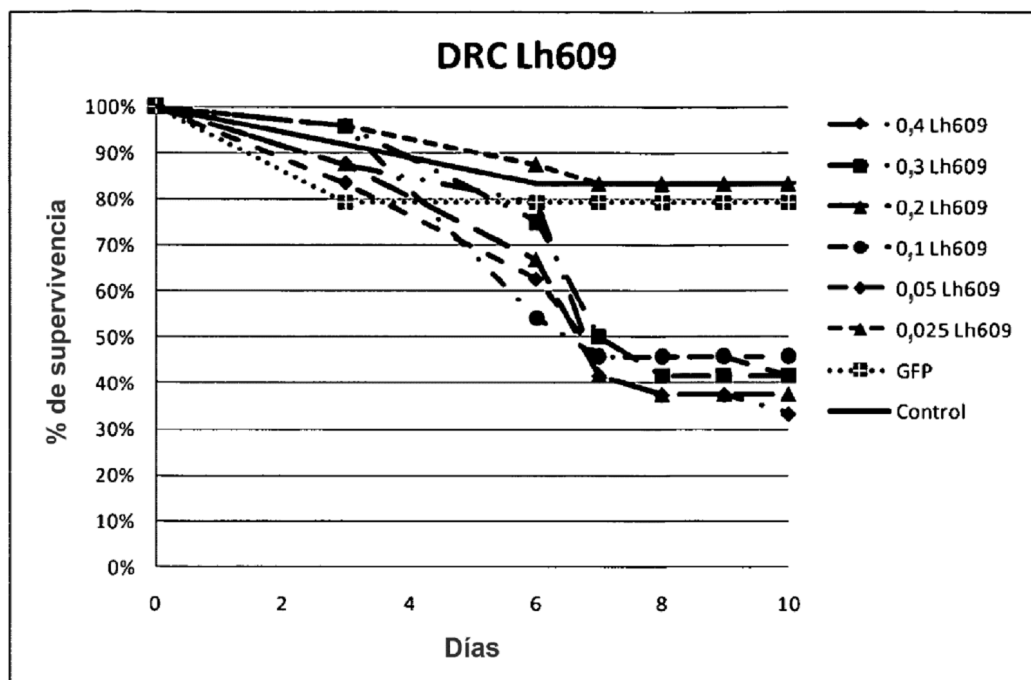


Figura 7 continuación

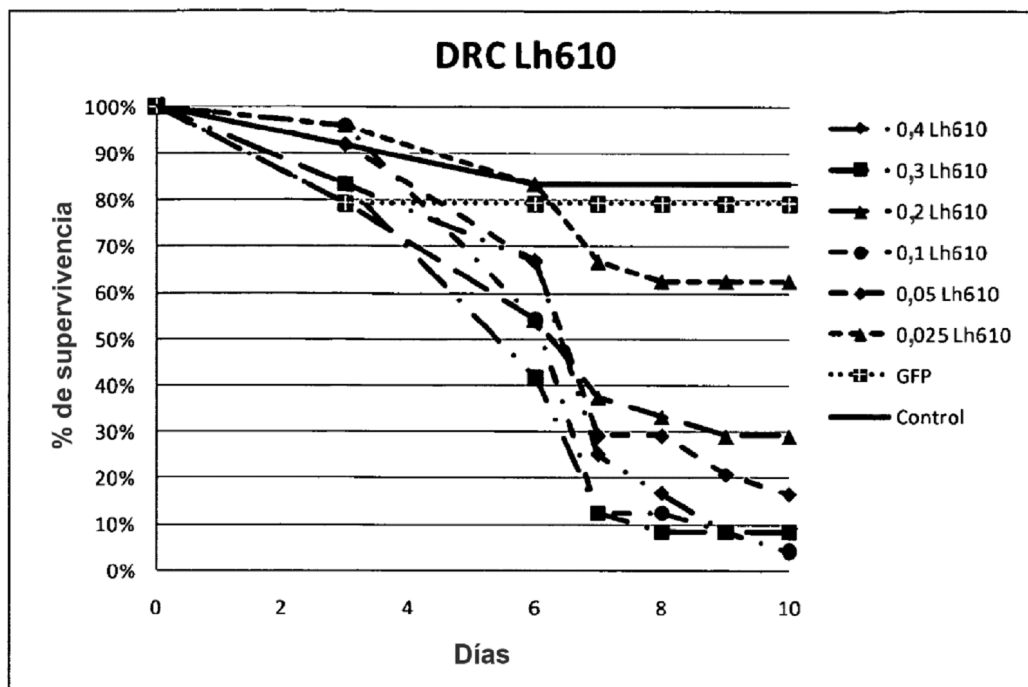


Figura 7 continuación

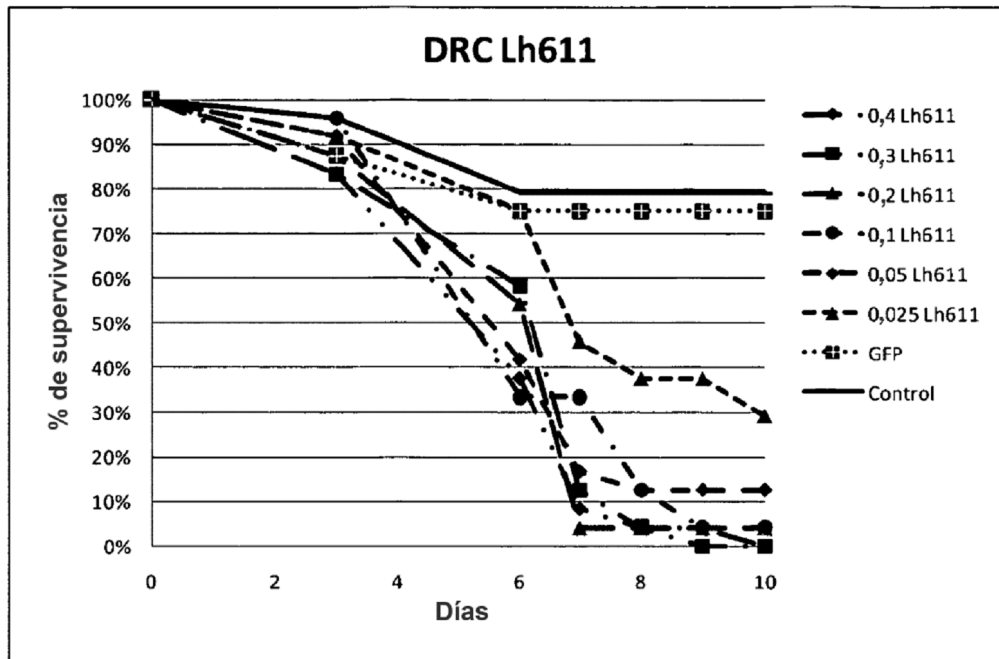


Figura 8

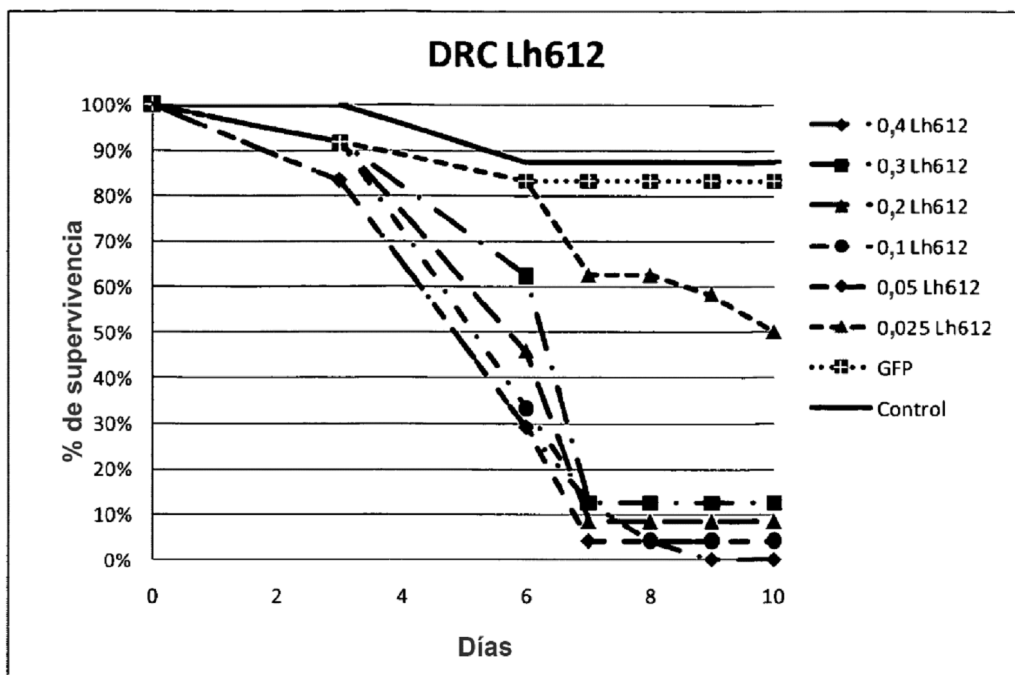


Figura 8 continuación

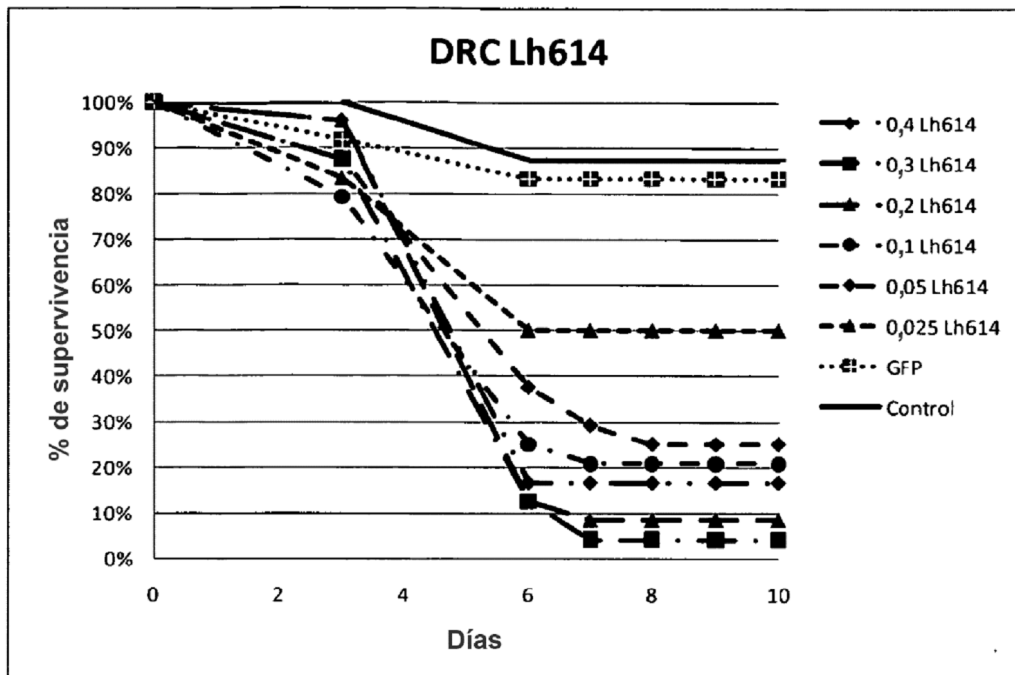


Figura 8 continuación

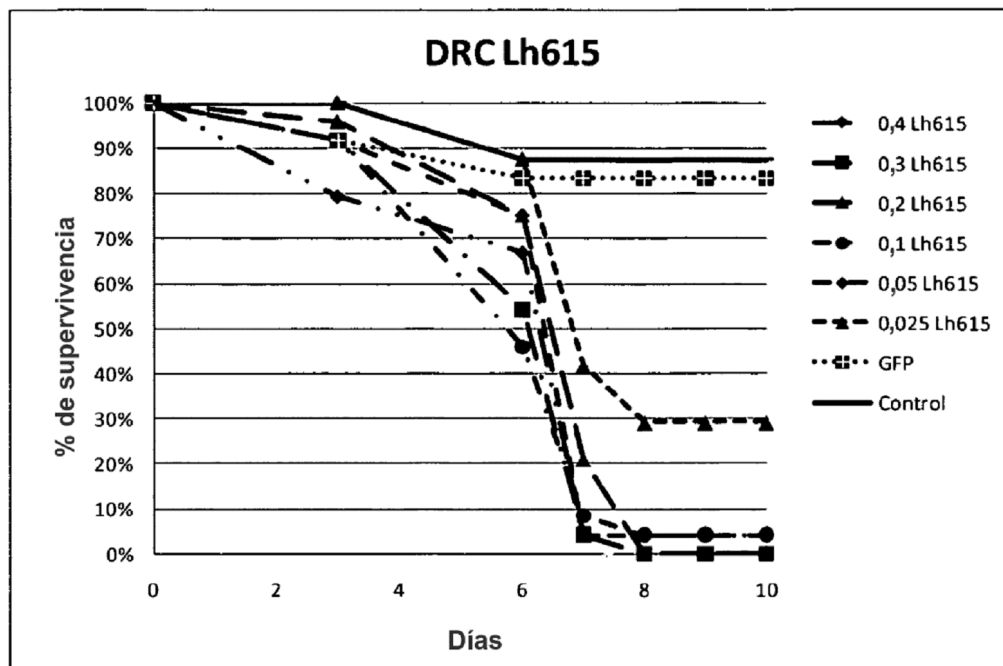


Figura 9

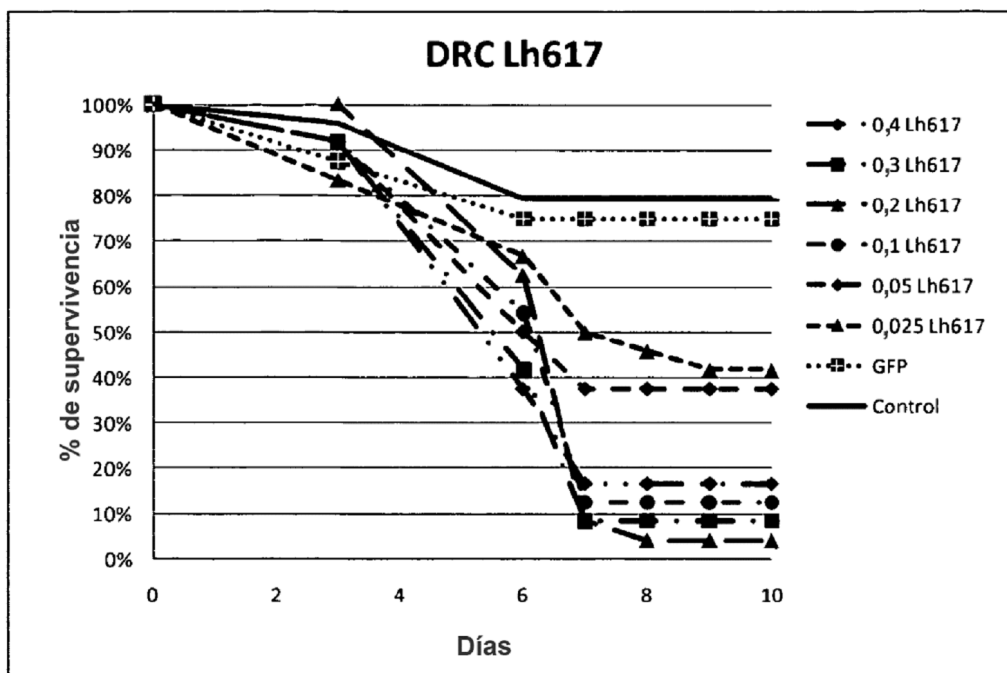


Figura 9 continuación

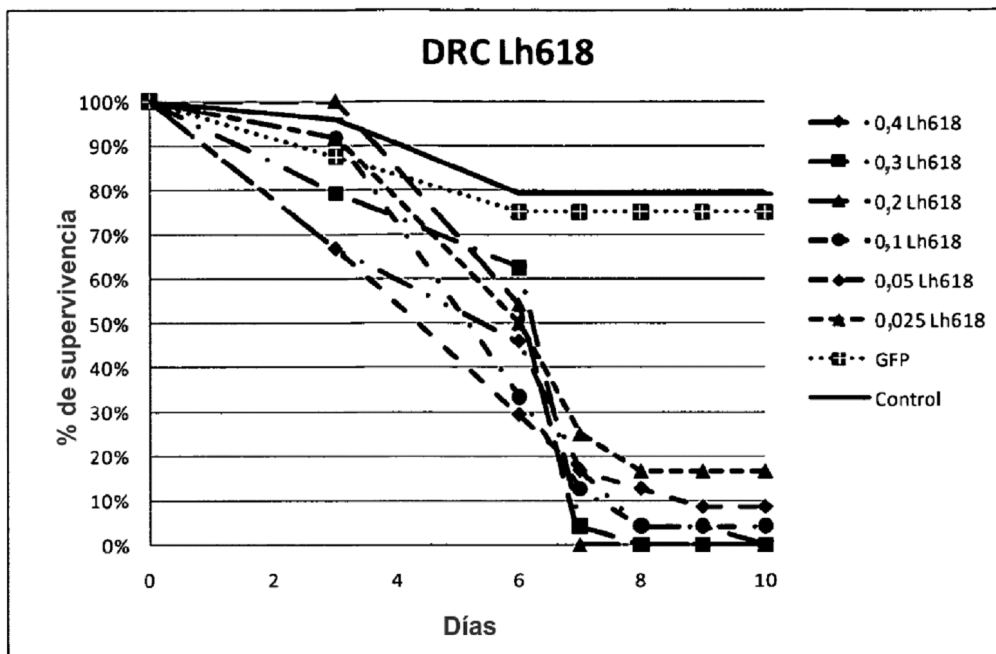


Figura 9 continuación

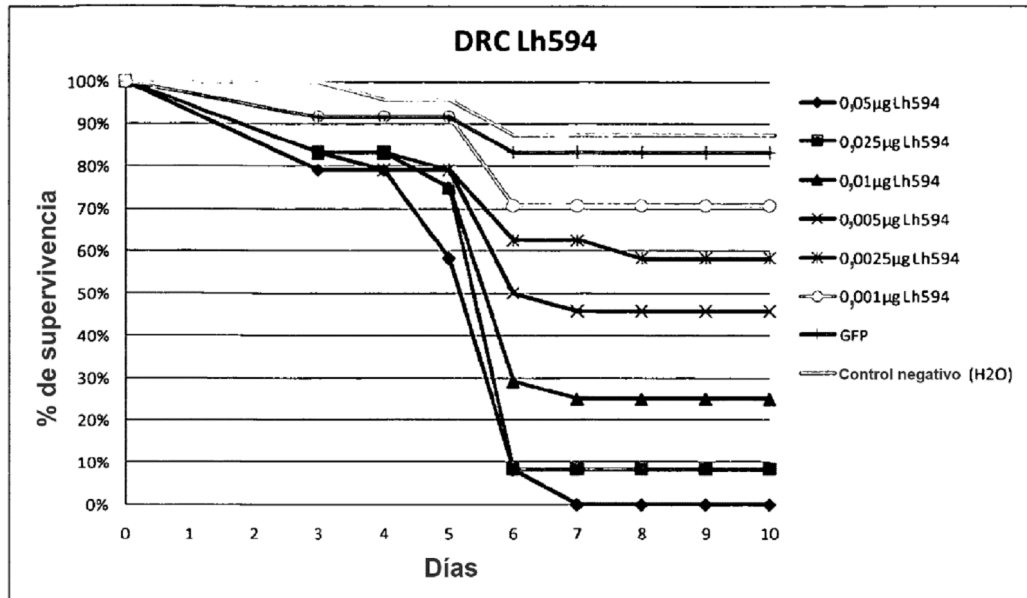
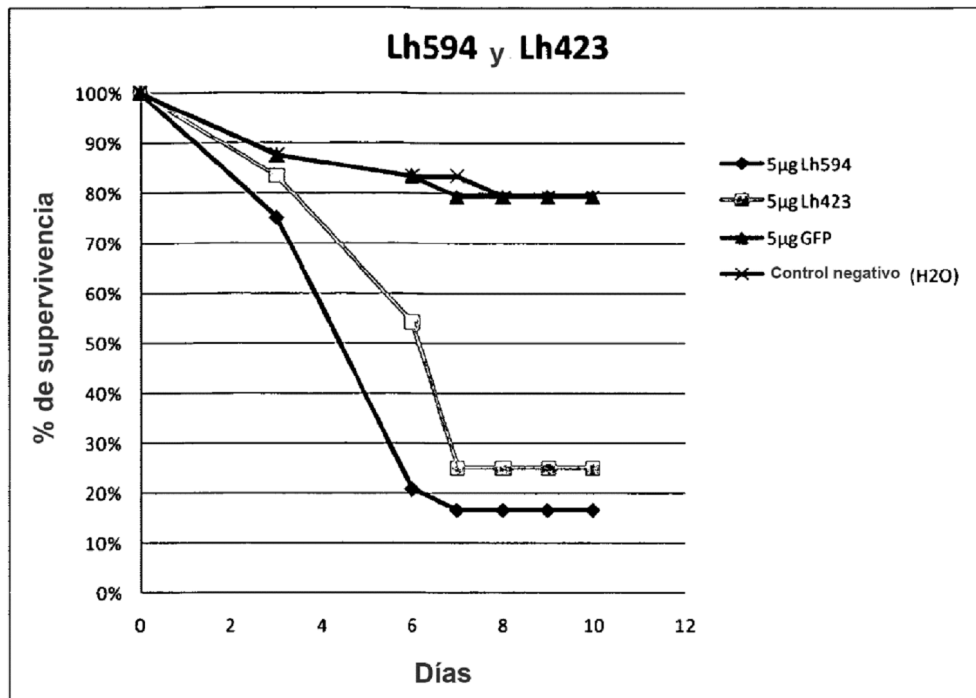


Figura 10

A.



B.

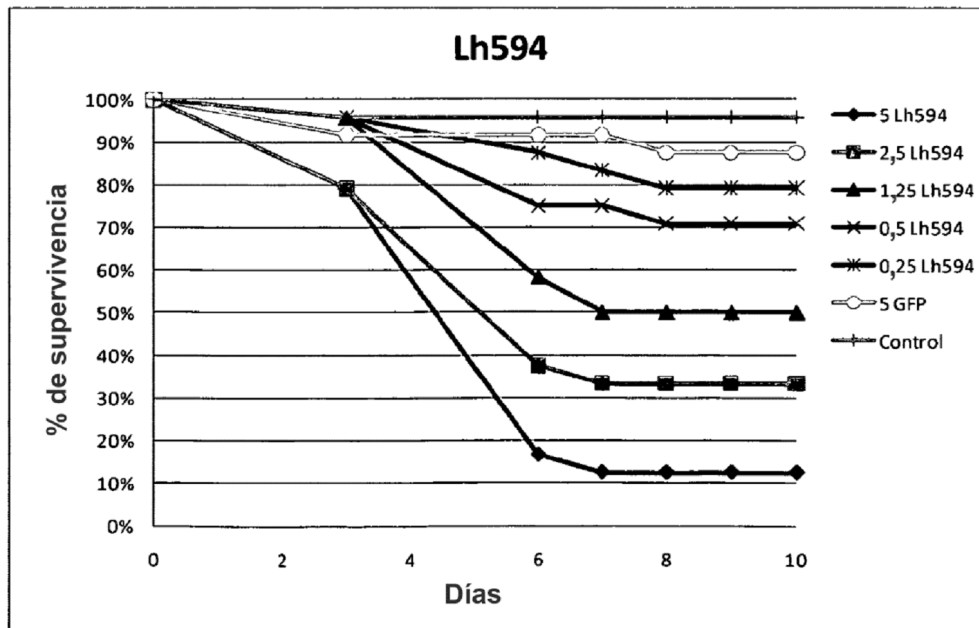
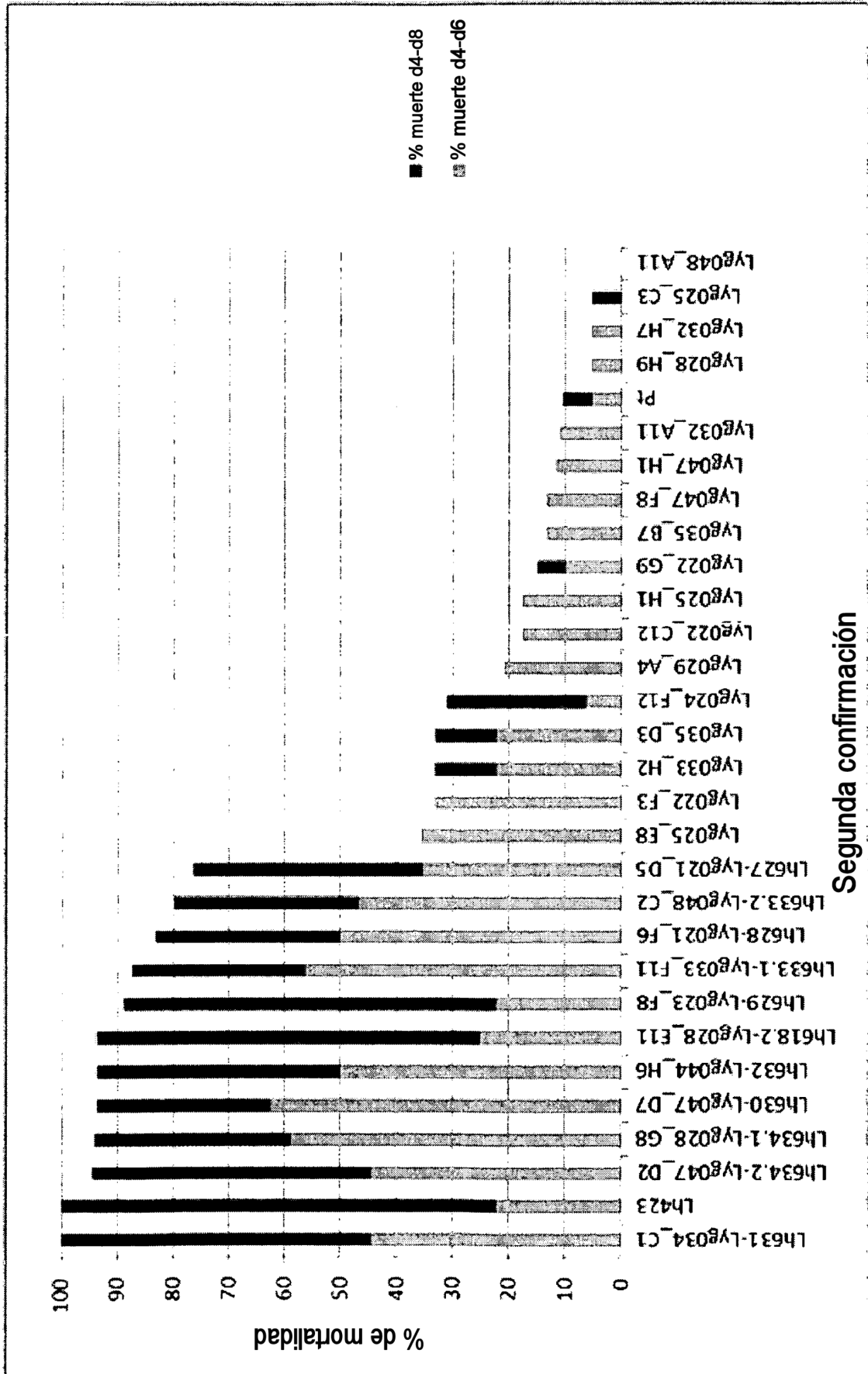


Figura 11

Figura 12



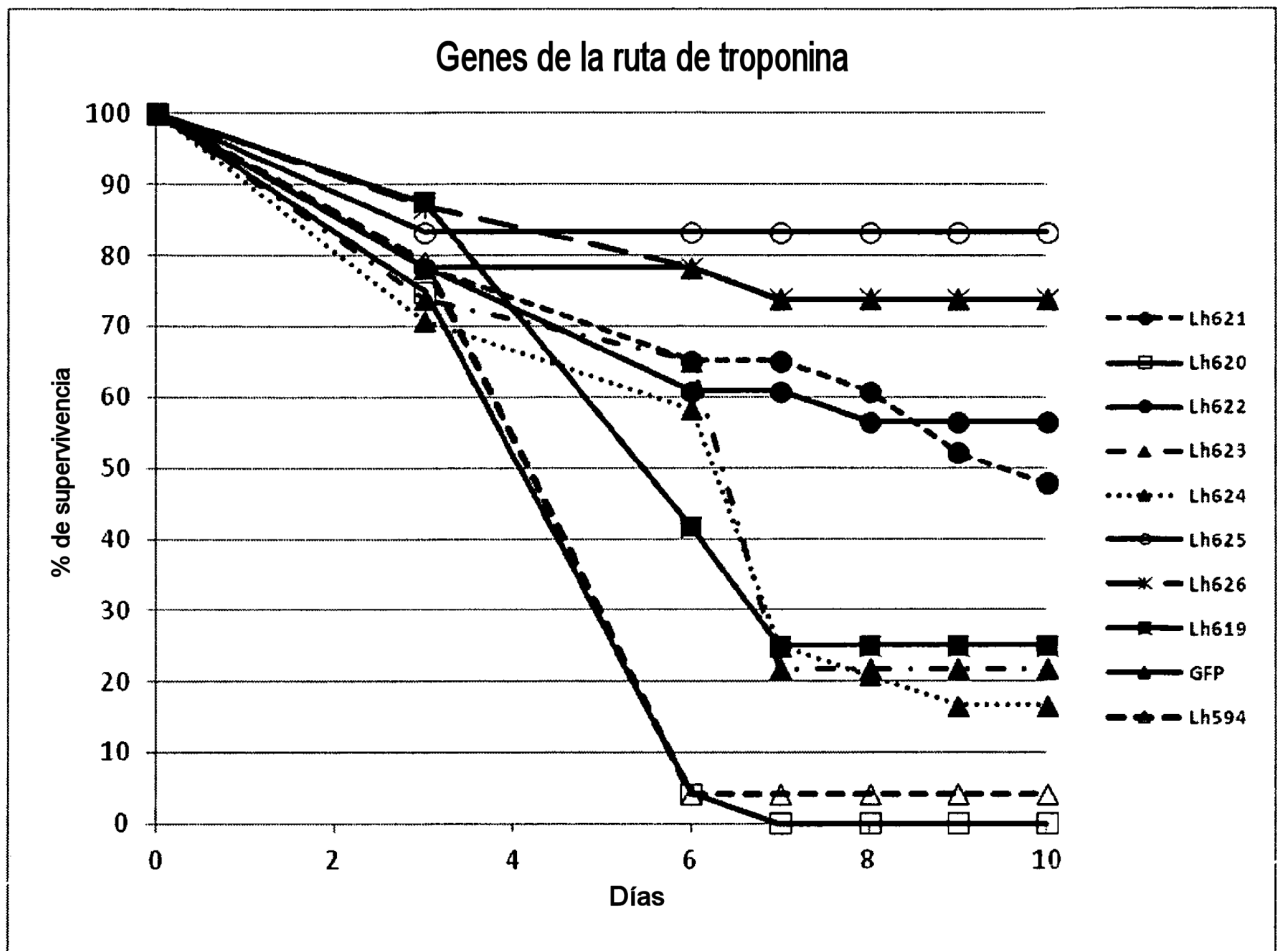


Figura 13

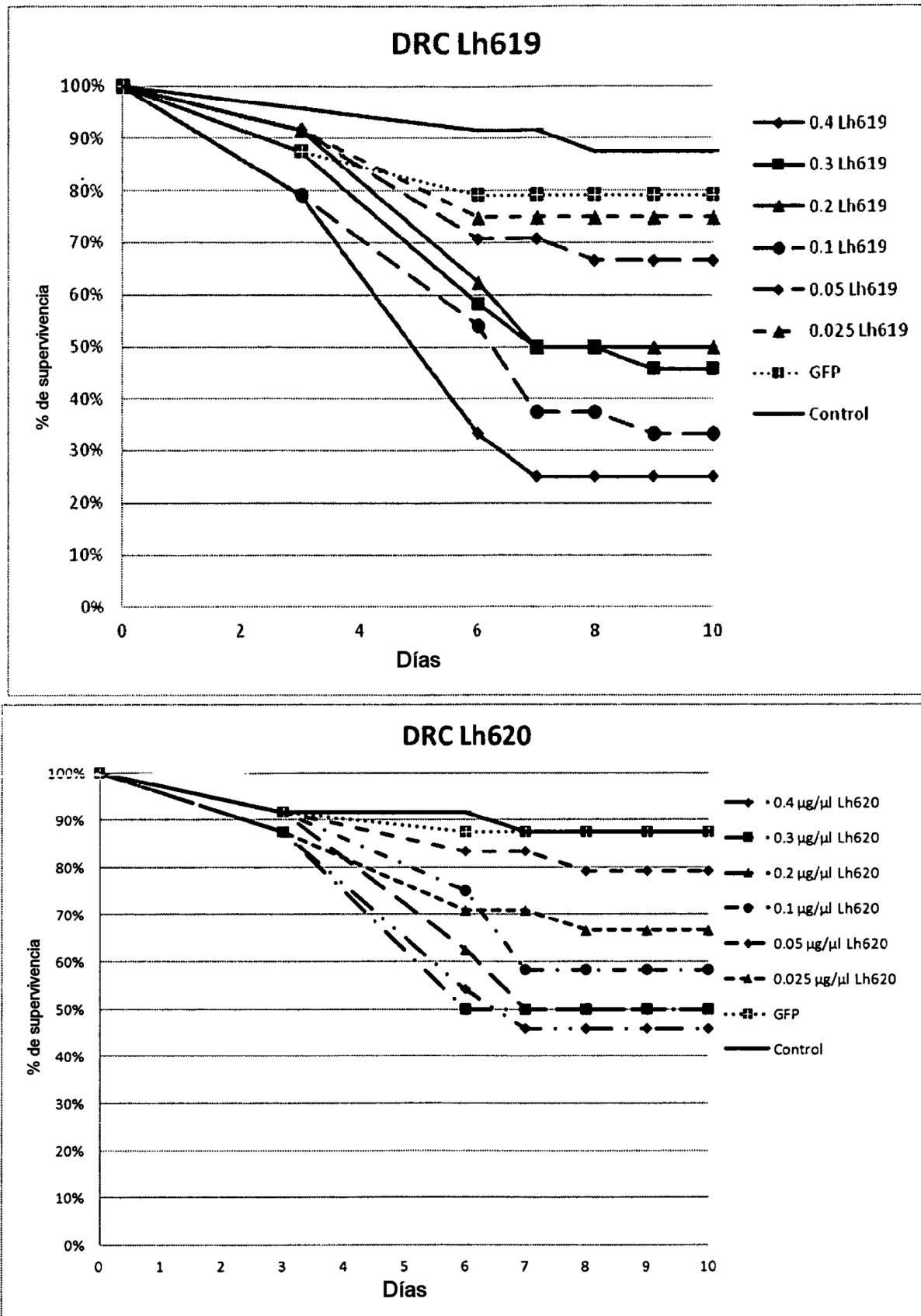


Figura 14 A

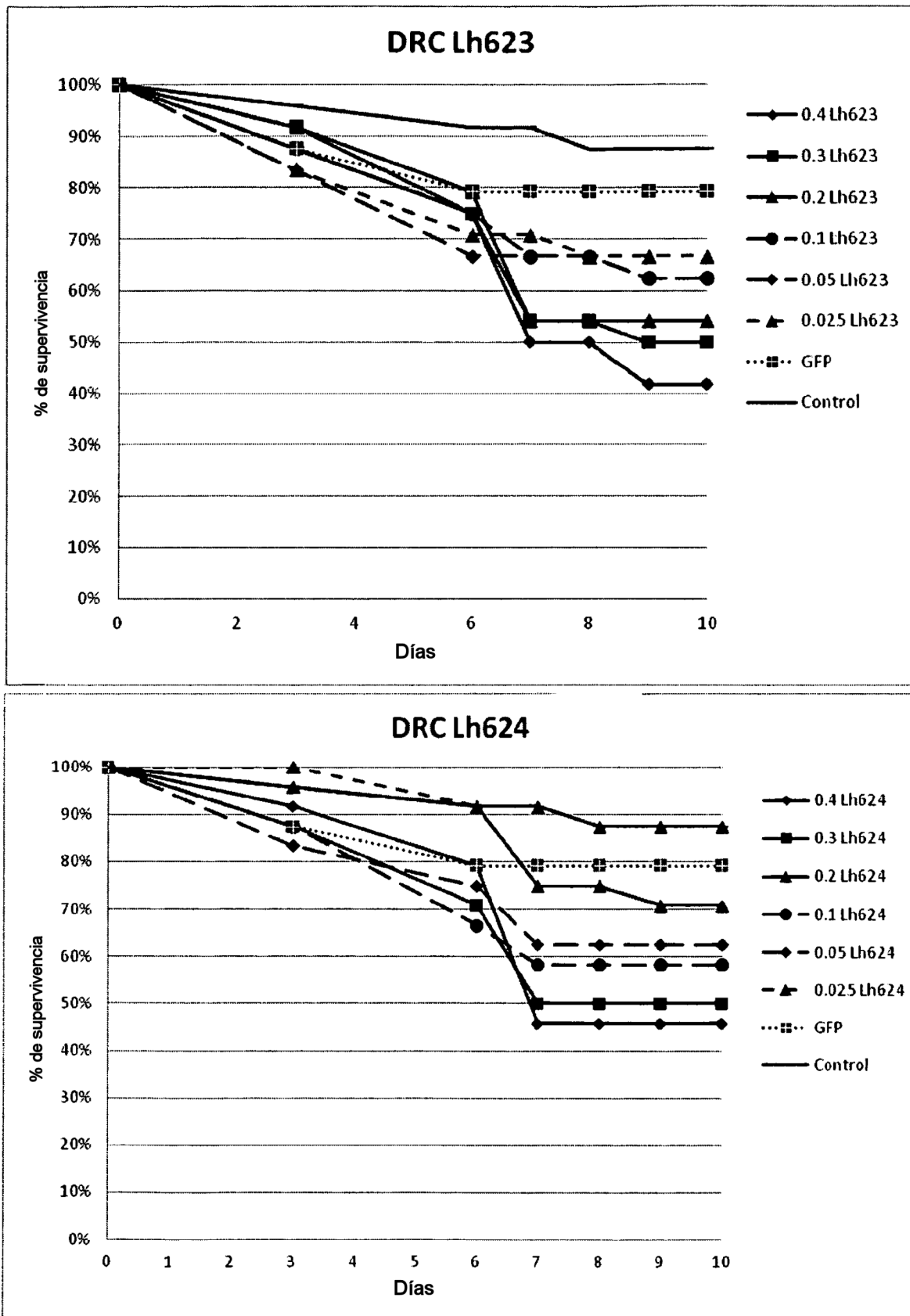


Figura 14 B

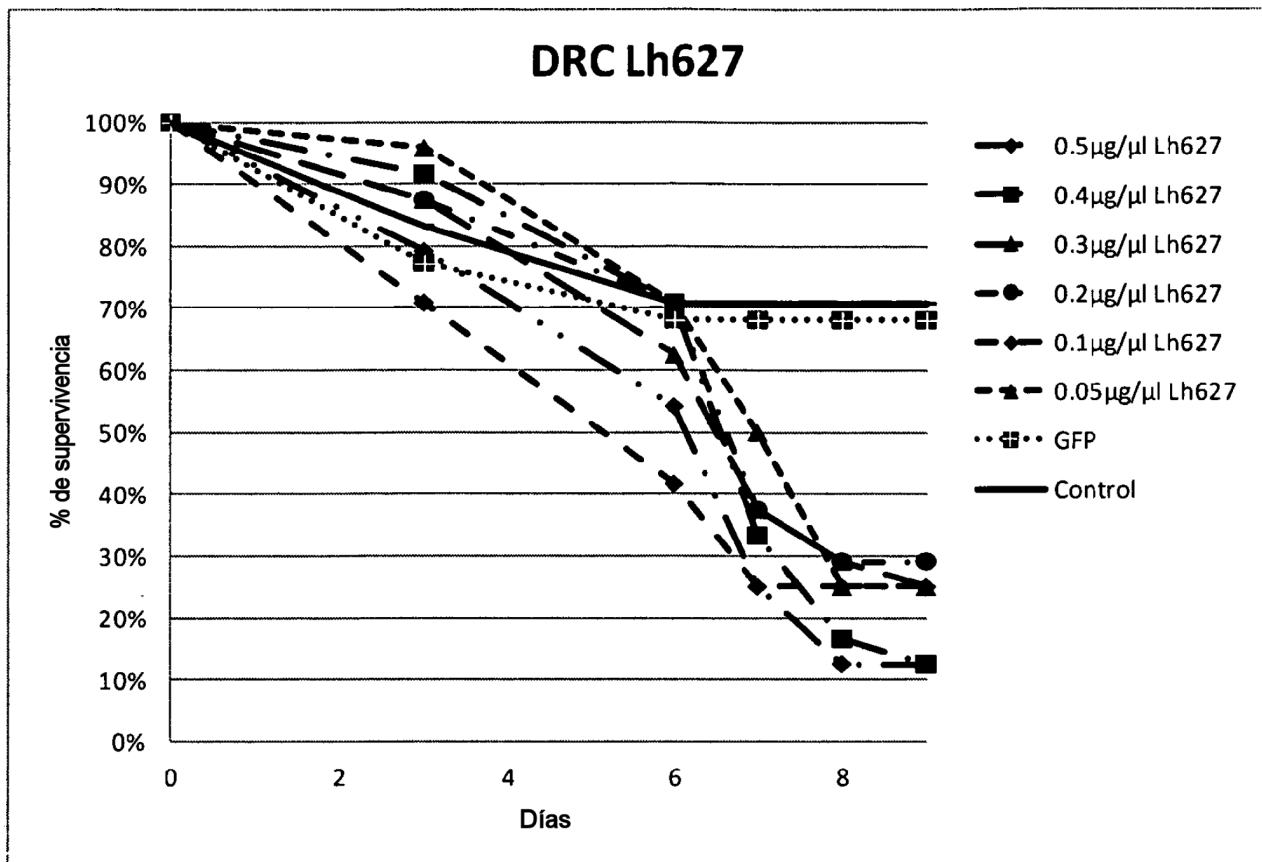


Figura 15 A

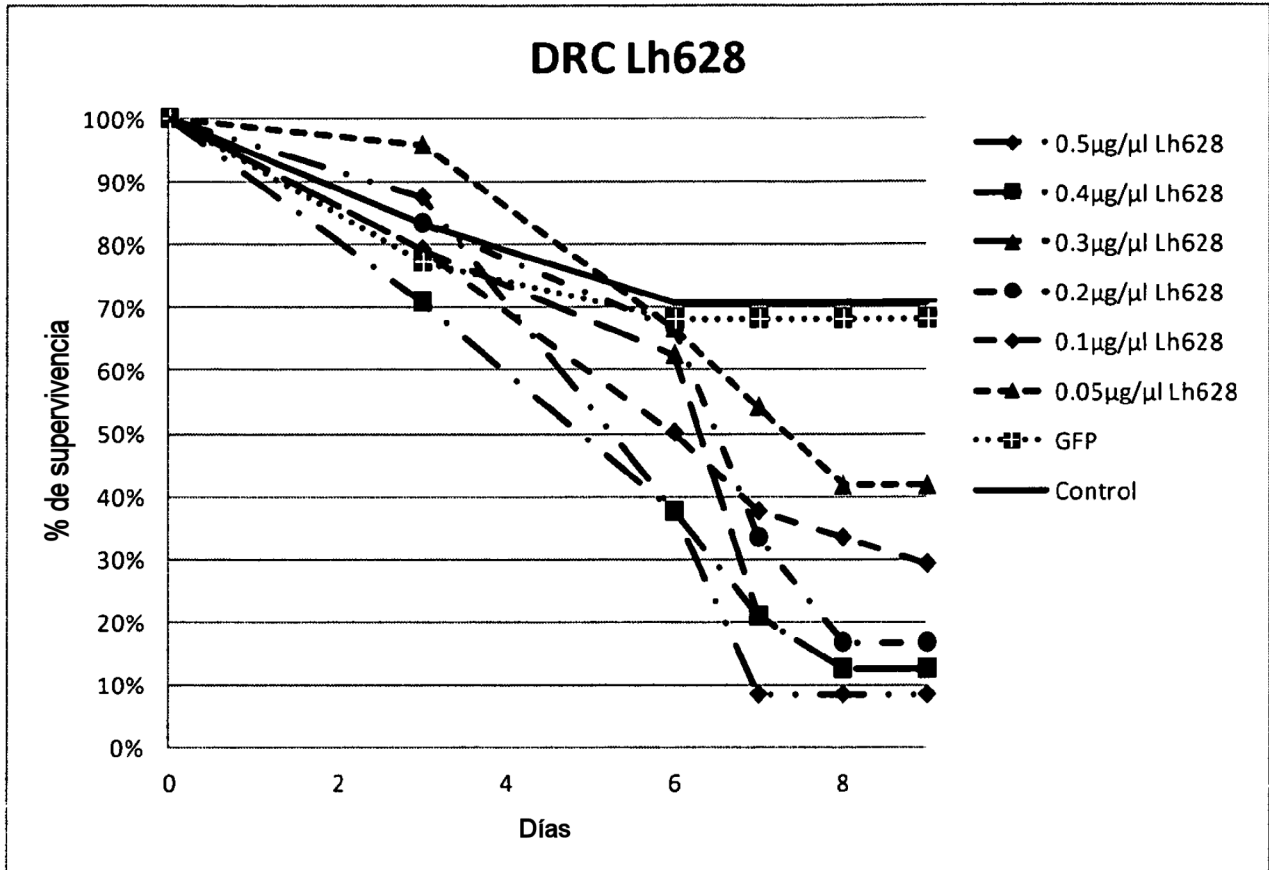


Figura 15 A continuación

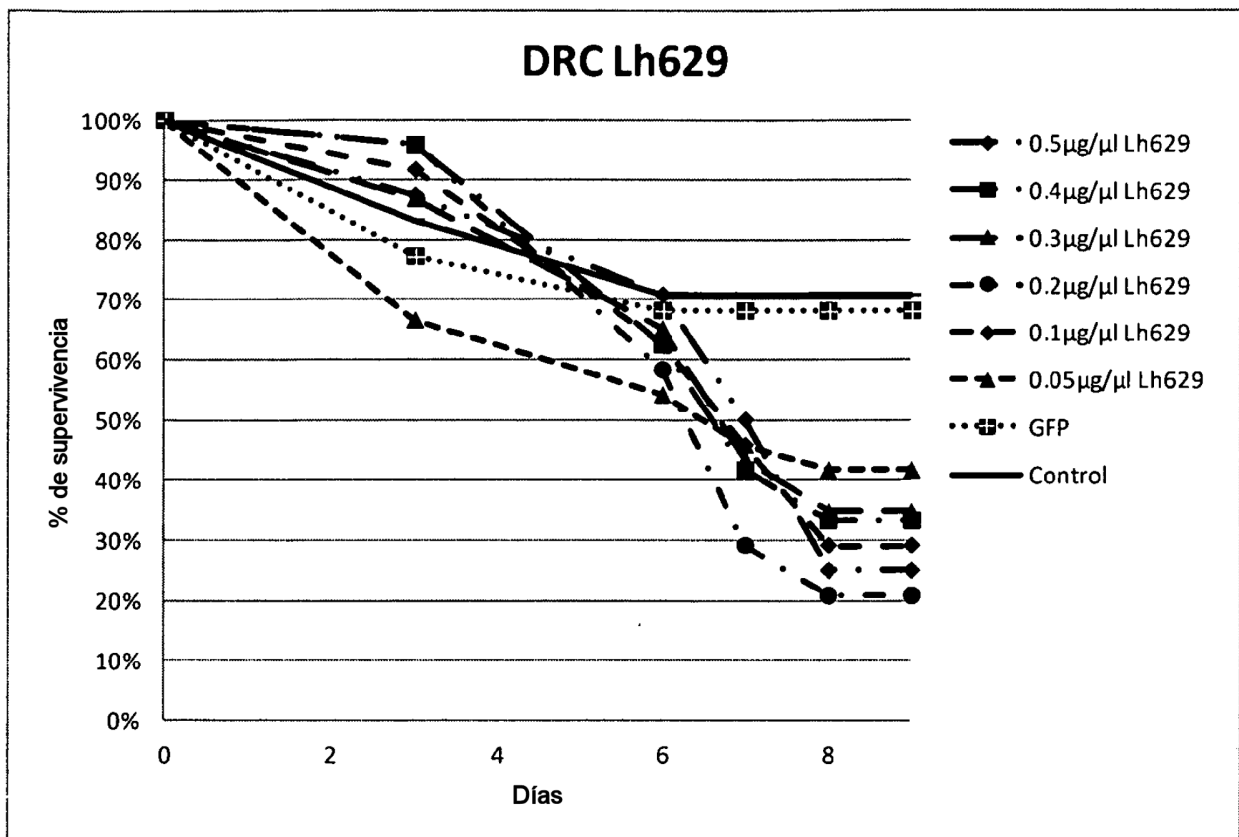


Figura 15 A continuación

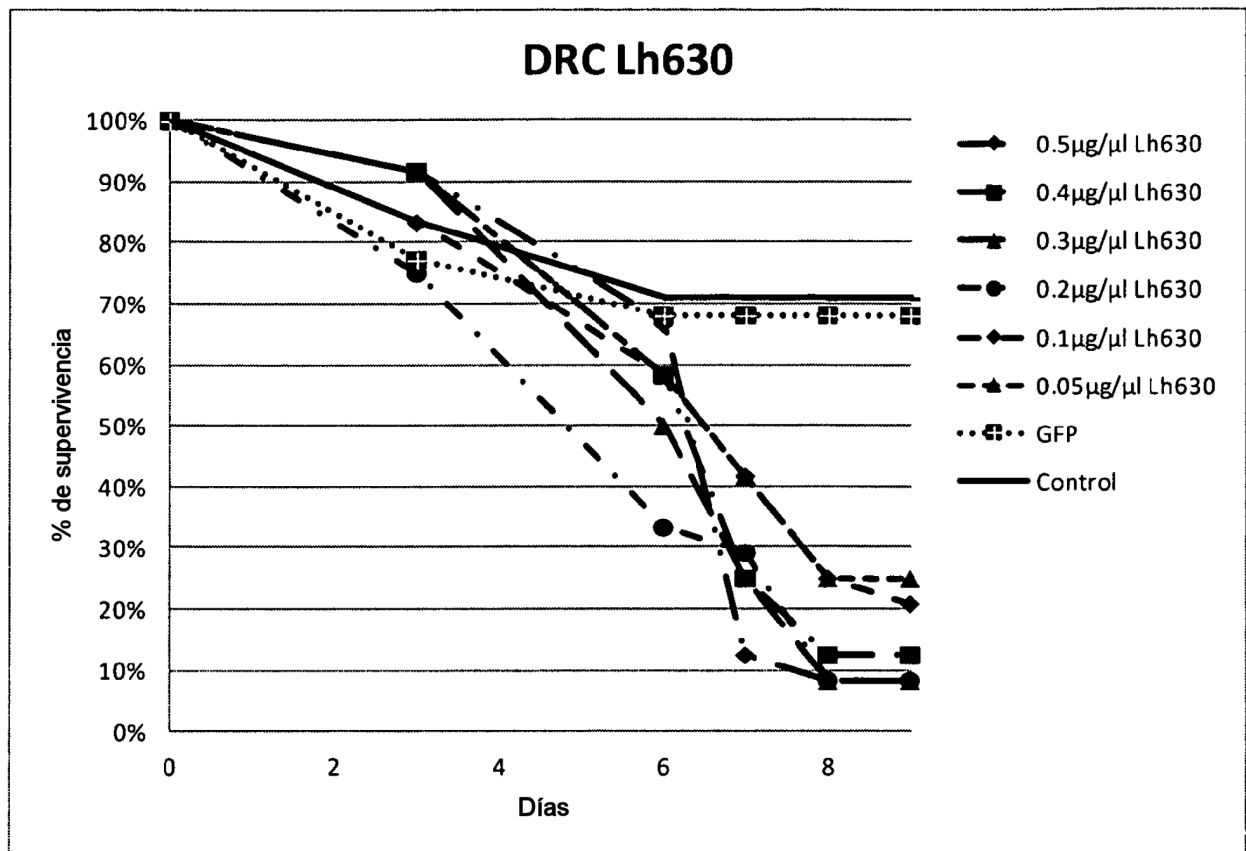


Figura 15 B

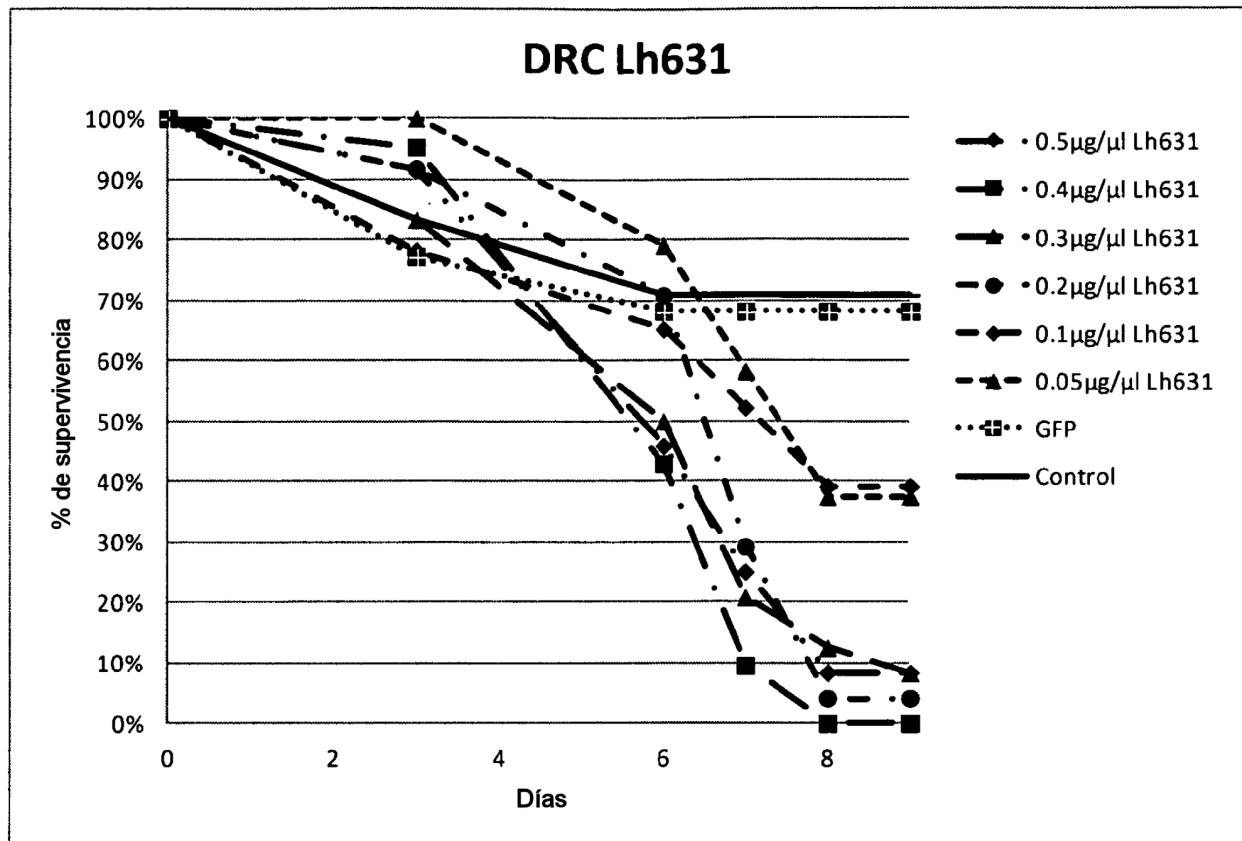


Figura 15 B continuación

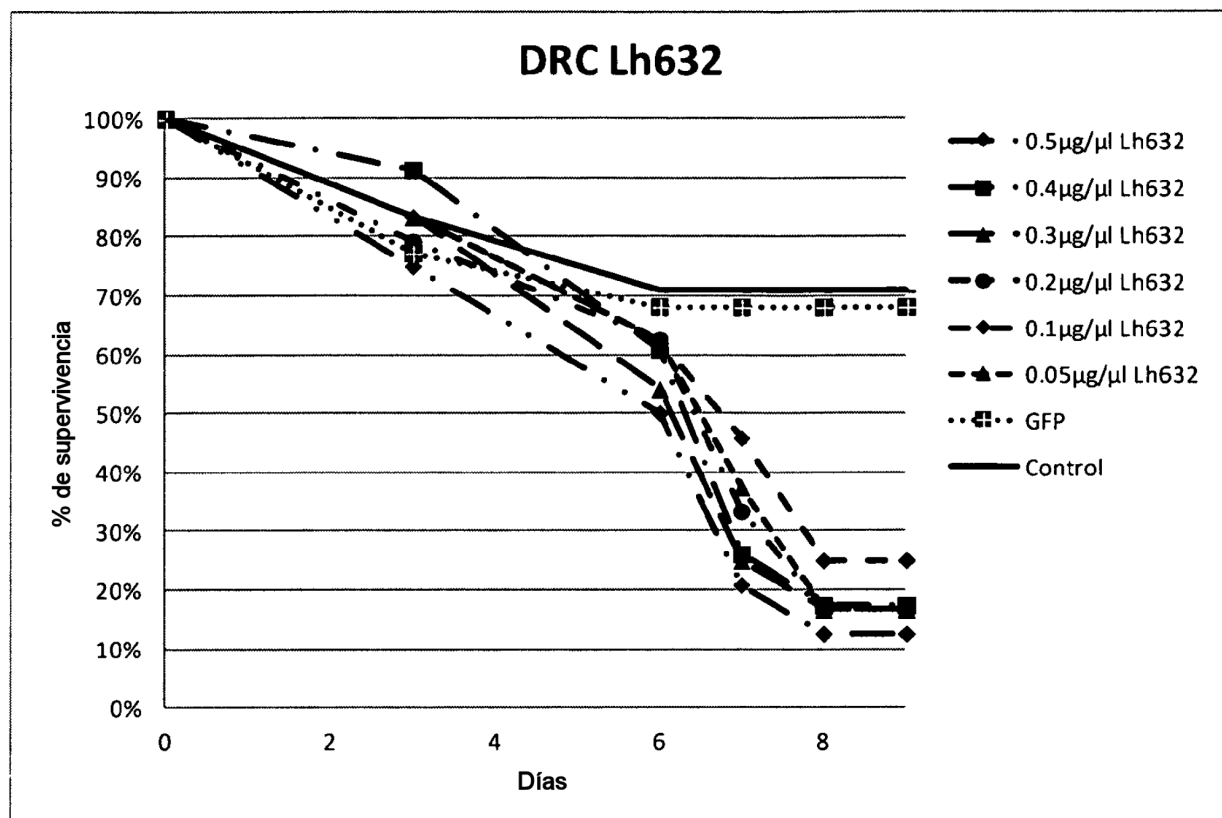


Figura 15 B continuación

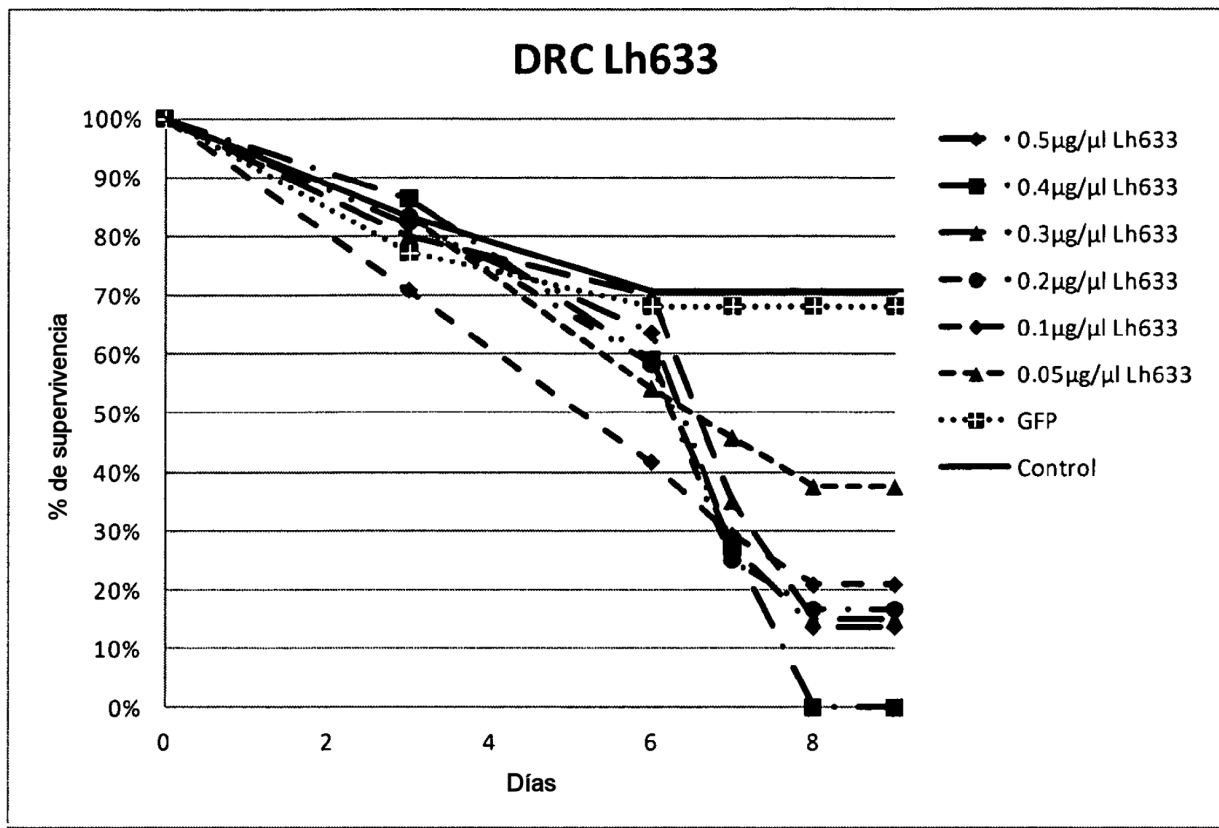


Figura 15 C

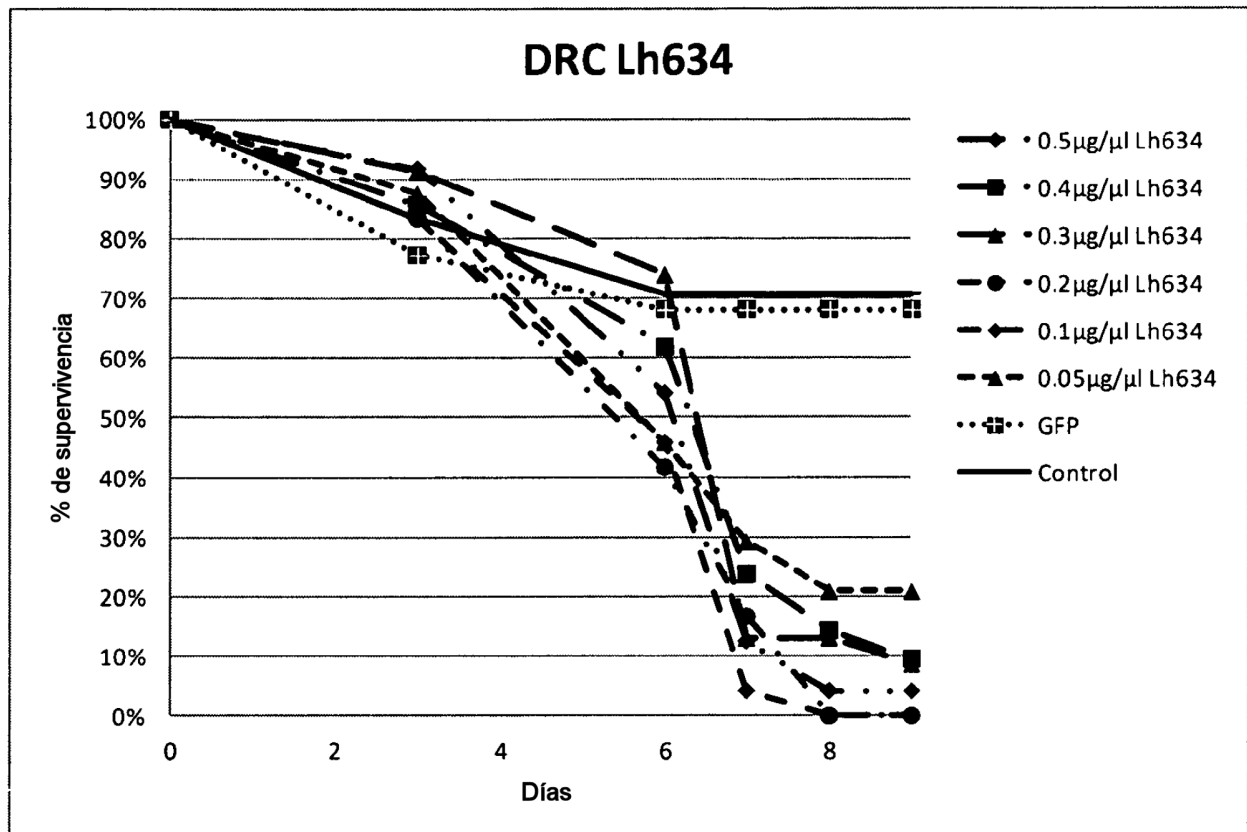


Figura 15 C continuación

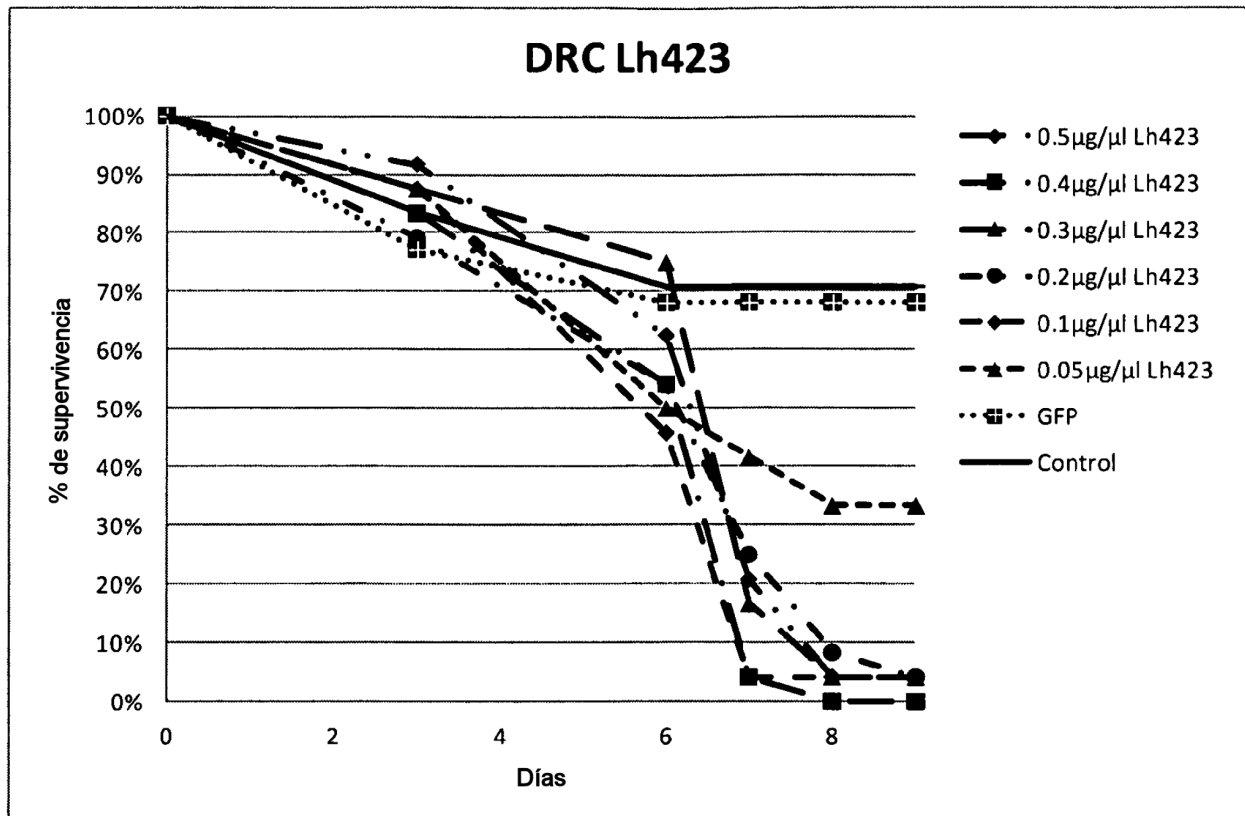


Figura 15 C continuación

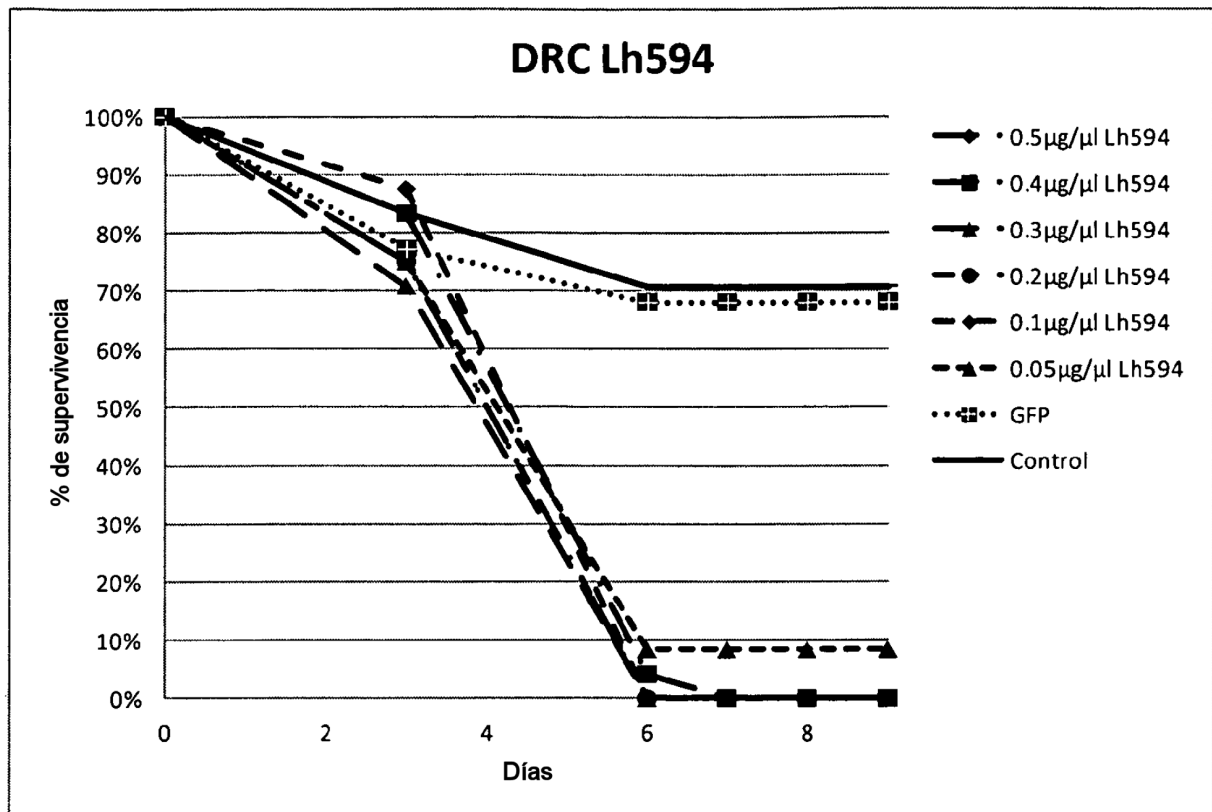


Figura 15 D

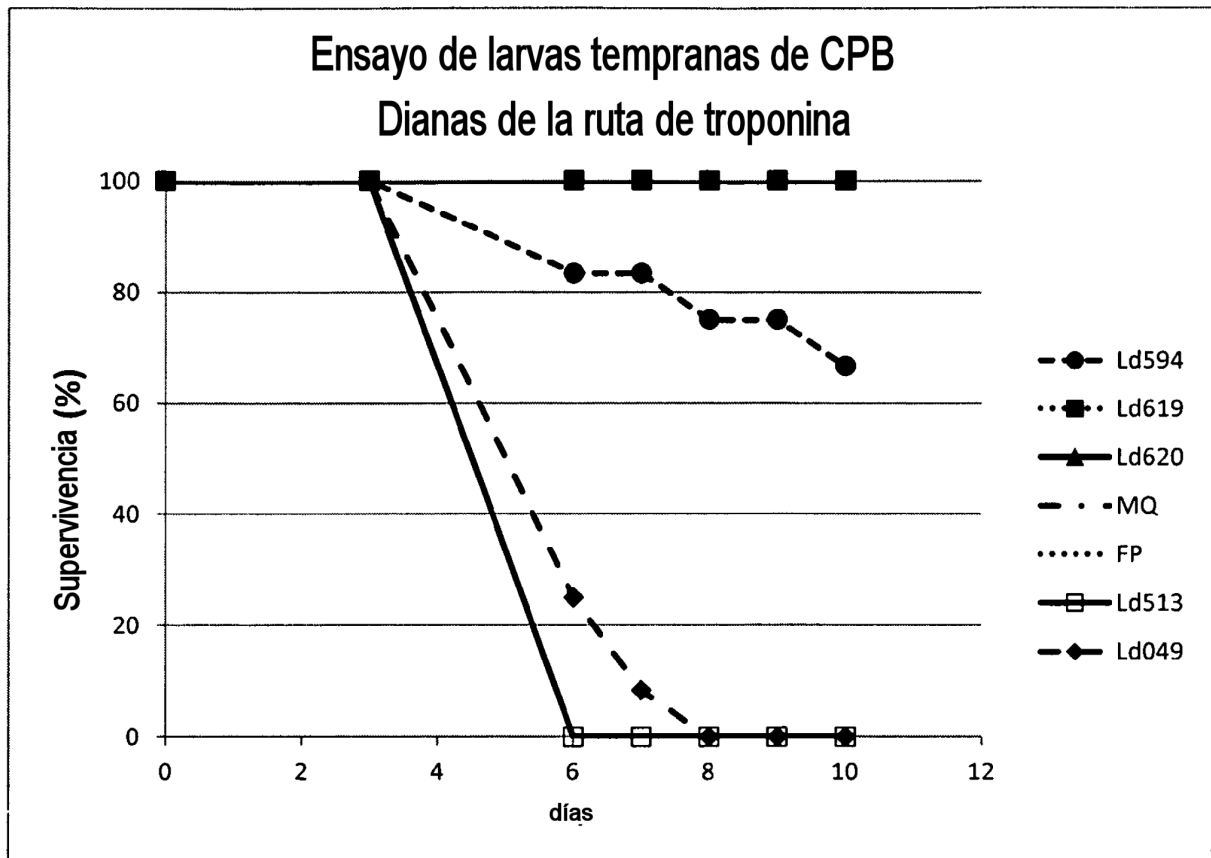


Figura 16



Figura 17

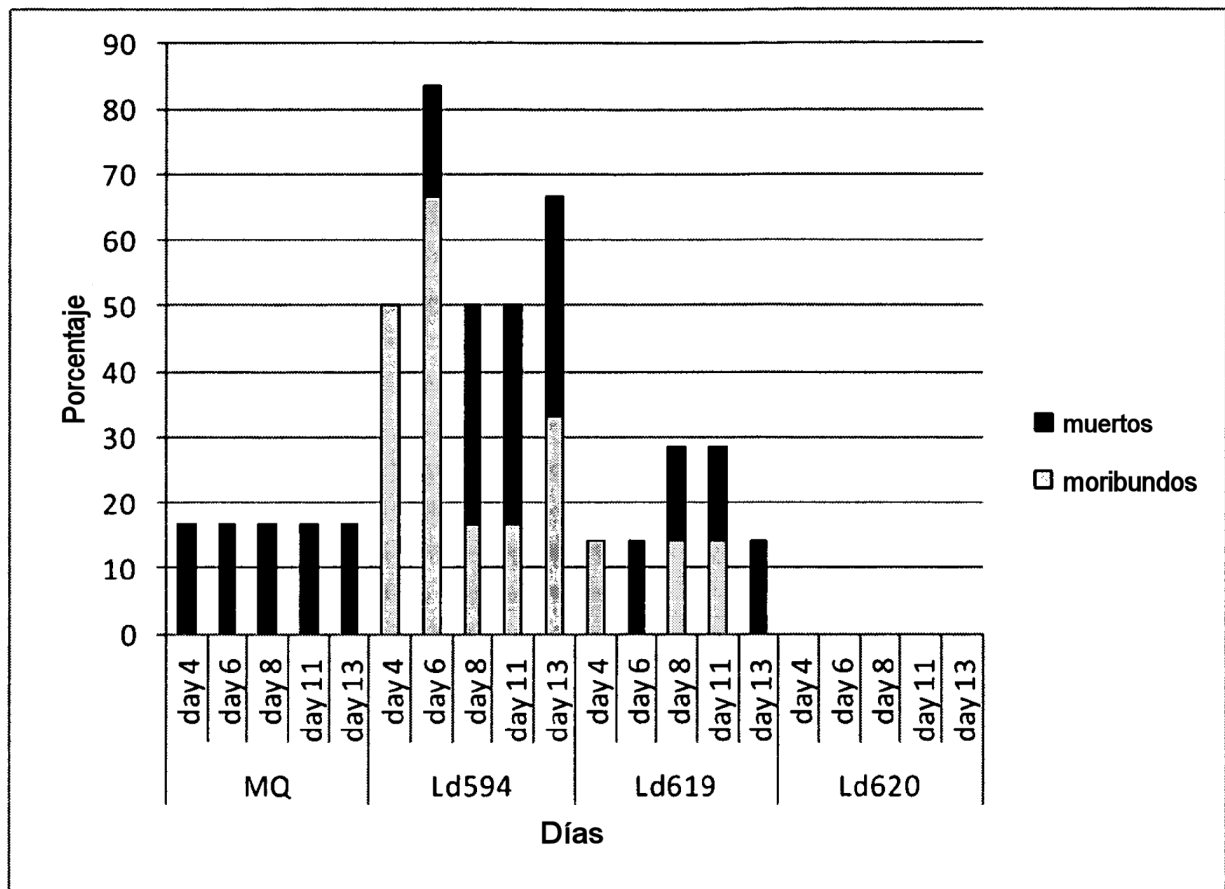


Figura 18

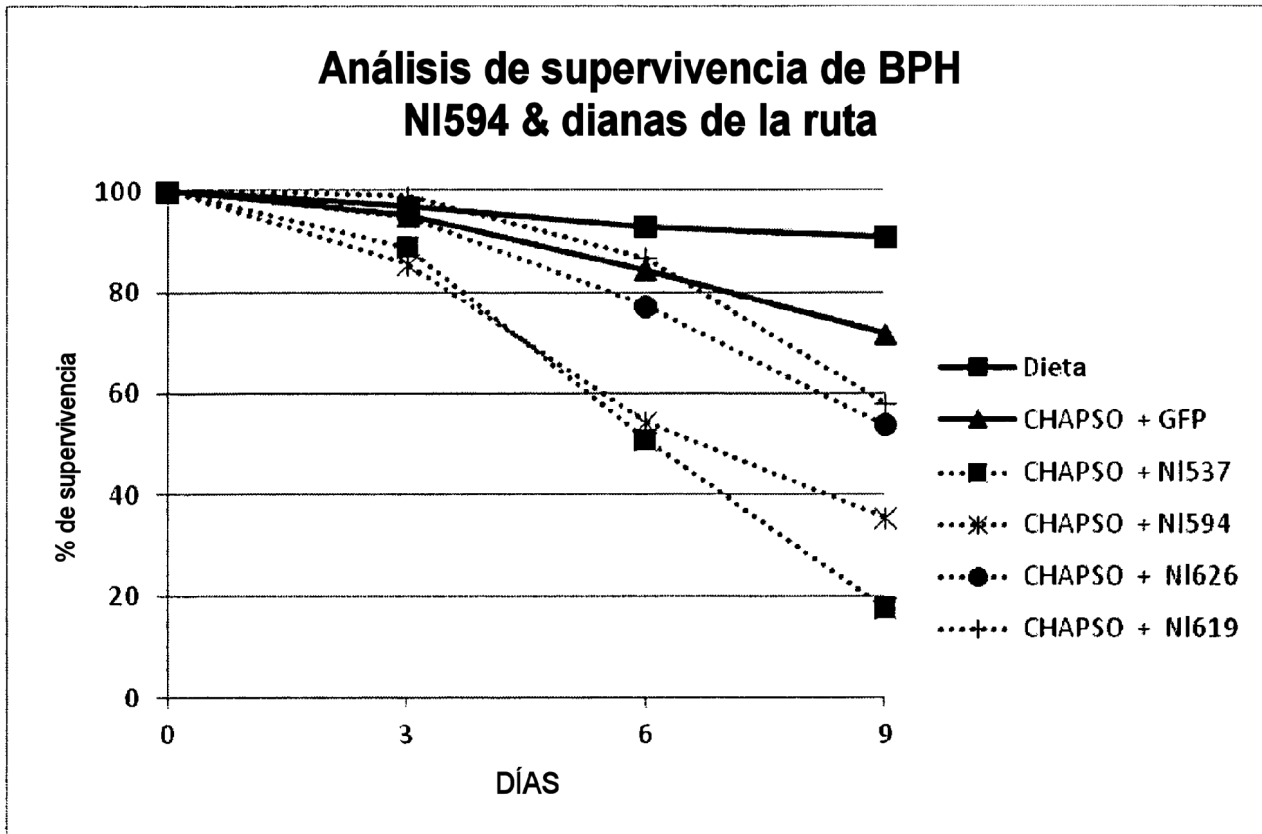


Figura 19

Análisis de supervivencia del pulgón del guisante

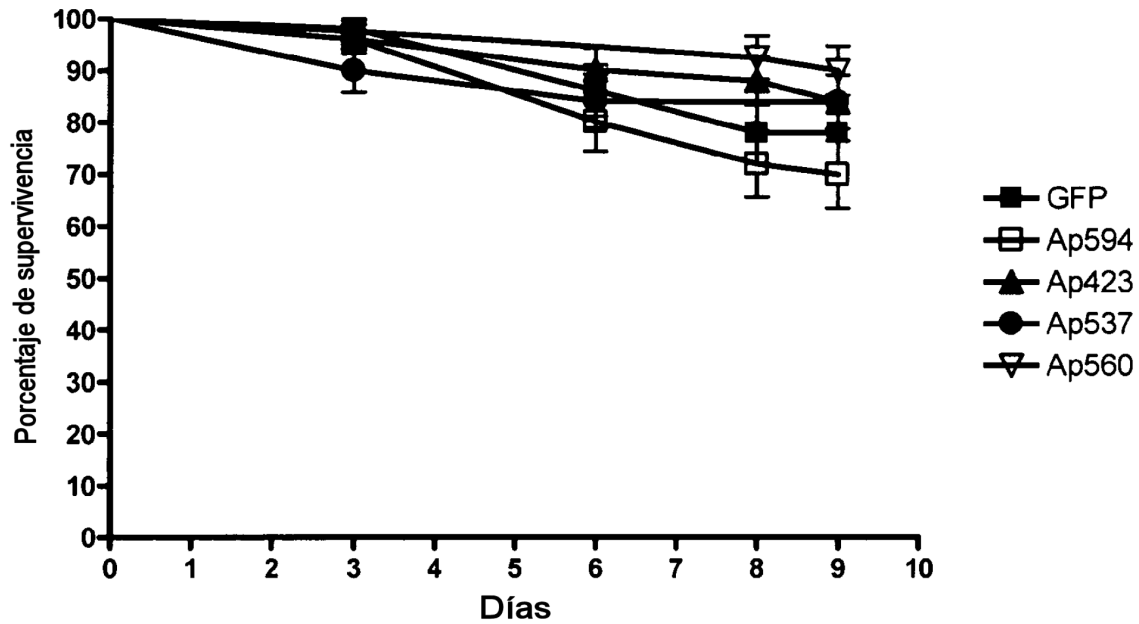


Figura 20

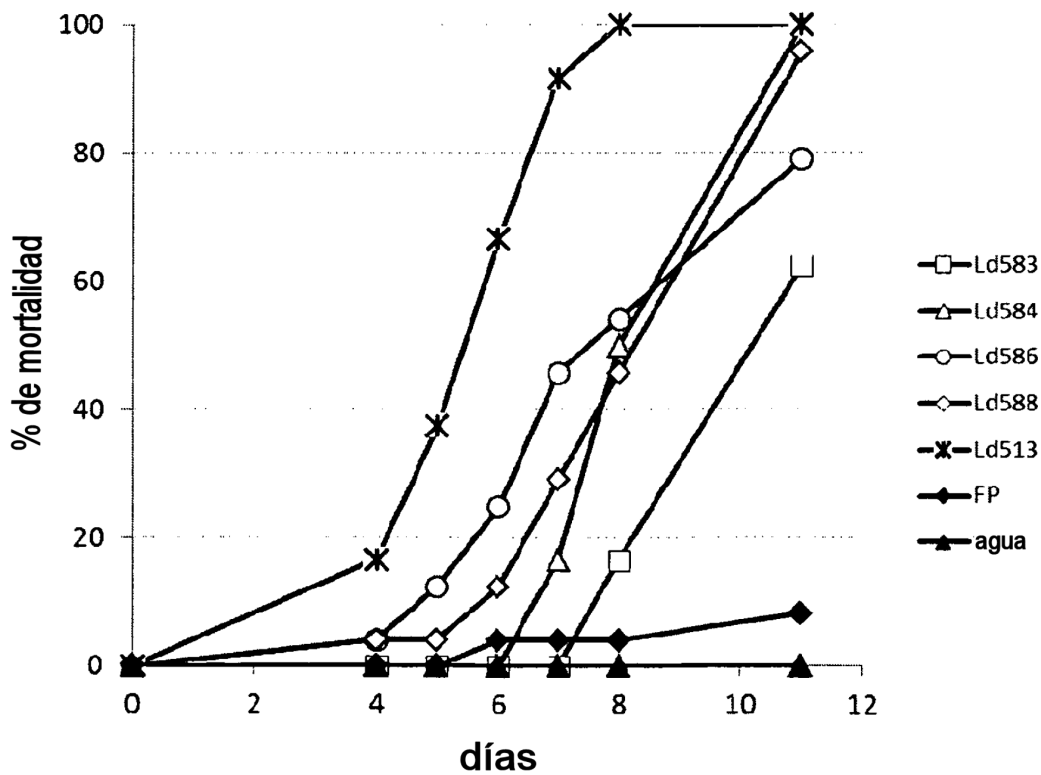


Figura 21